

ÁLLATTENYÉSZTÉS és TAKARMÁNYOZÁS

2025. 74. 1

Alapítás éve: 1952

ÁLLATTENYÉSZTÉS – TARTÁS – TAKARMÁNYOZÁS



› Házi tücsök növekedése
és élettartama

› Angus tehének első ellési életkora

› A hőstressz hatása tejtermelő
tehének vérparamétereire

› A hústenek borjúelőállító-
képessége

› Nukleotid-polimorfizmusok hatása
a becslt tenyésztékekre

TARTALOM - CONTENTS

Szabó Ferenc – Rózsa László – Holló Gabriella: Állattenyésztési kutatások, fejlesztések, e téren meghatározó személyek Keszthelyen 1

Nahaji Péter – Hetényi Nikolett: Különböző fehérjetartalmú takarmányok hatása a házi tücsök növekedési ütemére és élettartamára (Effects of different dietary protein levels on the growth and survival of house cricket) 5

Bognár László – Kőrösi Zsolt Jenő – Rózsa László – Bene Szabolcs – Szabó Ferenc – Anton István – Zsolnai Attila: Egy pontos nukleotid-polimorfizmusok hatása a magyarországi holstein-fríz tehenek tej, zsír- és fehérjetermelésének becsült tenyésztési értékére (Associations between single nucleotide polymorphisms and the estimated breeding value for milk, fat and protein yield of Holstein-Friesian cows in Hungary) 15

Keleméri Gábor: A hústehen borjúelőállító-képessége – Kandidátusi disszertáció összefoglaló ismertetése (Calf producing ability of the beef cow – Summarizing paper of a PhD thesis) ... 29

Márton Judit – Bene Szabolcs – Szabó Ferenc: Néhány tényező hatása a Magyarországon tenyésztett angus tehenek első elléskori életkorára (Some effects on the age at first calving in Angus cows bred in Hungary) 45

Baccouri, Wissem – Wanjala, George – Tóth Violetta – Komlósi István – Mikó Edit: Reviewing the effects of heat stress on some blood parameters in dairy cows: A comprehensive analysis (A hőstressz hatásainak áttekintése néhány vérparaméterre tejtermelő teheneknél: Átfogó elemzés) 62

A 2024-ben sikeresen megvédett PhD disszertációk összefoglalói - első rész (Summaries of PhD dissertations in the year of 2024 - part one):

Omeralfaroug Ali: A fumonizin B sorozat hatása a patkányokból, sertésekből és nyulakból származó specifikus szövetek biomembránjainak zsírsavösszetételére (Fumonisin B series' implications on biomembranes' fatty acid compositions of specific tissues from rats, swine and rabbits) 77

Mezőlaki Ákos: Az extrahált napraforgódara takarmányértékének és etethetőségének vizsgálata jércékkel és tojótyúkokkal (Evaluation the nutritive value and feedability of extracted sunflower meal in pullets and laying hens)..... 82

Tokodyné Szabadi Nikolett: Tyúkok fiatalkori hőkezelésének hatására létrejövő hőstressz indukálta mikroRNS-ek expressziójának vizsgálata (Investigation of the expression of heat stress induced microRNAs resulting from the effect of heat treatment of chicken at a young age) 85

Címlap kép (Frontpage photograph)

Testméret-felvétel egy magyar hidegvérű ménesben (Fotó: Bene Szabolcs)

Measuring body measurements in a Hungarian Cold Blooded Horse stud (Photo: Szabolcs Bene)

Állattenyésztési kutatások, fejlesztések, e téren meghatározó személyek Keszthelyen

Keszthelyen a Georgikon, felsőfokú mezőgazdasági tanintézet 1797. évi alapítása óta folytak és jelenleg is folynak mezőgazdasági, állattenyésztési kutatások. Az oktatás, a tangazdasági tevékenység és a kutatás abban az időben még nem különült el élesen. A kutatások a kor akkori színvonalán főleg empirikus jellegűek voltak. A Georgikonban az alapító gróf Festetics György által rendelkezésre bocsátott földterületen a kor átlagos színvonala felett álló tangazdaságot hoztak létre, amely valamennyi gazdasági állatfaj tartásával és tenyésztésével foglalkozott. A tangazdaság vezetői teendőit a Georgikon tanárai látták el, akik közül többen egyben a Festetics birtok jószágkormányzói, állatszámadói is voltak. Fontos feladatuknak tekintették, hogy megfigyeléseikkel, tapasztalataikkal segítsék az oktatás, a gazdálkodás, az állattenyésztés fejlesztését.

A Georgikon első tanára, a cseh származású *Karl Bulla* magával hozta az ottani tapasztalatait, hiszen Cseh- és Morvaországban már 1766-tól működött mezőgazdasági egyesület.

Az állattenyésztési és állategészségügyi kutatások abban az időben még együtt folytak. *Asbóth János* az akkori georgikoni tanár tapasztalatai alapján, 1809-ben a következő intézkedést hozta: „Ha pedig az Institutium marhái már száz és köröm fájásban volnának, vagy utóbb elkapnák; a beteg marhák tüstént külön választván, és az egészséges marháktól távol s ha lehet más udvarban lévő istállóban tartassanak, azokra külön tselédek ügyeljenek, minden többi marhával való közösülés nélkül, s e szerint ne is a közönséges vállukból, hanem különös edényből itassanak”. Az említett feljegyzés jól tükrözi az állattenyésztés, állat-egészségügy, a megfigyelések, kutatások akkori hazai színvonalát.

Pethe Ferenc georgikoni tanár Bécsben megindította „Vizsgálódó Magyar Gazda” címmel az első magyar nyelvű szakfolyóiratot. 1816-tól Pesten jelentetett meg folyóiratot, a „Nemzeti Gazdát”. Ebben számos, a Georgikonban tett állattenyésztési megállapítást is ismertetett.

Nagyváthy János a Georgikon szintén nagytekintélyű tanára ugyancsak sokat tett az állattenyésztés fejlesztésért. A „Magyar Practicus Tenyésztő” című munkája azonban már csak az 1919-ben bekövetkezett halála után jelenhetett meg.

A Georgikon állattenyésztő tanárai lerakták a hazai törzskönyvezés alapjait is. Például, az 1918-évi és a későbbi tangazdasági feljegyzések szerint a „svájceráj” (tehenészet) iratai között származási nyilvántartást, „hágatójegyzéket” valamint a tehenenként naponta kifejt tejmenyiségről pontos feljegyzéseket hagytak az utókor számára.

Festetics Imre finomgyapjas merinó juhokkal számos kísérletet végzett. Egyebek mellett 15 évnyi szigorú rokontenyésztési program után elérte, hogy kiváló tenyészállatokhoz jutott. Eredményeire számos országban felfigyeltek. Megállapításait többek között 1819-ben az *Oekonomische Neuigkeiten und Verhandlungen* című lapban tette közzé „A beltenyésztésről (Über Inzucht)” címmel melyben összefoglalta „A természet genetikai törvényeit (Die genetischen Gesetzen der Natur)”. Ebben a cikkében leírtak alapján *Festetics Imre* felismerte az öröklődés néhány fontos alapelvét. Például egyik megállapítása megfelel *Gregor Mendel* második

szabályának. (Megjegyzés: *Gregor Mendel* 1822-ben született). Megfogalmazta mutáció alapelvét (ezzel lényegileg *Hugo de Vries* előfutárának is tekinthető). Elsőként használta a „genetika” kifejezést a szakirodalomban (ezzel megelőzte a tudományágnak nevet adó *William Bateson*-t). Neve azonban csak az utóbbi időben vált ismertté. Bár *Festetics Imre* részben Kőszegen élt, de a *Festetics* család tagjaként ezer szállal kötött Keszthelyhez. Ma már *Festetics Imre* Állatpark működik Keszthelyen.

Ebben az időben magas színvonalú méhészeti kutatás is folyt a Georgikonban.

A legismertebb azonban minden bizonnyal a lótenyésztés volt. A *Festetics*cek 1739-ben európai hírességű ménest telepítettek Keszthely-Fenekpusztára, melynek fénykora az 1911-től immár herceg *Festetics II. Tasziló* idejére tehető, aki szép eredményeket ért el a lovassport történetében. (Megjegyzés a *Festetics* és a *Széchenyi* család egymással rokoni kapcsolatban állt, a lótenyésztőként ismert gróf *Széchenyi István* édesanyja gróf *Festetics Julianna* volt). A fenéki versenytálló három évben is a legsikeresebbnek bizonyult az Osztrák-Magyar Monarchia versenypályáin, és az 1930-as évekre Közép-Európa vezető lótenyésztő központjává vált. A híres pej mén, a *Fenek* 1883-ban született Fenekpusztán, *Festetics II. Tasziló* tenyésztésében. Kora kiemelkedő telivére volt: 1886-ban 50 hosszal nyerte a berlini derby-t. Később a kislelvi félvér egyik vonalalapítója lett. 15 évig fedezett, ivadéakai közül 42 törzskanca és 58 országos fedezőmén került ki. Számos emlék maradt a híres *Patience* (*Passziánsz*) kancáról is, akit *Kincsem* utódának tekintettek, ugyanis kilenc versenyéből kilencet megnyert. Leghíresebb díja, az 1905-ben nyert Király-díj ma is megtekinthető a keszthelyi *Festetics* kastélyban. Ezzel *Kincsem* mögött a második az örök ranglistán. Bár a színvonalas lótenyésztés és lósport a *Festetics* család nevéhez és tulajdonához kötődik, azonban a háttérben ott volt a Georgikon tudományos szellemisége, szakmaisága. A fenékpusztai majorságot 2020-tól felújították és lótenyésztés-történeti látogatóközpontot alakítottak ki.

A Georgikon egykori tanára *Kemenes Ernő*, 1948-tól Keszthelyen megszervezte és igazgatta a Délnyugat-Dunántúli Mezőgazdasági Kísérleti Intézetet. Majd az igazgatói teendőket *Belák Sándor* (későbbi akadémikus) vette át. 1960-ban a kísérleti intézetet összevonták az 1957-ben egyetemi rangot kapott Keszthelyi Agrártudományi Főiskolával, ahol a kutatások tovább folytatódtak. *Belák Sándor* professzor intenzíven foglalkozott többek között a Balaton-környéki lápterületek takarmánytermesztési célú, illetve legeltetési hasznosításával, amely kutatásával az állattenyésztés fejlődését segítette elő. Ebben munkatársai voltak *Zöldy Miklós*, *Nagy Lóránd*, *Vinceffy Imre*, *Kállai László*, *Gáspár Sándor* és *Papp Sándor*.

Az intézetben belül *Berke Péter* professzor vezetésével Állattenyésztési Osztály, majd a főiskolán tanszék is működött, amely foglalkozott a húshasznosítás juh- és szarvasmarhatenyésztésével, valamint a szarvasmarhatenyésztés és hizlalás kérdésével. *Berke* professzor több kiemelt kutatási programot irányított. Egyik jelentős tevékenysége volt a nagy tejtermelésű, egyenletesen tejelő, szilárd szervezetű, jó takarmány-értékesítő és húshasznosításra is megfelelő magyar tarka fajtaváltozat kitenyésztése. Ugyancsak fontos kutatási területe volt a tőgy és működésének értékelésére módszer kidolgozása. E munka eredménye az akkori követelmények szerint a korszerű tőgy bírálati szempont kidolgozása, a gépi fejésre alkalmas tőgyalakulás meghatározása volt. Ebben a programban közreműködött még *Molnár István*, *Kenéz János*, *Bedő Sándor* és *Bencze András*.

1946-1949 között *Horn Artúr* professzor Keszthelyen tevékenykedett. Kutatási területe volt az állatok termelékenységének és értékmérő tulajdonságainak szobatos kifejezése a törzskönyvezési rendszerünkben.

Kovács József, későbbi professzor 1953. évi Keszthelyre kerülésével intenzív sertés tenyésztési kutatások indultak el, aki folyamatosan kiépítette a kutatás, a nemesítés feltételeit. Kiemelt feladat a szapora, jó takarmányértékesítő, edzettebb, a hazai viszonyokba beillő bacon-típusú fehér hússertés kitenyésztése volt. Ettől kezdve a nagy fehér hússertés nemesítési központja Keszthelyre helyeződött. Az itt nevelt tenyészállatok eljutottak az ország valamennyi törzstenyészetébe és sorra nyertek nagydíjakat az országos mezőgazdasági kiállításokon és egyéb rendezvényeken. A 2001-ben, Budapesten rendezett Európai Állattenyésztők Szövetsége konferenciájának egyik szatellit programja a keszthelyi sertés kísérleti létesítmény és állomány látogatása volt. Az ideérkező tudós szakemberek nagy elismeréssel nyilatkoztak a keszthelyi sertés tenyésztési kutatásokról, a sertés nemesítésről. A színvonalas tevékenységben *Kovács József* professzor munkatársai voltak *Ridly János*, *Váradai Gábor*, *Rajnai Csaba*, *Juhász Edit* és *Benedek Zsuzsanna*.

Keszthelyen ebben az időben egyéb állattenyésztési kutatások is folytak. *Schnaider Frigyes* a tejminőség, a sajtgyártás és sajtminőség kérdéseit tanulmányozta, *Mitterstiller József* halászati kutatásokat, fejlesztéseket végzett, *Gerencsér Vilmos*, majd *Kovács Gellért* a baromfi hús és tojásmínőségi kérdéseivel foglalkozott, *Bencze András*, *Arany Piroska* és *Szabó Ferenc* pedig számos marhahizlalási kísérletet végeztek.

Az 1970-es évek közepétől a szarvasmarha-tenyésztési szakosítási program eredményeként hazánkban új állattenyésztési ágazatként kialakult a húsmarha tenyésztés. E témával *Szabó Ferenc*, későbbi professzor kezdett foglalkozni. Kialakította tíz fajtát tartó és tenyésztő keszthelyi húsmarha tenyésztési kutatóbázist, valamint munkatársaival egy modell tejtermelő tehenészetet is létrehozott. A húsmarhatenyésztési kutatásokban munkatársai voltak *Arany Piroska*, *Polgár J. Péter*, *Henézi József*, *Nagy Lajos*, *Wagenhoffer Zsombor*, *Lengyel Zoltán* és *Bene Szabolcs*. A több évtizedes munka hozadéaként a húsmarha fajták fontosabb tulajdonságainak számos populációgenetika összefüggéseit, a keresztezések eredményeit, a heterózis hatásokat, a genetikai trendeket stb. sikerült meghatározni. A Keszthelyen született különböző fajtájú húsmarhák hizlalási kísérleteit, húsminőségi vizsgálatait Kaposvárról *Holló István* professzor és *Holló Gabriella* végezték. A húsmarhatenyésztési kutatások eredményeként egy akadémiai doktori, két kandidátusi és tíz PhD fokozat, továbbá számos nemzetközi és hazai publikáció, valamint gyakorlati fejlesztési eredmény született.

A 2000-es évek elejétől Keszthelyen intenzív halbiológiai kutatások indultak el *Bercsényi Miklós* professzor vezetésével, amelyeket jelenleg *Orbán László* professzor irányít. Munkatársai: *Beliczky Gábor Péter*, *Szeverényi Ildikó Zsuzsanna*, *Bognárné Gyöngyösi Anett*, *Hirth Mirella*, *Horváth Kornél*, *Merth János* és *Marton Csaba*.

Bene Szabolcs az utóbbi időben lótenyésztési projektet irányított és több kutatást végzett a különböző lófajták értékmérő tulajdonságainak, populációgenetikai elemzése terén. *Nagy Szabolcs* professzor pedig nemzetközi együttműködés keretében szaporodásbiológiai kutatásokat folytat, amelynek eredményéből MTA Doktora cím született, és számos színvonalas publikáció készült. *Polgár J. Péter*

és *Bene Szabolcs* a magyar tarka szarvasmarha fajta hús- és tejtermelésével, a termék minőségi kérdésével, *Rózsa László* főigazgató és *Anton István* professor emeritus lótenyésztési, genetikai témakörrel foglalkoznak.

Szabó Ferenc - Rózsa László - Holló Gabriella

Felhasznált irodalom

- Csanády G.* (szerk.): Emlékkönyv a Georgikon alapításának 100., évfordulójára és a Gazdasági Tanintézet új épületének felavatása alkalmára. Keszthely, 1897.
- Csiki L.*: Intézményünk története a Georgikontól napjainkig. Keszthely, 1976.
- Csiki L. - Pétervári A.*: A keszthelyi agrárfelsőoktatás története. Keszthely, 1993.
- Délnyugatdunántúli Mezőgazdasági Kísérleti Intézet Keszthely Állattenyésztési Osztály 1954. évi jelentése
- Délnyugatdunántúli Mezőgazdasági Kísérleti Intézet Keszthely Állattenyésztési Osztály 1957. évi jelentése
- Fehér Gy. - Kurucz Gy. - Zsidi V.*: Georgikon 200. Emlékkönyv a Georgikon alapításának 200. évfordulójára. Keszthely, 1996.
- Kovács J.*: Berke Péter professzor élete és munkássága. Georgikon kiskönyvtár, Keszthely, 2005. 18.
- Kovács József* emlékkönyv. Georgikon Alapítvány, Keszthely, 2022.
- Nagvyáthy J.*: Magyar practicus tenysztő, Pest, 1822.
- Ócsag I.*: A kispéri félvér. Mezőgazdasági kiadó, Budapest, 1989.
- Süle S.*: Kisszántói Pethe Ferenc, Budapest 1961.
- Süle S.*: A keszthelyi Georgikon 1797-1848, Budapest, 1967.
- Szabó T. A. - Bozsik L.*: A magyar genetika születése. Festetics Imre (1764-1848) elgondolásai a beltenyésztésről és a „természet genetikai törvényeiről”-1819-ben (Brün-Brno). Természet világa, 1990.2. sz. pp.50-66.
- Vörös K.*: Fejezetek Nagvyáthy János életéből. Agrártörténeti szemle, 1961. 1. sz. pp. 10-31, 3-4. szám. pp.371-412.
- <https://festeticsorokseg.hu/Az%20aranys%C3%A1rga-k%C3%A9k%20sz%C3%ADnek%20b%C5%B1v%C3%B6let%C3%A9ben%20E2%80%93%20Patience,%20a%20csodakancsa>
- <https://akvakultura.uni-mate.hu/tansz%C3%A9ki-koll%C3%A9g%C3%A1k-bemutat%C3%A1sa5>
- https://hu.wikipedia.org/wiki/Festetics_Imre

Különböző fehérjetartalmú takarmányok hatása a házi tücsök növekedési ütemére és élettartamára

Effects of different dietary protein levels on the growth and survival of house cricket

NAHAJI Péter – HETÉNYI Nikolett

ÖSSZEFOGLALÁS

Kísérletünkben különböző fehérjetartalmú takarmányok hatását vizsgálja a házi tücsök (*Acheta domestica*) növekedési ütemére és túlélési arányára. A rovarok 15-20-25% nyersfehérje tartalmú takarmányt kaptak (n=120/csoport, 4 ismétlés). Az I. Kísérletet 2-3 mm-es, a II. Kísérletet pedig 6-8 mm-es rovarokkal kezdtük. Egyik kísérlet során sem volt szignifikáns különbség a csoportok átlagos egyedi zárósúlyában és a túlélési arányokban. Az I. Kísérletben a legnagyobb egyedi átlagsúlyt ($0,1673 \pm 0,0492$ g) a 20% fehérjét tartalmazó csoportban mértük (szemben a $0,0904 \pm 0,0458$ g [15% fehérje] és a $0,0874 \pm 0,0412$ g [25% fehérje]). A II. Kísérletben az átlagos egyedi testsúlyok a takarmány fehérjetartalmával együtt nőttek ($0,1337 \pm 0,0359$ g; $0,1742 \pm 0,0327$ g és $0,1990 \pm 0,0325$ g). A 15%-os fehérjetartalmú táp alkalmazása a kicsi elérhető testsúly miatt nem javasolt egyik életkor esetében sem. A II. Kísérlet alapján az ivarézés és a testsúly együttes figyelembevételével a 25%-os fehérjetartalmú takarmány etetése a legmegfelelőbb. Mindkét kísérletben nagy arányú volt az elhullás, aminek oka további vizsgálatokat igényel.

Kulcsszavak: rovar, *Acheta domestica*, túlélés, új fehérjeforrás, takarmányozás

SUMMARY

Objective: Increasing attention is being paid to alternative protein sources such as insect protein. As the global population rises the consumption of animal products is expected to grow about 60-70% by the year 2050. Insects have a lower impact on the environment than traditional livestock. Insect farming produces fewer greenhouse gasses and requires less land, water, and feed. In the European Union, insect-based foods belong to the “novel food” category, and their use for feeding purposes also has an ever-expanding legal framework. In the EU, house cricket (*Acheta domestica*) is both authorised as food and feed. For economical production optimal nutrition according to age and species should be applied. The study aimed to investigate the effects of different dietary protein levels on the growth and survival of house crickets.

Results: Three experimental groups were made (n=120/group) with four replicates (n=30/replicate) which received diets containing 15-20-25% crude protein (ingredients were corn starch, defatted soybean meal, sunflower oil). Two experiments were conducted (Experiment I and II) in which only the age of the crickets differed, the diets were the same. Experiment I was 9 weeks long and started with 2-3 mm crickets and Experiment II was 6 weeks long and started with 6-8 mm crickets. The weight and survival of crickets were measured weekly. In both experiments, the final mean individual body weight and survival rate did not differ significantly. In Experiment I the highest mean individual body weight ($0,1673 \pm 0,0492$ g) was measured in the 20% protein group ($0,0904 \pm 0,0458$ g [15% protein] and $0,0874 \pm 0,0412$ g [25% protein]) and the survival rates were 12.5%-20.0%-20.0% (15-20-25% protein). In Experiment II the mean individual body weight of crickets increased with the higher dietary protein level ($0,1337 \pm 0,0359$ g, $0,1742 \pm 0,0327$ g, and $0,1990 \pm 0,0325$ g), but the survival rate was the highest (20.8%) in the 15% protein group (12.5%-20% protein; 14.2%-25% protein). Sexual maturity of one male and one female was reached in the 5th week (25% protein), and then two other females reached maturity in the 6th week (15% and 25% protein).

Conclusions: The low protein (15%) diet resulted in low body weight in both experiments thus it is not recommended to be used. Based on the results of Experiment II – age of maturity, and body weight – the 25% dietary protein level was the most adequate. Mortality was very high during both experiments, one reason for that could be cannibalism, but this result requires further investigation.

Keywords: insect, *Acheta domestica*, survival, novel protein, nutrition

1. Bevezetés

Rovarok takarmányként, valamint élelmiszerként való felhasználása fokozott figyelmet kapott az elmúlt években. Az Európai Unió egyre több rovarfaj felhasználását engedélyezi, valamint egyes országokban a köztudatban is egyre elfogadottabb a rovarok és rovartartalmú élelmiszerek fogyasztása (Jongema, 2017; Magara és mtsai., 2021; Alhujaili és mtsai, 2023). Az EU-ban a házi tücsök (*Acheta domesticus*) felhasználása engedélyezett, mint élelmiszer és takarmány is (2017/893/EU). A rovarok, mint a hagyományos állati eredetű fehérjeforrások fenntarthatóbb alternatívái hozzájárulhatnak a globálisan növekvő fehérjeigény kielégítéséhez (Oonincx és mtsai, 2010; Halloran és mtsai, 2016; van Huis és Tomberlin, 2017; Conway és mtsai, 2024; Hancz és mtsai, 2024). A házi tücsök az ízeltlábúak (*Arthropoda*) törzsén belül, a rovarok (*Insecta*) osztályába, az egyenesszárnyúak (*Orthoptera*) rendjébe, valamint a valódi tücskök (*Gryllidae*) családjába tartozik. A petéből való kikeléstől számítva a teljes kifejlettséget 7-10 vedlést követően, 32-49 nap alatt érik el (van Huis és Tomberlin, 2017). A különböző takarmányban található fehérjehordozók mennyiségének csökkentésével, illetve optimalizálásával mérsékelhetők a tenyésztett rovarok előállítási költségei. Mindez pedig hozzájárulhat a végtermék árának, ezáltal pedig a gyakorlati felhasználásának növekedéséhez. A kísérletek célkitűzése az volt, hogy különböző fehérjetartalmú takarmányok hatását vizsgálja a házi tücsök növekedési ütemére és túlélési arányára.

2. Anyag és módszer

Az állatkereskedésben vásárolt házi tücsköket az Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Intézet, Takarmányozástani és Klinikai Dietetikai Tanszékének állatházában helyeztük el. Három kísérleti csoportot alakítottunk (A, B és C; $n=120$ /csoport) ki 4 ismétléssel ($n=30$ /ismétlés; 1. táblázat), amelyek 15-20-25% nyersfehérje (nyf) tartalmú takarmányt fogyasztottak. A minták nyersfehérje tartalmát standard módszerrel határoztuk meg (AOAC, 1990).

A tücsköket ismétlésenként 39x28x28 cm-es/22 l-es műanyag dobozokban helyeztük el, amelyekben tojástartókat használtunk felületnövelésre (1. ábra). A takarmányt, az ivóvizet, valamint a vitaminokat és ásványianyagokat tartalmazó bogárzselét (DragonOne Beetle Juice Plus) külön-külön 66x20 mm-es edényekben biztosítottuk. A takarmány és az ivóvíz *ad libitum* a tücsök rendelkezésére állt, a bogárzselét pedig naponta adagoltuk (3,5 g/nap). A napi megvilágítás időtartama

1. táblázat: A kísérleti csoportok és a takarmányok összetétele

Összetevő (g/100 g) (1)	1. csoport (2)	2. csoport (3)	3. csoport (4)
Kukoricakeményítő (5)	65,3	54,8	44,2
Zsírtalanított szójaliszt (6)	31,7	42,2	52,8
Napraforgó olaj (7)	3,0	3,0	3,0
Nyersfehérje-tartalom (8)	15	20	25

Table 1: Experimental groups and composition of the experimental diets
component (1); group 1 (2); group 2 (3); group 3 (4); corn starch (5); defatted soybean meal (6); sunflower oil (7); crude protein content (8)

1. ábra: A tücskök elhelyezése



Figure 1. Housing of the crickets

12 óra volt. A beállított hőmérséklet, illetve páratartalom pedig $27 \pm 0,4^\circ\text{C}$ és 50-60%, amit digitális mérővel ellenőriztünk (TFA Dostmann 30.5027.01). A tücskök egyedszámát és súlyát hetente mértük analitikai mérleggel (Tecator 6110). A tücskök testösszetételének vizsgálatát a kicsi egyedszám miatt nem lehetett elvégezni.

A vizsgálat során két kísérletet végeztünk el (I. és II. Kísérlet), amelyek esetében csak a tücskök életkora tért el, az etetett takarmányok megegyeztek. Az I. Kísérlethez 2-3 mm-es (nagyjából 1 hetes) tücsköket használtunk és 9 hétig tartott, míg a 6 hétig tartó II. kísérletbe 6-8 mm-es (nagyjából 2 hetes) állatokat soroltunk véletlenszerűen a csoportokba.

Az eredmények kiértékelését R 4.0.3. programmal (*R Core Team*, 2020) végeztük. Az adatok normalitását Quantile-Quantile ábrával a varianciákat pedig Levene próbával vizsgáltuk. A normális eloszlású adatok elemzése egyszempontos varianciaanalízissel (One-Way ANOVA), a nem normális eloszlásúaké pedig *Kruskal-Wallis*-féle H-próbával történt.

3. Eredmények

A testsúlyok esetében eredményként a négy ismételtes egyedi átlagsúlyát adtuk meg. Az I. kísérlet eredményeit a 2. táblázat és a 2. ábra szemlélteti. Az induló testsúlyok normális eloszlásúak és azonos szórásúak ($p = 0,9983$) voltak, a csoportok adatai között nem volt szignifikáns különbség. A 9. heti záró testsúlyok azonos szórás mellett nem normális eloszlást mutattak. A csoportok között nem mértünk szignifikáns különbséget ($p = 0,0581$). A legnagyobb egyedi átlagsúlyt ($0,1673 \pm 0,0492$ g) a 20% fehérjét tartalmazó csoport érte el. Ezen csoport minden ismételtesénél nagyobb volt a testsúly, mint a többi takarmány esetében, ami különösen a 2/C alcsoportnál volt szembetűnő ($0,2402$ g). A jelenség nem magyarázható kannibalizmussal, mivel itt volt a legtöbb túlélő egyed ($n = 13/30$). A nem normális eloszlású és azonos szórású túlélési adatokban nem volt különbség ($p = 0,3769$), de mindegyik csoportban nagy arányú volt az elhullás (2. ábra).

2. táblázat: Az I. kísérlet eredményei

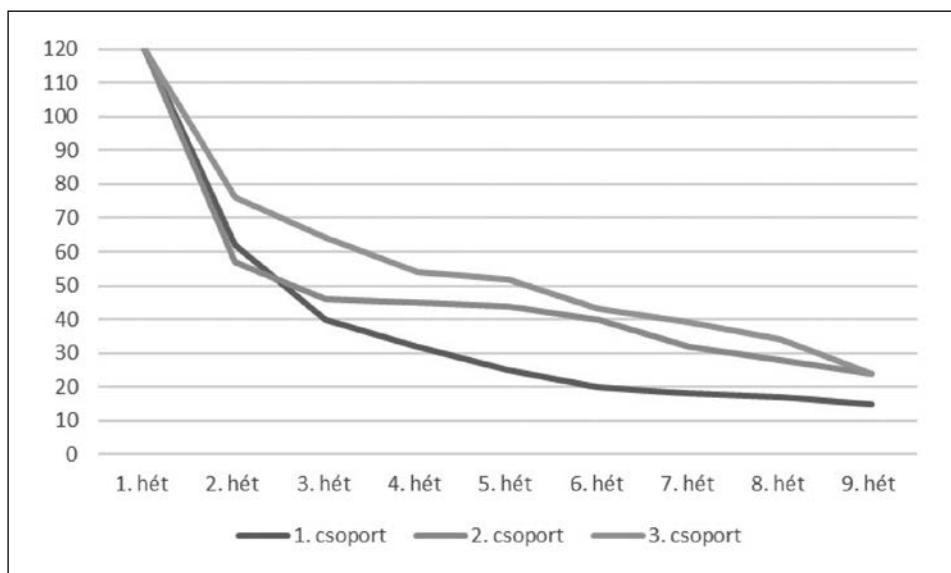
Csoport (1)	Tücsökök száma (2)	Átlagos egyedi testsúly (g) (3)				Túlélés (4)
		hét (5)	9. hét (6)	1. hét	9. hét	p-érték (7)
1. csoport	120	15	0,0015±0,0003	0,0904±0,0458	p=0,05807	12,5%
2. csoport	120	24	0,0015±0,0003	0,1673±0,0492		20,0%
3. csoport	120	24	0,0015±0,0003	0,0874±0,0412		20,0%

1. csoport: 15% nyersfehérje (8); 2. csoport: 20% nyersfehérje (9); 3. csoport: 25% nyersfehérje (10)

Table 2: The results of Experiment I

group (1); number of crickets (2); mean individual weight (3); survival (4); week 1 (5); week 9 (6); p-value (7); group 1: 15% crude protein (8); group 2: 20% crude protein (9); group 3: 25% crude protein (10)

2. ábra: A csoportonkénti egyedszám alakulása az I. Kísérletben



1. csoport: 15% nyersfehérje (1); 2. csoport: 20% nyersfehérje (2); 3. csoport: 25% nyersfehérje (3)

Figure 2. Number of crickets/group in Experiment I

group 1: 15% crude protein (1); group 2: 20% crude protein (2); group 3: 25% crude protein (3)

A II. kísérlet eredményeit a 3. táblázat és a 3. ábra ismerteti. Az induló testsúlyok normális eloszlásúak és azonos szórásúak voltak, a csoportok adatai között nem volt szignifikáns különbség. A 6. heti záró testsúly adatok azonos szórás mellett nem normális eloszlást mutattak. A csoportok között nem mértünk szignifikáns különbséget ($p = 0,0921$). A túlélési adatok azonos szórás mellett szintén nem normális eloszlásúak voltak és itt sem találtunk szignifikáns különbséget ($p = 0,2503$). Hasonlóan az I. Kísérlethez, nagy arányú volt az elhullás. Az ivarérettséget elsőként az 5. héten egy hím (3/A) és egy nőstény (3/B) egyed érte el (25% fehérje). Ezt követően a 6. héten további ivarérett nőstény egyedeket találtunk az

3. táblázat: A II. kísérlet eredményei

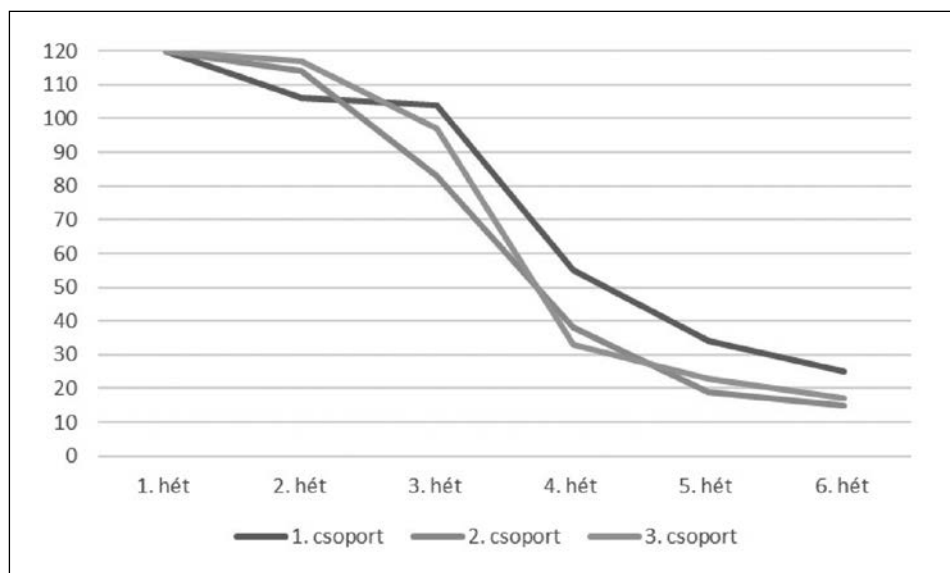
Csoport (1)	Tücskők száma (2)	Átlagos egyedi testsúly (g) (3)				Túlélés (4)
	4. hét (5)	6. hét (6)	1. hét	6. hét	p-érték (7)	
1. csoport	120	25	0,0269±0,0014	0,1337±0,0359	p=0,0921	20,8%
2. csoport	120	15	0,0268±0,0017	0,1742±0,0327		12,5%
3. csoport	120	17	0,0269±0,0017	0,1990±0,0325		14,2%

1. csoport: 15% nyersfehérje (8); 2. csoport: 20% nyersfehérje (9); 3. csoport: 25% nyersfehérje (10)

Table 3. The results of Experiment II

groups (1); number of crickets (2); mean individual weight (3); survival (4); week 1 (5); week 6 (6); p-value (7); group 1: 15% crude protein (8); group 2: 20% crude protein (9); group 3: 25% crude protein (10)

3. ábra: A csoportonkénti egyedszám alakulása a II. kísérletben



1. csoport: 15% nyersfehérje (1); 2. csoport: 20% nyersfehérje (2); 3. csoport: 25% nyersfehérje (3)

Figure 3: Number of crickets/group in Experiment II

group 1: 15% crude protein (1); group 2: 20% crude protein (2); group 3: 25% crude protein (3)

1/A és B, valamint a 3/A, B és C csoportokban, de az előbbieik kicsi mérete miatt kérdéses lehet a szaporodási képességük. A 2. csoport (20% fehérje) esetében egy tücsök sem érte el az ivarérettséget a kísérlet végéig. Az ivarérettség elérése feltételezésünk szerint nem befolyásolta a testsúly alakulását.

4. Megbeszélés

Bawa és mtsai (2020) két kereskedelmi táppal (16 és 22% nyf), valamint ezek keverékével (19% nyf) takarmányoztak házi tücsköket. Az átlagos testsúly, ha nem is teljesen arányosan, de követte a takarmány nyf tartalmának növekedését (16% mellett $0,419 \pm 0,011$ g, 19% mellett $0,422 \pm 0,014$ g és 22% mellett $0,523 \pm 0,005$ g). Ezek az értékek nagyobbak és jobban tükrözik a szubsztrát nyf tartalmát, mint az általunk mért eredmények az I. kísérlet során ($0,0904 \pm 0,0458$ g 15% nyf mellett, $0,1673 \pm 0,0492$ g 20% nyf mellett és $0,0874 \pm 0,0412$ g 25% nyf mellett). Ezzel szemben a II. kísérlet végén kapott egyedi átlagos testsúlyok már követik a takarmány nyf tartalmának növekedését ($0,1337 \pm 0,0359$ g 15% nyf, $0,1742 \pm 0,0327$ g 20% nyf és $0,1990 \pm 0,0325$ g 25% nyf etetésekor), ami lehet, hogy a tücsök nagyobb kiindulási méretével magyarázható. Ugyanakkor fontos megjegyezni, hogy az adott közleményben a tücsök fejlődését csak grafikusán ábrázolták, ami alapján nem pontosan ismert az 1-2 hetes kori testsúly, így a növekedési ütemek nem összehasonlíthatóak.

Orinda és mtsai (2017) jóval hosszabb időperiódus alatt (16 hét) nagyobb átlagos testsúlyt értek el változatos takarmányokon tartott csoportokban (tojótápon $0,6085 \pm 0,022$ g, rizskorpa és a sörélesztő keverékén $0,3415 \pm 0,12$ g, rizskorpa és a vérliszt keverékén $0,368 \pm 0,11$ g és rizskorpa és a sörtörköly keverékén $0,4598 \pm 0,15$ g). Mindegyik érték nagyobb, mint saját méréseink az I. kísérletben ($0,1673 \pm 0,0492$ g a 2. csoportban) vagy a II. kísérletben ($0,1990 \pm 0,0325$ g a 3. csoportban). A nyf tartalom ebben az esetben nem szolgál magyarázattal, mivel *Orinda és mtsai* (2017) vizsgálatában a tojótáp nyf tartalma volt a legkisebb (15%).

A túl nagy nyf tartalom gátolhatja a növekedést, mivel annak lebontása energiaigényes folyamat. Más tanulmányok 30% feletti nyf tartalmú szubsztrátoknál tapasztaltak hasonló jelenséget (*Orinda és mtsai*, 2017; *Oloo és mtsai*, 2020), így nem tartjuk valószínűnek, hogy ez állhat eredményeink hátterében. *Harsányi és mtsai* (2020) a 66. napon zöldségmaradék +10% csirketáp (2,79% nyf) keveréken 0,4 g körüli testsúlyt mértek, nagyobb, mint amit a 90% marhatrágya (55% bélsár és vizelet +45% szalma; 3,96% nyf) +10% csirketáp, illetve 90% lótrágya (35% bélsár és vizelet +65% szalma keveréke; 5,03% nyf) +10% csirketáp eredményezett (0,3 g körül). A házi tücsök gyorsan fejlődik csirketápon, amit ezért sok kísérletben a kontrollcsoport takarmányozására használnak. *Harsányi és mtsai* (2020) és *Sorjonen és mtsai* (2019) 0,4-0,5 g-os súlyt ért el csirketápon nevelt tücsök esetében (21,3% és 17,9% nyf), míg ugyanezen szubsztrát felhasználásával (19% nyf) *Dobermann és mtsai* (2019) még ezt is meghaladó ($0,64 \pm 0,084$ g) testsúlyt mértek. Az utóbbi vizsgálatban a kizárólag kölestörkölyön és zöldségmaradékon nevelt egyedeknél viszont 0,2 g alatt maradtak a tücsök. A méréseink során kapott testsúlygyarapodás (akárcsak a túlélés) jellemzően elmaradt a korábbi tanulmányokban található adatoktól. Ennek oka ismeretlen, de feltehetően összefügg, mivel egy külső stresszfaktor elleni küzdelem energiát von el a szervezettől, ezzel csökkentve a testsúlygyarapodást vagy akár az egyed elhullását okozza.

A nimfák kis energiatartalékával és gyenge adaptációs képességével is magyarázható, hogy az 1. kísérlet során az első héten történt a legtöbb elhullás (2. ábra). Ezt a jelenséget már korábbi tanulmányokban is leírták. A frissen kikelt tücsök nagyon érzékenyek a környezetüket érő változásokra és a 20% körüli mortalitás

sem ritka. *Vaga és mtsai* (2020) 17-41% közötti veszteségről számoltak be házi tücskök tekintetében, az első öt nap alatt. A II. kísérletben a nagymértékű korai veszteséget sikerült elkerülni az idősebb tücskök alkalmazásával, de itt is látható volt egy elhullási hullám az 1. és 3. csoportoknál a harmadik és negyedik hét fordulóján (3. ábra). Ennek egyik lehetséges magyarázata lehet - a takarmányozási és környezeti faktorokon túl - a densovírus fertőzöttség, mivel irodalmi adatok alapján a 8-15 mm közötti egyedeket a leginkább veszélyeztetettnek, ami nagyjából az általunk vizsgált időintervallumra tehető. A vírus csökkent testsúlygyarapodással, paralízissel és magas mortalitással jár, de az esetleges vírushatást nem vizsgáltuk. Ez a vírus széles körben elterjedt az európai és észak-amerikai rovartenyészetekben (*Liu és mtsai*, 2011; *Szelei és mtsai*, 2011; *Pharm és mtsai*, 2013).

A takarmány minősége, illetve összetétele meghatározónak tűnik a túlélés szempontjából. A kizárólag ételmaradékon tartott tücskök, a 17%-os átlagos nyf tartalom ellenére is, mindössze 6%-os túlélést értek el, ami még az általunk tapasztaltnál is kisebb (*Kuo és Fisher*, 2022). *Oonincx és mtsai* (2015) 6-55% közötti túlélést tapasztaltak, ami a nagy nyf (22,9%) és kicsi nyerszsírtartalmú (1%) szubsztrát esetében volt a legkisebb és a közepes nyf (17,2%) és 4% nyerszsírtartalmú takarmány etetésekor a legnagyobb. Ezzel szemben *Sorjonen és mtsai* (2019) kísérletében a tücskök 94% és 91%-a életben maradt a 22% és 30% nyf tartalmú szubsztráton.

A II. kísérlet során az 1. csoport túlélési aránya volt a legmagasabb (6,6%-kal előzi meg a 3. csoportot). Egy hasonló korú tücskökkel induló kísérlet kisebb, 80-90%-os mortalitásról számolt be különböző növényi alapanyagokat (9,1% és 23,7% nyf) tartalmazó szubsztrát etetésekor, míg csirkeetap esetében ez 45% körül volt (*Dobermann és mtsai*, 2019). *Bawa és mtsai* (2020) két kereskedelmi táppal (16 és 22% nyf), valamint ezek keverékével (19% nyf) végzett kísérletében mindhárom csoportban 90% feletti túlélést mutatott ki. *Quek és mtsai* (2020) 100%-os túlélést tapasztaltak a tarlórépa + kutyatáp etetésekor.

Harsányi és mtsai (2020) 21%-os nyf tartalmú csirkeetappal etetett tücskök esetében csupán 5,30%±1,53%-os mortalitásról számoltak. Ezen paraméter a zöldségmaradékon tartott tücsköknél 23%, a kerti hulladékkal etetett egyedeknél 32% volt, amit a ló- (36%) és marhatrágyát (46%) tartalmazó szubsztráton nevelt csoportok követtek. A lótrágyát tartalmazó keverékben közel kétszer annyi nyf (50,33 g/kg) és több mint kétszer annyi nyerszsír volt (5,58 g/kg), mint a zöldségmaradékot tartalmazóban (27,9 g/kg nyf és 2,3 g/kg nyerszsír), miközben a kettő szénhidráttartalma közel megegyező volt (16,9 g/kg és 19,2 g/kg). A tücskök testösszetétele alapján a zöldségmaradék kedvezőbb hatású, mert nagyobb nyf tartalmat eredményezett, mint a ló- és marhatrágya alkalmazása (61,2 és 65,3 g/kg szemben az 57,8 és 56,4 g/kg).

A kísérletünkben tapasztalt jelentős elhullás nem magyarázható csupán a takarmányok nyf tartalmával. Sok tanulmány mezőgazdasági melléktermékekkel is hasonló vagy jobb eredményt ért el, így feltételezhető, hogy - mint az a testsúlygyarapodásnál is felmerült - valamilyen külső stressz faktor, illetve egyéb takarmányozási tényező még szerepet játszott a nagy arányú elhullásban. Lehetséges, hogy a szubsztrátból hiányzott valamilyen esszenciális tápanyag, ezzel limitálta a tücskök növekedési képességét. Felmerülhet, hogy a bogárzselé nem tartalmazott elegendő vitamint és/vagy ásványi anyagot, de más kísérletek esetében sem jellemző, hogy valamilyen premixet is tartalmaz a takarmánykeverék.

A kísérletben használt táp 3% napraforgó olajat tartalmazott, ami a tücskök számára is esszenciális linolénsaban szegény (Chowdhury és mtsai, 2007; Morales-Ramos és mtsai, 2014; Kraus és mtsai, 2019). Ennek, mint lehetséges okozati feltevésnek ellentmond, hogy a tücskök linolénsavból szintén keveset tartalmazó zöldségmaradékokon is megfelelően fejlődhetnek. Egy másik magyarázat talán a környezeti hőmérsékletben rejlik. Kísérleteink során $27 \pm 0,4^\circ\text{C}$ -ot és 50-60%-os páratartalmat biztosítottunk. *Lachenicht és mtsai* (2010) 29°C -ban határozzák meg a házi tücsöknek ideális hőmérsékletet. Ehhez képest nagyobb, 33°C -os hőmérséklet esetében 60-70%, míg 25°C -on tartott egyedeknél 20-30%-os növekedést tapasztaltak a mortalitásban. Ez, mint lehetséges kiváltó ok nem valószínű, mivel az irodalmi adatok alapján a jelen kísérletben alkalmazott tartási körülmények megfelelőek és mások által is alkalmazottak voltak.

Ivarérett egyedeket csupán a második kísérlet utolsó, 5–6. hetében találtunk. Egy hasonló korú tücskökkel és nyf tartalmú takarmányokkal végzett kutatás során 34-45 nap kellett a kifejtett állapot eléréséig (*Dobermann és mtsai*, 2018). Számtalan tanulmány bizonyítja, hogy összefüggés van a takarmány nyf tartalma és a tücskök növekedési erélye között (*Bawa és mtsai*, 2020; *Dobermann és mtsai*, 2018). Ezt a mi méréseink is megerősítik, hiszen a legalacsonyabb nyf tartalmú táppal etetett csoport a II. kísérletben a legkisebb átlagos egyéni testsúlyt érte el. Az I. kísérletben pedig mindössze 0,003 grammal előzte meg a 3. csoportot, miközben a mortalitása rátája 10%-kal nagyobb volt.

5. Következtetések, javaslatok

Az eredmények alapján levonható következtetés, hogy a 15% nyf tartamú, zsírtalanított szójaliszt alapú takarmány alkalmazása a kicsi elérhető testsúly miatt nem javasolt egyik életkor esetében sem. A II. kísérlet alapján az ivarérets és a testsúly alakulásának együttes figyelembevételével a 25%-os nyf tartalmú takarmány etetése a legmegfelelőbb. Mindkét kísérletben nagy arányú volt az elhullás, aminek oka további vizsgálatokat igényel. Egy kivétellel csak nőstények érték el az ivarérettséget, annak tisztázása, hogy ez a takarmány összetételével áll-e összefüggésben szintén további kutatások témája lehet.

6. Felhasznált Irodalom

- AOAC (1990): Official methods of analysis of the association of official analytical chemists, Fifteen. ed, Association of Official Analytical Chemists. Arlington, VA, USA.
- Alhujaili, A. – Nocella, G. – Macready, A. (2023): Insects as Food: Consumers' Acceptance and Marketing. *Foods*, 12. 886. <https://doi.org/10.3390/foods12040886>
- Bawa, M. – Songsermpong, S. – Kaewtapee, C. – Chanput, W. (2020): Effect of Diet on the Growth Performance, Feed Conversion, and Nutrient Content of the House Cricket. *J. Insect Sci.*, 20. 10. <https://doi.org/10.1093/jisesa/ieaa014>
- Conway, A. – Jaiswal, S. – Jaiswal, A. K. (2024): The Potential of Edible Insects as a Safe, Palatable, and Sustainable Food Source in the European Union. *Foods*, 13. 387. <https://doi.org/10.3390/foods13030387>
- Chowdhury, K. – Banu, L. A. – Khan, S. – Latif, A. (2007): Studies on the fatty acid composition of edible oil. *BJSIR*, 42. 311–316.

- Dobermann, D. – Michaelson, L. – Field, L. M. (2019): The effect of an initial high-quality feeding regime on the survival of *Gryllus bimaculatus* (black cricket) on bio-waste. JIFF, 5. 1-8. <https://doi.org/10.3920/JIFF2018.0024>
- A Bizottság (EU) 2017/893 rendelete (2017. május 24.) a 999/2001/EK európai parlamenti és tanácsi rendelet I. és IV. mellékletének, valamint a 142/2011/EU bizottsági rendelet X., XIV. és XV. mellékletének a feldolgozott állati fehérjére vonatkozó rendelkezések tekintetében történő módosításáról.
- Halloran, A. – Roos, N. – Eilenberg, J. – Cerutti A. – Bruun, S. (2016): Life cycle assessment of edible insects for food protein: a review. Agron. Sustain. Dev., 36. 57. <https://doi.org/10.1007/s13593-016-0392-8>
- Hancz, Cs. – Sultana, S. – Nagy, Z. – Biró, J. (2024): The Role of Insects in Sustainable Animal Feed Production for Environmentally Friendly Agriculture: A Review. Animals. 14. 1009. <https://doi.org/10.3390/ani14071009>
- Jongema, Y. (2017): List of edible insects of the world. Wageningen University & Research, Wageningen, the Netherlands.
- Harsányi, E. – Juhász, C. – Kovács, E. – Huzsvai, L. – Pintér, R. – Fekete, G. – Varga, Z. I. – Aleksza, L. – Gyuricza, C. (2020): Evaluation of organic wastes as substrates for rearing *Zophobas morio*, *Tenebrio molitor* and *Acheta domesticus* larvae as alternative feed supplements. Insects, 11. 604. <https://doi.org/10.3390/insects11090604>
- Kraus, S. – Monchanin, C. – Gomez-Moracho, T. – Lihoreau, M. (2019): Insect Diet. In: Vonk, J. – Shackelford, T. (szerk.): Encyclopedia of Animal Cognition and Behavior. Springer International Publishing, Cham, 1–9.
- Magara, H. J. O. – Niassy, S. – Ayieko, M. A. – Mukundamago, M. – Egonyu, J. P. – Tanga, C. M. – Kimathi, E. K. – Ongere, J. O. – Fiaboe, K. K. M. – Hugel, S. – Orinda, M. A. – Roos, N. – Ekesi, S. (2021): Edible crickets (*Orthoptera*) around the world: Distribution, nutritional value, and other benefits – A review. Front. Nutr., 7. 537915. <https://doi.org/10.3389/fnut.2020.537915>
- Morales-Ramos, J. A. – Rojas, M. G. – Coudron, T. A. (2014): Artificial Diet Development for Entomophagous Arthropods. In: Mass Production of Beneficial Organisms. Elsevier.
- Kuo, C. – Fisher, B. L. (2022): A literature review of the use of weeds and agricultural and food industry by-products to feed farmed crickets (Insecta; *Orthoptera*; *Gryllidae*). Front. Sustain. Food. Syst., 5. 810421. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.810421>
- Lachenicht, M. W. – Clusella-Trullas, S. – Boardman, L. – Le Roux, C. – Terblanche, J. S. (2010): Effects of acclimation temperature on thermal tolerance, locomotion performance and respiratory metabolism in *Acheta domesticus* L. (*Orthoptera*: *Gryllidae*). J. Insect Physiol., 56. 822–830. <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2010.02.010>
- Liu, K. – Li, Y. – Jousset, F-X. – Zadori, Z. – Szelei, J. – Yu, Q. – Pham, H. T. – Lepine, F. – Bergoin, M. – Tijssen, P. (2011): The *Acheta domesticus* densovirus, isolated from the European house cricket, has evolved an expression strategy unique among parvoviruses. J. Virol., 85. 10069–10078. <https://doi.org/10.1128/JVI.00625-11>
- Oonincx, D. G. – van Itterbeeck, J. – Heetkamp, M. J. – van Den Brand, H. – van Loon, J. J. – van Huis, A. (2010): An exploration on greenhouse gas and ammonia production by insect species suitable for animal or human consumption. PloS one, 5. e14445. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0014445>
- Oonincx, D. G. A. B. – van Broekhoven, S. – van Huis, A. – van Loon, J. J. A. (2015): Feed conversion, survival and development, and composition of four insect species on diets composed of food by-products. PLoS One, 10. 1–20. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0144601>
- Oloo, J. A. – Ayieko, M. – Nyongesah, J. M. (2020): *Acheta domesticus* (Cricket) feed resources among smallholder farmers in Lake Victoria region of Kenya. Food Sci. Nutr., 8. 69–78. <https://doi.org/10.1002/fsn3.1242>
- Orinda, M. – Mosi, R. – Ayieko, M. – Amimo, F. (2017): Growth performance of Common House cricket and Field Cricket fed on agro byproducts. J. Entomol. Zool. Stud., 5. 1664–1668.

- Pham, H. T. – Yu, Q. – Bergoin, M. – Tijssen, P. (2013): A novel ambisense densovirus, *Acheta domesticus* mini ambidensovirus, from crickets. *Genome Announc.*, 7. e00914-13. <https://doi.org/10.1371/10.1128/genomeA.00914-13>
- Quek, X. T. – Liang, L. – Tham, H. H. – Yeo, H. – Tan, M. K. – Tan H. T. W. (2020): Are the growth and survival of *Acheta domesticus* comparable when reared on okara, waste vegetables and premium animal feed? *JIFF*, 6. 161–168. <https://doi.org/10.3920/JIFF2019.0039>
- Sorjonen, J. M. – Valtonen, A. – Hirvisalo, E. – Karhapää, M. – Lehtovaara, V. J. – Lindgren, J. – Marnila, P. – Mooney, P. – Mäki, M. – Siljander-Rasi, H. – Tapio, M. – Tuiskula-Haavisto, M. – Roininen, H. (2019): The plant-based by-product diets for the mass-rearing of *Acheta domesticus* and *Gryllus bimaculatus*. *PLoS One*, 14. e0218830. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0218830>
- Szelei, J. – Woodring, J. – Goettel, M. S. – Duke, G. – Jousset, F. X. – Liu, K. Y. – Zadori, Z. – Li, Y. – Styer, E. – Boucias, D. G. – Kleespies, R. G. – Bergoin, M. – Tijssen, P. (2011): Susceptibility of North-American and European crickets to *Acheta domesticus* densovirus (AdDNV) and associated epizootics. *J. Invertebr. Pathol.*, 106. 394–399. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2010.12.009>
- Vaga, M. – Berggren, Å. – Pauly, T. – Jansson, A. (2020): Effect of red clover-only diets on house crickets (*Acheta domesticus*) growth and survival. *JIFF*, 6. 179-189. <https://doi.org/10.3920/JIFF2019.0038>
- van Huis, A. – Tomberlin, J. K. (2017): *Insects as food and feed: from production to consumption*. Wageningen Academic Publishers, The Netherlands.

Érkezett: 2024. november

Szerzők címe: Nahaji, P.
állatorvostan-hallgató, Állatorvostudományi Egyetem
Hetényi, N.
Állatorvostudományi Egyetem, Állattenyésztési, Takarmányozástani és
Laborállat-tudományi Intézet, Takarmányozástani és Klinikai Dietetikai Tanszék

Authors' address: University of Veterinary Medicine Budapest, Institute for Animal Breeding,
Nutrition and Laboratory Animal Science, Department of Animal Nutrition
and Clinical Dietetics
H-1078 Budapest, István u. 2.
*levelező szerző, e-mail: hetenyi.nikoletta@univet.hu

Egy pontos nukleotid-polimorfizmusok hatása a magyarországi holstein-fríz tehenek tej-, zsír- és fehérjetermelésének becsült tenyésztértékére

Associations between single nucleotide polymorphisms and the estimated breeding value for milk, fat and protein yield of Holstein-Friesian cows in Hungary

BOGNÁR László – KÖRÖSI Zsolt Jenő – RÓZSA László – BENE Szabolcs –
SZABÓ Ferenc – ANTON István – ZSOLNAI Attila

ÖSSZEFOGLALÁS

A vizsgálat célja olyan egybázisos nukleotid-polimorfizmusok (SNP-k) azonosítása volt, amelyek a magyarországi holstein-fríz (HF) tehenek tej- (TH), zsír- (ZSH) és fehérjetermelésének (FH) becsült tenyésztértékei (TÉ) közül legalább kettőt befolyásolnak. A hazai Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete (HTE) HF teheneket ($n = 2963$) genotipizáltatt Eurogenomics (EuroG_MDv4) chipen. A TH, ZSH és FH tenyésztértékeit a HTE bocsátotta rendelkezésünkre. A három, TÉ-kel összefüggő lókuszt három megközelítéssel azonosítottuk: az SNP-k genetikai távolságának kiszámításával (F_{st} marker), lineáris regresszióval és haplotípus-asszociációs tesztekkel. A TH és ZSH TÉ-kel összefüggésbe hozható öt SNP a *Bos taurus* 9., 18. és 19. autoszómáján (BTA) helyezkedett el. A TH és a FH TÉ-hez társuló 44 SNP az 1-6., 11., 11., 13-15., 18., 19., 24., 28. és X BTA-n volt. A ZSH és a FH TÉ-hez társuló 16 SNP a 3., 11., 19., 22. és X BTA-n volt. A TH, ZSH és FH TÉ-kel 9 SNP volt kapcsolatban, amelyek a 2., 5., 28. és X kromoszómán helyezkedtek el. A kilenc SNP közül a BTB-00219372 az 5. BTA-n pozitív β együtthatót mutatott a TH-ra, de negatív β együtthatót a ZSH és FH esetében. Ezen kívül a BTA X-en található BovineHD3000027615-nek pozitív β -koefficiense volt a TH és a FH esetében, de negatív β -koefficiense a ZSH esetében. Az azonosított SNP-k számos olyan gén közelében találhatók, amelyeket a szarvasmarhákban még nem vizsgáltak, és amelyek a tejtermelési mutatókkal kapcsolatos szorosabb vizsgálat potenciális célpontjai lehetnek. A két, vagy három TÉ-kel összefüggő markerek nagy hatékonysággal használhatók a szelekcióban a genetikai fejlődés felgyorsítása érdekében, és segíthetik az MHTÉ szakembereit tenyésztési és szelekciós céljaik elérésében. A legtöbb marker hatása ugyanabba az irányba mutat a TÉ-ek vonatkozásában, azonban találtunk olyan markereket is (BTB-00219372 és BovineHD3000027615), amelyek használata óvatosságot igényel, hiszen miközben az egyik TÉ-et növelheti, a másikat/másikat kettőt csökkentheti.

Kulcsszavak: holstein-fríz, teljes genomvizsgálat, egy pontos nukleotid-polimorfizmus, becsült tenyésztérték

SUMMARY

Objective: The aim of this study was to search for SNPs affecting the estimated breeding values (EBVs) of milk (MY), fat (FY) and protein (PY) yield of Holstein-Friesian (HF) cows in Hungary.

Methods: Cows ($n = 2,963$) were genotyped using a Eurogenomics (EuroG_MDv4) chip. EBVs for MY, FY and PY were estimated based on data from the Association of Hungarian Holstein Breeders. The loci associated with EBVs were identified using three approaches: calculating the genetic distance of the SNPs (F_{st} markers), linear regression and haplotype association tests.

Results: There were nine SNPs correlated with MY, FY and PY located on BTA 2, 5, 28 and X. Among them, BTB-00219372 on BTA 5 had a positive β -coefficient for MY and a negative β -coefficient for FY and PY. In addition, BovineHD3000027615 on BTA X had a positive beta-coefficient for both MY and PY and a negative beta-coefficient for FY. The identified SNPs were located close to several genes that have not been studied in cattle and are potential targets for further investigation in relation to dairy traits.

Conclusions: Those markers that had an effect on two or three EBVs could be used in selection to help the genetic progress of the HF breed. However, two markers, BTB-00219372 and BovineHD3000027615, have made breeders wary because of their adverse effects.

Keywords: Holstein-Friesian, genome-wide association, single-nucleotide polymorphism, estimated breeding value

1. Bevezetés

A holstein-fríz (HF) talán világszerte a legismertebb és legelterjedtebb tejelő szarvasmarha fajta. Ősei Hollandiából származnak, ahol fekete bataviai és fehér fríz állatokat kereszteztek egy új fajta létrehozásának érdekében. Jelenleg világszerte az egyik legnépszerűbb fajta, mivel korlátozott mennyiségű takarmány mellett is képes tejet termelni. A HF fajta az 1800-as években gyorsan elterjedt először Észak-Amerikában, majd fokozatosan az egész világon (*Elischer*, 2014).

A Holstein-fríz Világszövetséget 1960-ban alapították azzal a céllal, hogy javítsa, fejlessze és népszerűsítse a HF fajtát. Az első nemzetközi HF találkozót 1964-ben tartották Hollandiában. A HF fajtát Magyarországon az 1970-es években kezdték tenyésztetni számos gazdaságban. A hazai Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete (HTE) 1989-ben alakult meg 21 vállalkozás közreműködésével, amelyek 24636 tejelő tehénnel rendelkeztek. Jelenleg a HTE-nek több mint 900 regisztrált tagja van, akik összesen több mint 248000 tehénnel rendelkeznek.

A molekuláris genetikai vizsgálati módszerek fejlődése, különösen az egybázisos nukleotid-polimorfizmusok (SNP-k) tipizálásának lehetősége microarray-technika segítségével, valamint a sok egyedre kiterjedő genomikai adatok hozzáférhetősége gyökeresen megváltoztatta az egész tejágazat működését világszerte (*Nayeri és mtsai*, 2016). Az Egyesült Államokban 2009-ben kezdték a HF mikroarray-alapú genomikai vizsgálatát, és gyorsan felismerték, hogy ez egy szelekciós szolgáltatás alapját képezheti a tenyésztők számára (*Wiggans és Carrillo*, 2022). Az elmúlt néhány évben számos genom-szintű asszociációs vizsgálatot (GWAS) végeztek a HF szarvasmarhák különböző termelési tulajdonságaival összefüggést mutató lókuszok azonosítására.

Kínai HF szarvasmarhákban 105 olyan SNP-t találtak, amely szignifikánsan összefüggésbe hozható a tejtermelési jellemzőkkel (*Jiang és mtsai*, 2010). Néhány közülük korábban leírt kandidáns géneken belül, vagy azok közelében található (pl. növekedési hormon receptor (GHR), vagy diacilglicerín O-aciltranszferáz 1 (DGAT1). Új SNP-k esetében kapcsolságot állapítottak meg a tejtermelési tulajdonságokkal és a szomatikus sejtek számával írországi HF szarvasmarhákban egy, ill. több lókuszon alapuló Bayesi megközelítéssel (*Meredith és mtsai*, 2012). *Li és mtsai* (2014) 20 új kandidáns gént hoztak összefüggésbe a tejsírsav-összetétellel kínai HF tehénekben és megállapították, hogy a szelektív tenyésztés nagymértékben befolyásolhatja a tejsíróösszetételt. 178 genomikai ablak 24 különböző autoszómán, amely 194 SNP-t tartalmazott, szignifikánsan összefüggésbe hozható volt a tejfehérje-összetétellel és/vagy a fehérje százalékkal kínai HF fajtában (*Zhou és mtsai*, 2019). Egy nagyszabású GWAS amerikai HF szarvasmarhákban (*Jiang és mtsai*, 2019) megerősítette számos korábban ismert SNP hatását a tejtermelési tulajdonságokra, és új additív és domináns hatásokat írt le öt termelési

tulajdonsággal, három termékenységi tulajdonsággal és a szomatikus sejtszámmal kapcsolatban. *Atashi és mtsai* (2020) a *Bos taurus* 14-es autoszómáján (BTA 14) három olyan régiót azonosítottak, amelyek a 305-napos tejhozammal (TH) és a laktációs görbe néhány paraméterével összefüggő SNP-ket tartalmaznak HF tehenekben. Tanulmányuk megerősített néhány korábban javasolt kandidáns gént, ill. újonnan azonosítottakat mutatott be a TH vonatkozásában.

A tőgyszerkezet és a testfelépítés jellemzői jelentősen befolyásolják az állatok egészségét, a tőgygyulladás szembeni ellenálló-képességet, és következésképpen a tejtermelés és a tejipar jövedelmezőségét (*Rupp és Boichard*, 1999). *Wang és mtsai* (2015) hat SNP-t azonosítottak, amelyek erősen összefüggnek a szomatikus sejtszám alapján becsült tenyésztértékekkel (TÉ), és két új kandidáns gént javasoltak a masztitiszrel kapcsolatos fogékonyságra HF állatokban. *Cai és mtsai* (2020) az SNP-k pleiotróp hatását vizsgálták a tejtermelési tulajdonságokra és a masztitisz-rezisztenciára északi HF szarvasmarhákánál. Multi-trait metaanalízist végeztek, és számos olyan SNP-t mutattak ki, amelyek mind a tejtermelési tulajdonságokra, mind a tőgygyulladás-rezisztenciára hatással vannak dániai HF tehenekben. *Nazar és mtsai* (2022) GWAS-t végeztek kínai HF szarvasmarhákban, és 18 SNP-t mutattak ki, amelyek szignifikánsan összefüggésbe hozhatók a tőgykonformációval. Egy hálózatelemzés a DGAT1 és a termékenységet befolyásoló gének közötti kapcsolatot írta le olaszországi HF szarvasmarhákánál (*Minozzi és mtsai*, 2013). *Liu és mtsai* (2017) számos kvantitatív tulajdonságot szabályzó lókuszt (QTL) esetében igazolták a tehenek termékenységevel való kapcsoltságot kínai és skandináv HF tehenekben.

Magyarországon *Anton és mtsai* (2008) a DGAT1 lókuszt lizin/alanin (K232A) polimorfizmusának hatását vizsgálták a HF tehenek tejtermelési tulajdonságaira, és a GC homozigóta állatoknál tapasztalták a legmagasabb TH-t, tejsírhozamot (ZSH) és tejfehérje-hozamot (FH). Magyarországon 2018-ban jelentek meg az első olyan GWAS eredmények, amelyek több lókuszt esetében állapítottak meg összefüggést a fertilitás tenyésztérték index és a hús tenyésztérték index vonatkozásában (*Anton és mtsai*, 2018). A hazai TÉ becslési rendszer átfogó fejlesztéseként, 2017-től bevezetésre került a GEBV, amely a BLUP módszert ötvözte a hagyományos TÉ becsléssel (*Bengtsson és mtsai*, 2020). A HUNGENOM projekt 2019-es elindítása egy genomikai TÉ becslésen alapuló szelekciós eszközt kínál a magyar tenyésztők számára (HTE, internet). Jelen tanulmány célja az volt, hogy feltárja az SNP-k kombinált hatását a magyarországi HF tehenek TH, ZSH és FH korábban számított TÉ-re.

2. Anyag és módszer

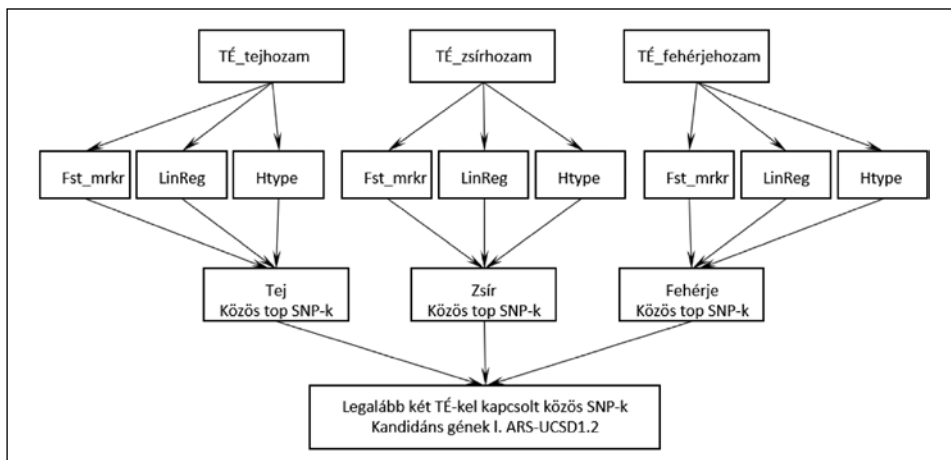
A vizsgálatban 2963 tehén adata szerepelt. Az állatok fenotípusára és genotípusára vonatkozó valamennyi adatot az HTE bocsátotta rendelkezésre. A HF tehenek genotipizálása a 67227 SNP-t tartalmazó EuroG_MDv4 microarray vizsgálat (Eurogenomics, Hollandia, Amszterdam) segítségével történt. Csak a 0,95-nél magasabb találati aránnyal rendelkező mintákat vettük figyelembe ebben a vizsgálatban. A végleges adathalmaz így 59151 SNP-t tartalmazott. A TÉ-eket a HTE 40947 SNP felhasználásával számította ki a magyar adatokra meghatározott genomi TÉ becslési módszer (*Stoop és mtsai*, 2017) alapján, az X kromoszómán lévő kivételével. A genomikai becslési modell a Bayes-féle multi-QTL model-

len (Meuwissen és Goddard, 2004) alapult, ahol az SNP-k hatását közvetlenül értékelik, haplotípusok, vagy származási adatok használata nélkül (Calus és mtsai, 2008). Bár a módszer egyszerre több tulajdonságra is alkalmazható, a rutinszerű genomikai kiértékelések egy tulajdonságra vonatkozó elemzések, azaz $m = 1$. M tulajdonságra a modell a következő:

$$y_i = \mu + u_i + \sum_{j=1} z_{ij} q_j v_j$$

(Ahol: y_i ($m \times 1$) vektor, az „ i ” bika fenotípusainak (DRP) vektora, μ ($m \times 1$) vektor az adott tulajdonság fix átlaga, u_i ($m \times 1$) vektor, az „ i ” bikához tartozó random poligén hatás, q_j (3×1) vektor, a „ j ” SNP random, skálázatlan hatása, amely a 0., az 1. és a 2. allélhoz tartozik (a 0. allél a hiányzó genotípus-információnak felel meg), v_j ($1 \times m$) vektor, a „ j ” SNP-hez tartozó random skálafaktorok, e_i ($m \times 1$) vektor, az „ i ” bikához tartozó reziduum (a modell hibája), és z_{ij} az „ i ” bika „ j ” SNP-jéhez tartozó designvektor. $z_{ij} = [0 \ 2 \ 0]$ és $[0 \ 0 \ 2]$ homozigóta (AA, illetve BB) bikák, $z_{ij} = [0 \ 1 \ 1]$ heterozigóta (AB) bikák, és $z_{ij} = [2 \ 0 \ 0]$ azon bikák esetén, ahol az adott SNP-hez tartozó információk hiányoznak.)

1. ábra: A három becsült tenyésztértékkel kapcsolt egyponstos nukleotid-polimorfizmusok keresésének folyamatábrája



Első sor: a Magyar Holstein-fríz Tenyésztők Egyesületétől kapott tenyésztértékek TH, ZSH és FH esetében; második sor: az egyes tulajdonságokra alkalmazott tesztek, Fst_mrkr: az SNP-k genetikai távolsága, LinReg: lineáris regresszió, Htype: haplotípus-asszociáció; harmadik sor: a különböző tesztek által azonosított legjobb találatokat (SNP-eket) hozzárendeltük az egyes tulajdonságokhoz. Negyedik sor: az egyidejűleg két vagy három TÉ-vel kapcsolt SNP-eket azonosítottuk.

Figure 1: Flowchart of the search for single-nucleotide polymorphisms associated with the three estimated breeding values

Flow diagram of the search for single nucleotide polymorphisms (SNPs) associated with three of the estimated breeding values (EBVs). First row: EBV values for MY, FY and PY obtained from the Association of Hungarian Holstein Breeders; second row: the applied tests for each trait, Fst_mrkr: genetic distance of SNPs, LinReg: linear regression, Htype: haplotype association; third row: the top SNPs found by different tests were identified for each trait. Fourth row: the top SNPs shared by two or three traits were identified.

1. táblázat: A vizsgált paraméterek közül legalább 2-vel összefüggésbe hozható 74 SNP

SNP száma (1)	TÉ _{tej}	TÉ _{zsír}	TÉ _{fehérje}
- 5	+	+	
- 44	+		+
- 16		+	+
- 9	+	+	+
Összesen (5): 74	58	30	69

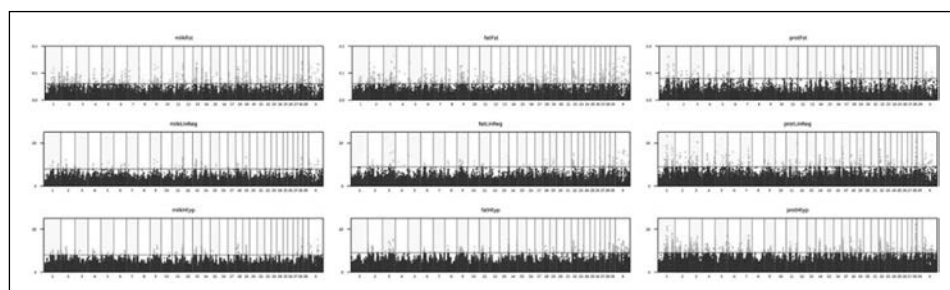
TÉ_{tej} = tej tenyészérték (2); TÉ_{zsír} = tejzsír tenyészérték (3); TÉ_{fehérje} = tejfehérje tenyészérték (4)

Table 1: The 74 SNPs associated with at least two of the examined traits

SNP number (1); milk breeding value (2); fat breeding value (3), protein breeding value (4); total (5)

A GWA-k esetében az állatokat a TH, ZSH és FH TÉ-ük (TÉ_{tej}, TÉ_{zsír}, TÉ_{fehérje}) szerint osztottuk fel. Először minden TÉ kategóriában magas és alacsony értékű csoportokat hoztunk létre a következők szerint: TÉ_{tej}—magas > 1465, TÉ_{tej}—alacsony < 328; TÉ_{zsír}—magas > 65, TÉ_{zsír}—alacsony < 19; TÉ_{fehérje}—magas > 51, TÉ_{fehérje}—alacsony < 21. Minden tulajdonságot (TÉ_{tej}, TÉ_{zsír}, TÉ_{fehérje}) három független megközelítéssel határoztunk meg: az SNP-k genetikai távolsága (Fst_{marker}), a lineáris regresszió (Vilhjalmsen, 2012) és a haplotípus-asszociációs teszt (Excoffier és Slatkin, 1995) segítségével, az SNP and Variation Suite (SVS) szoftver felhasználásával (Golden Helix, Bozman, MT, USA). Az eljárás folyamatábrája az 1. ábrán látható.

A haplotípus-asszociációs tesztben a vizsgálatot öt markerre állítottuk be, és minden egyes haplotípusra chi-négyzet tesztet végeztünk. A haplotípusokat az elvárás-maximalizáló (expectation-maximization, EM) algoritmus (maximális EM-iteráció = 50, EM-konvergenciátűrés = 0,0001) segítségével konstruáltuk.

2. ábra: A tejure, a zsírra, ill. a fehérjére vonatkozó tenyészértékek, az Fst_{marker}, a lineáris regresszió és az öt SNP-haplotípus közötti összefüggések Manhattan-diagramjai

A tejure (TÉ_{tej}; balra), a zsírra (TÉ_{zsír}; középen) és a fehérjére (TÉ_{fehérje}; jobbra) vonatkozó tenyészértékek és az Fst_{marker} (felső sor), a lineáris regresszió (középső sor) és az öt SNP haplotípus (alsó sor) közötti összefüggések Manhattan-diagramjai. A zöld vonalak azok a küszöbértékek, amelyek felett a markerek top találatnak minősülnek.

Figure 2: Manhattan plots of the relationships between milk, fat and protein breeding values, Fst_{marker}, linear regression and the five SNP haplotypes

Manhattan plots of the associations of EBVs for milk (EBV_{milk}; left), fat (EBV_{fat}; middle), and protein (ENV_{prot}; right) with F_{st}_{marker} (top row), linear regression (middle row), and five-SNP haplotypes (bottom row). The green lines are the thresholds above which the markers are considered as top hits.

Az $T\bar{E}_{tej}$, $T\bar{E}_{zsír}$, $T\bar{E}_{fehérje}$ asszociációk Manhattan-diagramjainak (2. ábra) vizuális vizsgálata után az Fst_marker és $-\log_{10}(p)$ küszöbértékei a lineáris regresszióban, vagy a haplotípus-asszociációban 0,06, 8, illetve 8 volt a $T\bar{E}_{tej}$ esetében; 0,06, 9, illetve 9 a $T\bar{E}_{zsír}$ esetében; és 0,08, 9, illetve 9 a $T\bar{E}_{fehérje}$ esetében. A küszöbértékek feletti SNP-eket minden egyes tulajdonságra vonatkozóan meghatároztuk (lásd az 1. ábra harmadik sorában), és azonosítottuk azokat, amelyek legalább két tulajdonsággal társultak (lásd az 1. ábra negyedik sorában). Az azonosított 74 SNP téves felfedezési aránya (Mota és mtsai, 2020) $1,3 \times 10^{-21}$ és $6,0 \times 10^{-6}$ között volt. Az Fst_marker , a lineáris regresszió és a haplotípus-asszociációs elemzés eredményeihez indexeket hoztunk létre az értékek 0-ról 1-re való átskálázásával és átlagolásával.

A Bos taurus genom ARS-UCD1.2 változatát használtuk a közös találatoktól ± 1 millió bázispár (Mbp) távolságra található gének meghatározására (1. táblázat). Ha egyetlen gént sem találtunk a ± 1 Mbp-n belül, a távolságot kiterjesztettük ± 3 Mbp-ra.

3. Eredmények és értékelésük

A TH és FH mutatóval összefüggésbe hozható öt SNP a 9., 18. és 19. kromoszómán helyezkedett el. Ezen kívül 44 SNP kapcsolódott a TH és a FH $T\bar{E}$ -ekhez az 1-6, 11, 13-15, 18, 19, 24, 28 és X kromoszómán. Továbbá 16 SNP kapcsolódott a ZSH és a FH $T\bar{E}$ -hez a 3, 11, 19, 22 és X BTA-n. Továbbá 9 SNP kapcsolódott a TH, ZSH és FH mutatóhoz a 2, 5, 28 és X kromoszómán (lásd 1. táblázat). Az azonosított SNP-k maximális értékei az Fst_marker esetében 0,17, a lineáris regresszió $-\log_{10}(p)$ értéke 24,9, a haplotípus-asszociáció $-\log_{10}(p)$ értéke 26,4 volt. Eredményeink közül a legkiemelkedőbb találatok (átlagértékük $>0,8$) a TH esetében a 2., 11., 19., 19., 28. és X kromoszómán, a ZSH esetében a 3., 22., 28. és X kromoszómán, a FH esetében pedig az 1. és 28. kromoszómán helyezkedtek el. A TH, ZSH és FH esetében a $T\bar{E}$ -ekkel összefüggésbe hozott kilenc SNP közül hét a legjobbak között van (átlag $>0,8$), három közülük 1,18 millió bázispáron belül helyezkedik el a 28-as kromoszómán.

Kilenc SNP a 2, 5, 28, és X kromoszómán szignifikáns hatással volt a $T\bar{E}_{tej}$, $T\bar{E}_{zsír}$ és $T\bar{E}_{fehérje}$ értékekre.

A 2. kromoszómán található két SNP nem volt ± 3 Mbp távolságon belül az ismert génektől. Az 5. kromoszómán elhelyezkedő SNP két fontos gén közelében volt. A 28. kromoszómán három ismert gént azonosítottunk, míg a X kromoszómán több fontos gén is azonosítható volt.

A PPFIA2-t (BTA 5) a szaporodási folyamat szabályozásával hozták összefüggésbe. (Mota és mtsai, 2020). A gént a 305-napos TH egyik kandidáns génjeként azonosították Guzerá szarvasmarhánál (Paiva és mtsai, 2020). Emellett több thai földi tejelő szarvasmarha-populációban is összefüggésbe hozták a TH és a ZSH vonatkozásában (Laodim és mtsai, 2024). A METTL25 gént az interdigitalis dermatitis kandidáns génjeként azonosították HF és szimentáli tehénekben, amely befolyásolhatja a betegséggel szembeni ellenálló-képességet (Solzer és mtsai, 2024).

A CCSE2 (BTA 28) mutációi hatással vannak a gannan jaktej zsír-, fehérje-, kazein- és laktóz jellemzőire (Yang és mtsai, 2023). Az SHLD2 a DNS-lánc ki-

javításában játszik szerepet, egy kötőfehérje (TRP53BP1/53BP1) effektor, és egerekben kritikus szerepet játszik az immunoglobulin lókuszon belül egyes deléciók hatásának csökkentésében (*Ling és mtsai, 2020*). Az ANXA8L1 gén a kalciumionok és a kalciumfüggő foszfolipidek megkötésében működik közre (ANXA8L1 Genecards, Internet).

Az FMR1-et (BTA X) a bikák termékenységi tulajdonságaival (*Fonseca és mtsai, 2018*) és a törékeny X szindrómával (*Salcedo-Arellano és mtsai, 2020*) hozták összefüggésbe. Az FMR1NB, amely egyes kutatások szerint egy membránfehérje (FMR1NB Gene Cards, Internet), ismeretlen funkcióval rendelkezik. Az AFF2 a nelore szarvasmarhák törékeny X szindrómájában játszik szerepet (*Hermisdorff és mtsai, 2021*). Az IDS mutációi II-es típusú mukopoliszacharidózt, más néven Hunter-szindrómát okoznak (*Friso és mtsai, 2008*). Az AKAP4 különböző szövetekben expresszálódik, és szerepet játszhat a spermium flagellum és a motilitás rendellenességeiben (*Miki és mtsai, 2002*). A CCNB3 különböző szövetekben expresszálódik, és a nőstény egerek termékenységeiben játszik szerepet (*Chotiner és mtsai, 2022*). A DGKK-t emberekben és HF szarvasmarhákban a hyospadiával hozták összefüggésbe, ami a genitális régió veleszületett rendellenessége (*Ianuzzi és mtsai, 2020*). A SHROOM4 SNP-it intellektuális fejlődési zavarral és epilepsiával hozták összefüggésbe (*Bian és mtsai, 2022*). A BMP15 gén mutációit a HF bikák sperma motilitásával hozták összefüggésbe, ami a sperma minőségének potenciális markerévé teszi (*Sun és mtsai, 2014*). A NUDT10 és NUDT11 a luteinizáló hormon által szabályozott gének fontos szerepet játszanak holstein tehénekben a petefészek megfelelő működésében (*Christenson és mtsai, 2013*). A CXHXorf67 az endometriális stromadaganatok kialakulásával hozható összefüggésbe (*Dewaele és mtsai, 2014*). A GSPT2 részt vesz a transzlációs folyamatban és a mRNS stabilitásában, ill. lebomlásában (*Zhouravleva és mtsai, 2006*). A MAGED1 és a MAGED4B nagyon magas expressziót mutatott az ösztroz során (*Mitko és mtsai, 2008*). A HEPH mutációi súlyos mikrocitikus anémiát okozhatnak egerekben (*Fuqua és mtsai, 2014*). A VSIG4 a mitokondriumok piruvát anyagcseréjének szabályozásán keresztül a makrofágok aktivációjával hozható összefüggésbe (*Li és mtsai, 2017*). Az MSN szerepet játszik a limfocita homeosztázisban és a primer immunhiányos betegségekben (*Kovács és mtsai, 2022*). A LAS1L génnek szerepe van az emberben előforduló neurogenetikai rendellenességek kialakulásában (*Aguilera és mtsai, 2021*). A ZC3H12B részt vesz a makrofágok proinflammatorikus aktivációjában (*Wawro és mtsai, 2019*). A ZC4H2-t az egyiptomi bivalybikák spermaminőségének és termékenységeinek kandidáns génjeként azonosították (*El Nagar és mtsai, 2023*). Az ASB12 szerepet játszhat az izomrostok növekedésében különböző szarvasmarhafajtákban (*Bazile és mtsai, 2020*). Az AMER1 és az ARHGEF9 a szarvasmarhák X-kromoszómához köthető örökletes betegségeinek potenciális kandidáns génje (*Id-Lahoucine és mtsai, 2022*). Emberekben a SPIN4 növekedési zavarok és hiperekplexia kialakulásával hozható összefüggésbe (*Lui és mtsai, 2023*). A ZXDB régiót lefedő markerek nagymértékben differenciálódtak német húsmerinóban a dorper és sunit juhokhoz képest (*Zhu és mtsai, 2015*). A ZNF674 emberben szerepet játszik az X-kromoszómához köthető kognitív fogyatékoságok kialakulásában (*Lugtenberg és mtsai, 2006*).

E vizsgálat során céljaink közt szerepelt olyan SNP-k azonosítása, amelyek egyidejűleg három TÉ-hez kapcsolódnak. Három algoritmust használtunk a

kapcsolt SNP-k azonosítására (1. ábra), a legjobb találatok pedig a 2. ábrán láthatók. A környező gének közül sokat már vizsgáltak *Bos taurus*, *Bos indicus*, vagy *Bos grunniens* esetében, és azok a tejjellemzőkkel, a testtömeggel, a kollagénszintézissel, vagy a sperma minőségével állnak kapcsolatban.

A mi vizsgálatunkban a DGAT1 nem szerepelt a top találatok között az asszociációs eredmények szűrési beállítása miatt. Amint az a 2. ábrán látható, a FH Manhattan-diagramokon alkalmazott küszöbérték nem tette lehetővé, hogy a 14. kromoszóma elején lévő csúcst bevonjuk az összehasonlításunkba. Ami a ZSH-t illeti, az alkalmazott algoritmusok és szűrők közül csak a haplotípus-regresszió azonosította a DGAT1 régiót. Ez a régió azonban megmaradt a TH esetében a legjobb találatok között. A 2. kromoszómán a TH, ZSH és FH TÉ-hez kapcsolódó két SNP (Hapmap47966-BTA-47563, ARS-BFGL-NGS-113042) 2 Mbp távolságra volt a *Minozzi és mtsai* (2013) által közölt TH-hoz kapcsolódó markerektől.

Atashi és mtsai (2020) eredményei is megerősítették a TH esetében kapott találatokat. A vizsgált tulajdonságok közül kettőnél a TÉ-ekhez társított kombinált találataink nem voltak 3 Mbp-n belül ezekhez a génekhez. *Jiang L. és mtsai* (2010) több tejtermelési tulajdonsággal is összefüggésbe hozható SNP-t azonosítottak kínai HF tehenekben; a 14. kromoszómán három SNP volt kapcsolatban a tej-, zsír- és fehérjehozammal. *Meredith és mtsai* (2012) nem azonosítottak olyan SNP-eket ír HF tehenekben, amelyek szignifikáns kapcsolatot mutattak a tej-, zsír- és fehérjehozammal. A magyar HF populációban nem találtunk olyan SNP-eket a 14. kromoszómán, amelyek egyszerre kapcsolódtak volna mindhárom mutatóhoz.

Jiang J. és mtsai (2019) három olyan gént (SLC4A4, ADAMTS3 és GC) azonosítottak a 6. kromoszómán, amelyek jelentős additív hatással voltak az amerikai HF szarvasmarhák TH és FH értékeire. Ezen kívül az 5. kromoszómán található két SNP (rs41257416 [pozíció: 105,870,613] és rs110000229 [pozíció: 105,804,923]), amelyek nagyon közel helyezkedtek el az általunk azonosított SNP-khez, jelentős additív hatással voltak a FH-ra. *Pedrosa és mtsai* (2021) 98 olyan gént írtak le a 14. kromoszómán, amelyek gyakran kapcsolódtak tejtermelési tulajdonságokhoz (TH, ZSH, FH) észak-amerikai HF szarvasmarhákban. *Bekele és mtsai* (2023) áttekintésükben 136 SNP-t említenek, amelyek szignifikánsan összefüggnek két vagy több tejtermelési tulajdonsággal HF szarvasmarhában és keresztezett fajtákban. Ezek közül 53, 18, 10 és 7 SNP a 14., 6., 20. és 1. kromoszómán helyezkedett el. Az általunk vizsgált három mutatóval (TH, ZSH, FH) összefüggésbe hozható SNP-k a 2., 5., 28. és X. kromoszómán helyezkedtek el.

Kolenda és mtsai (2021) azt találták, hogy a PAEP gén (béta-laktoglobulin) összefüggésbe hozható a TH, ZSH és FH mutatókkal. Vizsgálatunkban egy ehhez a génhez közeli markert azonosítottunk, amely az $TÉ_{zsír}$ és $TÉ_{fehérje}$ értékekkel volt kapcsolatban. A $TÉ_{tej}$ tekintetében a legközelebbi marker a BTA11-en 5,5 Mbp távolságra volt a PAEP-től.

A PPFA2-t kandidáns génként azonosították a TH és ZSH kapcsán, és részt vesz a szaporodás szabályozásában (*Mota és mtsai*, 2020). Ami a PPFA2-t illeti, vizsgálatunkban nem csak a $TÉ_{zsír}$ és $TÉ_{fehérje}$, hanem az $TÉ_{tej}$ mutatóval is kapcsolatot mutatott.

A top találatok körül elhelyezkedő számos gént vagy nem vizsgálták szarvasmarhában vagy ismeretlen funkcióval rendelkezett. Más esetekben a más emlősnél leírt funkciójuk a TÉ-re gyakorolt hatásokra utal. Úgy véljük, hogy

a kapcsolódó SNP-k közelében található összes gén részletesebb funkcionális vizsgálatot igényel.

Az is érdekelt bennünket, hogy az itt közölt SNP-k regressziós együtthatói mind pozitívak, vagy negatívak voltak-e a három TÉ vonatkozásában. Míg a legtöbb regressziós együttható azonos irányú volt (azaz következetesen negatív, vagy pozitív a $T\bar{E}_{tej}$, $T\bar{E}_{zsír}$ és $T\bar{E}_{tejhéjre}$ esetében), két SNP ellentétes előjelet mutatott. A BTB-00219372 a BTA 5-nél pozitív β együtthatót mutatott a TH-ra, de negatív β együtthatót a ZSH és FH esetében. Ezen kívül a BTA X-en található BovineHD3000027615 pozitív β -együtthatóval rendelkezett a TH és a FH esetében, de negatív β -együtthatóval a ZSH esetében. Az első esetben nagy valószínűséggel a tehenek több, de hígabb tejet termelnek, ami gazdasági szempontból járhat negatív következményekkel, beleértve a borjúnevelést is. A második eset magasabb TH-ot és FH-ot, de alacsonyabb ZSH-ot jelent, ami hatással lehet a tej élvezeti értékére és a sajtermékek minőségére (Pietrzak-Fiecko és mtsai, 2020).

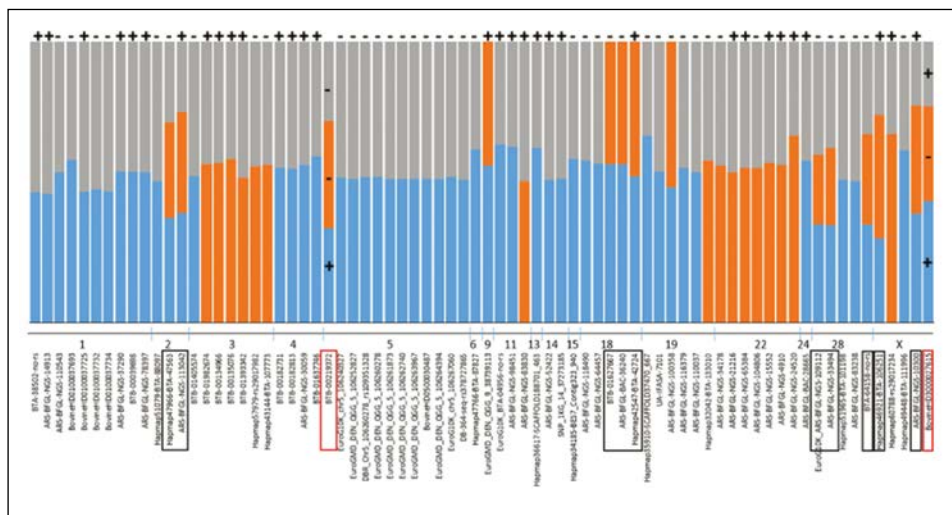
Mivel nem csak lineáris regresszióval határoztuk meg a közös SNP-készletet, a három algoritmus eredményeit úgy standardizáltuk, hogy az értékeiket 0 és 1 között átskáláztuk és átlagoltuk az egyes becsült TÉ-ekre. Az átskálázott értékek átlaga a vizsgált tulajdonságok közül legalább két tulajdonság TÉ-éhez társított allélok esetében 0,445 és 0,9260 között helyezkedett el. A mindhárom vizsgált tulajdonságra vonatkozó legerősebb jelet a BTA-64158-no-rs SNP mutatta a 28. kromoszómán (2. ábra). A 3. ábra azt mutatja, hogy 58 SNP szignifikánsan kapcsolódott az $T\bar{E}_{tej}$ (kék sávok), míg 16 SNP szignifikánsan kapcsolódott az $T\bar{E}_{zsír}$ (narancssárga sávok) tulajdonsághoz. Öt SNP-t azonosítottunk, amelyek a TH és a ZSH TÉ-el (BTA 9, 18, 19), 44 SNP-t, amelyek a TH és a FH TÉ-el (BTA 1-6, 11, 13-15, 18, 19, 24, 28 és X), valamint 16 SNP-t, amelyek a ZSH és a FH TÉ-el (BTA 3, 11, 19, 22 és X) álltak kapcsoltságban.

4. Következtetések

Vizsgálatunk kizárólag a magyarországi HF tehenek két, vagy három TÉ-ével (TH, FH és ZSH) kapcsoltságot mutató SNP-kre és kandidáns génekre összpontosított. Nevezetesen, 9 SNP-nek volt kapcsolva a TH, ZSH és FH értékekkel (BTA 2, 5, 28 és X). Az azonosított markerek némelyike nagyon közel helyezkedett el korábban már ismertetett kromoszóma-régiókhoz, vagy olyan génekhez, amelyeket korábban szarvasmarhákban nem kapcsoltak össze tejparaméterekkel, vagy más tulajdonságokkal. Vizsgálatunkban olyan gének is előfordultak, amelyekről már megállapították, hogy hatással vannak a tejtermelésre vagy tejösszetételre: SBSPON, KLHL8, SLC35A2, SLC38A5, CTH, SPACA9, PAEP, CTNNB1, OXTR, PIN4, PPFIA2 és CCSER2. Több gént, mint az EFCAB10, GLOD5, NONO és TMEM70, korábban nem hoztak összefüggésbe a tejtermeléssel vagy tejösszetétellel.

Ezek az eredmények olyan új információkkal szolgálnak, amelyek felgyorsíthatják a genetikai szelekciót, ill. segíthetik az MHTE szakembereit a tenyésztési és szelekciós céljaik elérésében.

3. ábra: A vizsgált paraméterek közül legalább kettővel összefüggésbe hozható 74 SNP



A narancssárga (T_{tej}), kék (T_{zsir}) és szürke ($T_{\text{fehérje}}$) sávok megfelelnek az egyes SNP-k regrezsziós β együtthatóinak. A mindhárom T_{E} -el összefüggő SNP-et bekereteztük. Az ábra tetején a plusz és a mínusz jelöli az összes tulajdonság esetében pozitív, vagy negatív β -együtthatót. A piros keret olyan SNP-et jelöl, ahol a β együtthatók ellentétesek voltak, például a ZSH és a FH esetében negatív, míg a TH-nál pozitív (BTA 5), ill. a ZSH-nál negatív volt, míg a TH és a FH esetében pozitív (X kromoszóma).

Figure 3: The 74 SNPs associated with EBVs for two or three of the examined traits

The orange (EBV_{milk}), blue (EBV_{fat}), and grey (EBV_{prot}) bars correspond to the regression β coefficients of each SNP (Supplementary Table 2). SNPs associated with all three EBVs are shown in boxes. At the top of the figure, plus and minus denote all positive or all negative β coefficients across traits. Red boxes denote SNPs where the β coefficients were opposite, such as FY and PY were negative while MY was positive on BTA 5 and FY was negative while MY and PY were positive on chromosome X

5. Felhasznált irodalom

- ANXA8L1 GeneCards (2021): Available from: <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=ANXA8L1>
- Aguilera, C. – Gabau, E. – Ramirez-Mallafre, A. – Brun-Gasca, C. – Dominguez-Carral, J. – Delgadillo, V. – Laurie, S. – Derdak, S. – Padilla, N. – de la Cruz, X. – Capdevila, N. – Spataro, N. – Baena, N. – Guitart, M. – Ruiz, A. (2021): New genes involved in Angelman syndrome-like: Expanding the genetic spectrum. *PLoS One*, 16. e0258766. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0258766>
- Anton, I. – Huth, B. – Füller, I. – Gábor, Gy. – Holló, G. – Zsolnai, A. (2018): Effect of single-nucleotide polymorphisms on the breeding value of fertility and breeding value of beef in Hungarian Simmental cattle. *Acta Vet. Hung.*, 66. 215–225. <http://doi.org/10.1556/004.2018.020>
- 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 polymorphisms on intramuscular fat and on milk production traits in different cattle breeds in Hungary. *Acta Vet. Hung.*, 56. 181–186. <http://doi.org/10.1556/AVet.56.2008.2.5>
- Atashi, H. – Salavati, M. – De Koster, J. – Ehrlich, J. – Crowe, M. – Opsomer, G. – the GlupES consortium - Hostens, M. (2020): Genome-wide association for milk production and lactation

- curve parameters in Holstein dairy cows. *J. Anim. Breed. Genet.*, 137. 292–304. <http://doi.org/10.1111/jbg.12442>
- Bazile, J. – Jaffrezic, F. – Dehais, P. – Reichstadt, M. – Klopp, C. – Laloe, D. – Bonnet, M. (2020): Molecular signatures of muscle growth and composition deciphered by the meta-analysis of age-related public transcriptomics data. *Physiol. Genomics*, 52. 322–332. <http://doi.org/10.1152/physiolgenomics.00020.2020>
- Bekele, R. – Taye, M. – Abebe, G. – Meseret, S. (2023): Genomic regions and candidate genes associated with milk production traits in Holstein and its crossbred cattle: A review. *Int. J. Genomics*, 2023. 8497453. <http://doi.org/10.1155/2023/8497453>
- Bengtsson, C. – Stalhammar, H. – Strandberg, E. – Eriksson, S. – Fikse, W. F. (2020): Association of genomically enhanced and parent average breeding values with cow performance in Nordic dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 103. 6383–6391. <http://doi.org/10.3168/jds.2019-17963>
- Bian, W. J. – Li, Z. J. – Wang, J. – Luo, S. – Li, B. M. – Gao, L. D. – He, N. – Yi, Y. H. (2022): SHROOM4 Variants are associated with X-linked epilepsy with features of generalized seizures or generalized discharges. *Front. Mol. Neurosci.*, 15. 862480. <http://doi.org/10.3389/fnmol.2022.862480>
- Cai, Z. – Dusza, M. – Guldbrandtsen, B. – Lund, M. S. – Sahana, G. (2020): Distinguishing pleiotropy from linked QTL between milk production traits and mastitis resistance in Nordic Holstein cattle. *Genet. Sel. Evol.*, 52. 19. <http://doi.org/10.1186/s12711-020-00538-6>
- Calus, M. P. – Meuwissen, T. H. – de Roos, A. P. – Veerkamp, R. F. (2008): Accuracy of genomic selection using different methods to define haplotypes. *Genetics*, 178. 553–561. <http://doi.org/10.1534/genetics.107.080838>
- Chotiner, J. Y. – Leu, N. A. – Xu, Y. – Wang, P. J. (2022): Recurrent pregnancy loss in mice lacking the X-linked *Ccnb3* genedagger. *Biol. Reprod.*, 106. 382–384. <http://doi.org/10.1093/biolre/iaob220>
- Christenson, L. K. – Gunewardena, S. – Hong, X. – Spitschak, M. – Baufeld, A. – Vanselow, J. (2013): Research resource: preovulatory LH surge effects on follicular theca and granulosa transcriptomes. *Mol. Endocrinol.*, 27. 1153–1171. <https://doi.org/10.1210/me.2013-1093>
- Dewaele, B. – Przybyl, J. – Quattrone, A. – Ferreira, J. F. – Vanspauwen, V. – Geerdens, E. – Gianfelici, V. – Kalender, Z. – Wozniak, A. – Moerman, P. – Sciort, R. – Croce, S. – Amant, F. – Vandenbergh, P. – Cools, J. – Debiec-Rychter, M. (2014): Identification of a novel- recurrent MBTD1–CXorf67 fusion in low-grade endometrial stromal sarcoma. *Int. J. Cancer.*, 134. 1112–1122. <http://doi.org/10.1002/ijc.28440>
- El Nagar, A. G. – Salem, M. M. I. – Amin, A. M. S. – Khalil, M. H. – Ashour, A. F. – Hegazy, M. M. – Abdel-Shafy, H. (2023): A single-step genome-wide association study for semen traits of Egyptian buffalo Bulls. *Animals*, 13. 3758. <http://doi.org/10.3390/ani13243758>
- Elischer, M. (2014): History of dairy cow breeds: Holstein. Michigan State University Extension
- Excoffier, L. – Slatkin, M. (1995): Maximum-likelihood estimation of molecular haplotype frequencies in a diploid population. *Mol. Biol. Evol.*, 12. 921–927. <http://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040269>
- FMR1NB GeneCards. Available from: <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=FMR1NB>
- Fonseca, P. A. S. – Dos Santos, F. C. – Lam, S. – Suárez-Vega, A. – Miglior, F. – Schenkel, F. S. – de Almeida Ferreira Diniz, L. – Id-Lahoucine, S. – Carvalho, M. R. S. – Cánovas, A. (2018): Genetic mechanisms underlying spermatid and testicular traits within and among cattle breeds: systematic review and prioritization of GWAS results. *J. Anim. Sci.*, 96. 4978–4999. <http://doi.org/10.1093/jas/sky382>
- Friso, A. – Tomanin, R. – Zanetti, A. – Mennuni, C. – Calvaruso, F. – La Monica, N. – Marin, O. – Zacchello, F. – Scarpa, M. (2008): Gene therapy of Hunter syndrome: evaluation of the efficiency of muscle electro gene transfer for the production and release of recombinant iduronate-2-sulfatase (IDS). *Biochim. Biophys. Acta*, 1782. 574–580. <http://doi.org/10.1016/j.bbadis.2008.07.001>
- Fuqua, B. K. – Lu, Y. – Darshan, D. – Frazer, D. M. – Wilkins, S. J. – Wolkow, N. – Bell, A. G. – Hsu, J. A. – Yu, C. C. – Chen, H. – Dunaief, J. L. – Anderson, G. J. – Vulpe, C. D. (2014): The multicopper

- ferroxidase hephaestin enhances intestinal iron absorption in mice. *PLoS One*, 9. e98792. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0098792>
- Hermisdorff, I. D. C. – Diaz, I. – de Camargo, G. M. F. – de Albuquerque, L. G. – Costa, R. B. (2021): Effect of genomic X-chromosome regions on Nelore bull fertility. *J. Appl. Genet.*, 62. 655–659. <http://doi.org/10.1007/s13353-021-00645-0>
- Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete: <https://www.holstein.hu>
- Iannuzzi, A. – Braun, M. – Genuardo, V. – Perucatti, A. – Reinartz, S. – Proios, I. – Heppelmann, M. – Rehage, J. – Hülskötter, K. – Beineke, A. – Metzger, J. – Distl, O. (2020): Clinical, cytogenetic and molecular genetic characterization of a tandem fusion translocation in a male Holstein cattle with congenital hypospadias and a ventricular septal defect. *PLoS One*, 15. e0227117. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0227117>
- Id-Lahoucine, S. – Casellas, J. – Fonseca, P. A. S. – Suárez-Vega, A. – Schenkel, F. S. – Cánovas, A. (2022): Deviations from mendelian inheritance on bovine X-chromosome revealing recombination, sex-of-offspring effects and fertility-related candidate genes. *Genes*, 13. 2322. <http://doi.org/10.3390/genes13122322>
- Jiang, J. – Ma, L. – Prakapenka, D. – VanRaden, P. M. – Cole, J. B. – Da, Y. (2010): A large-scale genome-wide association study in U.S. Holstein cattle. *Front. Genet.*, 10. 412. <http://doi.org/10.3389/fgene.2019.00412>
- Jiang, L. – Liu, J. – Sun, D. – Ma, P. – Ding, X. – Yu, Y. – Zhang, Q. (2010): Genome wide association studies for milk production traits in Chinese Holstein population. *PLoS One*, 5. e13661. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0013661>
- Kolenda, M. – Sitkowska, B. – Kamola, D. – Lambert, B. D. (2021): Composite genotypes of progesterone-associated endometrial protein gene and their association with composition and quality of dairy cattle milk. *Anim. Biosci.*, 34. 1283–1289. <http://doi.org/10.5713/ab.20.0596>
- Kovács, A. L. – Kárteszi, J. – Prohászka, Z. – Kalmár, T. – Késmárky, G. – Koltai, K. – Nagy, Z. – Sebők, J. – Vas, T. – Molnár, K. – Berki, T. – Böröcz, K. – Gyömörei, C. – Szalma, J. – Egyed, M. – Horváth, S. – Oláh, P. – Csuka, D. – Németh, V. – Gyulai, R. (2022): Hemizygous nonsense variant in the moesin gene (MSN) leads to a new autoimmune phenotype of Immunodeficiency 50. *Front. Immunol.*, 13. 919411. <http://doi.org/10.3389/fimmu.2022.919411>
- Laodim, T. – Koonawootrittriron, S. – Elzo, M. A. – Suwanasopee, T. – Jattawa, D. – Sarakul, M. (2024): Genetic factors influencing milk and fat yields in tropically adapted dairy cattle: insights from quantitative trait loci analysis and gene associations. *Anim. Biosci.* 37. 576–590. <http://doi.org/10.5713/ab.23.0246>
- Li, C. – Sun, D. – Zhang, S. – Wang, S. – Wu, X. – Zhang, Q. – Liu, L. – Li, Y. – Qiao, Lv. (2014): Genome wide association study identifies 20 novel promising genes associated with milk fatty acid traits in Chinese Holstein. *PLoS One*, 9. e96186. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0096186>
- Li, J. – Diao, B. – Guo, S. – Huang, X. – Yang, C. – Feng, Z. – Yan, W. – Ning, Q. – Zheng, L. – Chen, Y. – Wu, Y. (2017): VSIG4 inhibits proinflammatory macrophage activation by reprogramming mitochondrial pyruvate metabolism. *Nat. Commun.*, 8. 1322. <http://doi.org/10.1038/s41467-017-01327-4>
- Ling, A. K. – Munro, M. – Chaudhary, N. – Li, C. – Berru, M. – Wu, B. – Durocher, D. – Martin, A. (2020): SHLD2 promotes class switch recombination by preventing inactivating deletions within the Igh locus. *EMBO Rep.*, 21. e49823. <http://doi.org/10.15252/embr.201949823>
- Liu, A. – Wang, Y. – Sahana, G. – Zhang, Q. – Liu, L. – Lund, M. S. – Su, G. (2017): Genome-wide association studies for female fertility traits in Chinese and Nordic Holsteins. *Sci. Rep.*, 7. 8487. <http://doi.org/10.1038/s41598-017-09170-9>
- Lugtenberg, D. – Yntema, H. G. – Banning, M. J. G. – Oudakker, A. R. – Firth, H. V. – Willatt, L. – Raynaud, M. – Kleefstra, T. – Fryns, J. P. – Ropers, H. H. – Chelly, J. – Moraine, C. – Géczy, J. – van Reeuwijk, J. – Nabuurs, S. B. – de Vries, B. B. A. – Hamel, B. C. J. – de Brouwer, A. P. M. – van Bokhoven, H. (2006): ZNF674: a new kruppel-associated box-containing zinc-finger gene involved in nonsyndromic X-linked mental retardation. *Am. J. Hum. Genet.*, 78. 265–278. <http://doi.org/10.1086/500306>

- Lui, J. C. – Wagner, J. – Zhou, E. – Dong, L. – Barnes, K. M. – Jee, Y. H. – Baron, J. (2023): Loss-of-function variant in SPIN4 causes an X-linked overgrowth syndrome. *JCI Insight*, 8. e167074. <http://doi.org/10.1172/jci.insight.167074>
- Meredith, B. K. – Kearney, F. J. – Finlay, E. K. – Bradley, D. G. – Fahey, A. G. – Berry, D. P. – Lynn, D. J. (2012): Genome-wide associations for milk production and somatic cell score in Holstein-Friesian cattle in Ireland. *BMC Genet.*, 13. 21. <http://doi.org/10.1186/1471-2156-13-21>
- Meuwissen, T. H. – Goddard, M. E. (2004): Mapping multiple QTL using linkage disequilibrium and linkage analysis information and multitrait data. *Genet. Sel. Evol.*, 36. 261–279. <http://doi.org/10.1186/1297-9686-36-3-261>
- Miki, K. – Willis, W. D. – Brown, P. R. – Goulding, E. H. – Fulcher, K. D. – Eddy, E. M. (2002): Targeted disruption of the Akap4 gene causes defects in sperm flagellum and motility. *Dev. Biol.*, 248. 331–342. <http://doi.org/10.1006/dbio.2002.0728>
- Minozzi, G. – Nicolazzi, E. L. – Stella, A. – Biffani, S. – Negrini, R. – Lazzari, B. – Ajmone-Marsan, P. – Williams, J. L. (2013): Genome wide analysis of fertility and production traits in Italian Holstein cattle. *PLoS One*, 8. e80219. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0080219>
- Mitko, K. – Ulbrich, S. E. – Wenigerkind, H. – Sinowatz, F. – Blum, H. – Wolf, E. – Bauersachs, S. (2008): Dynamic changes in messenger RNA profiles of bovine endometrium during the oestrous cycle. *Reproduction*, 135. 225–240. <http://doi.org/10.1530/REP-07-0415>
- Mota, L. F. M. – Lopes, F. B. – Fernandes Junior, G. A. – Rosa, G. J. M. – Magalhaes, A. F. B. – Carvalho, R. – Albuquerque, L. G. (2020): Genome-wide scan highlights the role of candidate genes on phenotypic plasticity for age at first calving in Nellore heifers. *Sci. Rep.*, 10. 6481. <http://doi.org/10.1038/s41598-020-63516-4>
- Nayeri, S. – Sargolzaei, M. – Abo-Ismael, M. K. – May, N. – Miller, S. P. – Schenkel, F. – Moore, S. S. – Stothard, P. (2016): Genome-wide association for milk production and female fertility traits in Canadian dairy Holstein cattle. *BMC Genet.*, 17. 75. <http://doi.org/10.1186/s12863-016-0386-1>
- Nazar, M. – Abdalla, I. M. – Chen, Z. – Ullah, N. – Liang, Y. – Chu, S. – Xu, T. – Mao, Y. – Yang, Z. – Lu, X. (2022): Genome-wide association study for udder conformation traits in Chinese Holstein cattle. *Animals*, 12. 2542. <http://doi.org/10.3390/ani12192542>
- Paiva, J. T. – Peixoto, M. G. C. D. – Bruneli, F. A. T. – Alvarenga, A. B. – Oliveira, H. R. – Silva, A. A. – Silva, D. A. – Veroneze, R. – Silva, F. F. – Lopes, P. S. (2020): Genetic parameters, genome-wide association and gene networks for milk and reproductive traits in Guzerá cattle. *Liv. Sci.*, 242. 104273. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104273>
- Pedrosa, V. B. – Schenkel, F. S. – Chen, S. Y. – Oliveira, H. R. – Casey, T. M. – Melka, M. G. – Brito, L. F. (2021): Genomewide association Analyses of lactation persistency and milk production traits in Holstein cattle based on imputed whole-genome sequence data. *Genes*, 12. 1830. <http://doi.org/10.3390/genes12111830>
- Pietrzak-Fiecko, R. – Kamelska-Sadowska, A. M. (2020): The comparison of nutritional value of human milk with other mammals' milk. *Nutrients*, 12. 1404. <http://doi.org/10.3390/nu12051404>
- Rupp, R. – Boichard, D. (1999): Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits and milking ease in first lactation Holsteins. *J. Dairy. Sci.*, 82. 2198–2204. [http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(99\)75465-2](http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(99)75465-2)
- Salcedo-Arellano, M. J. – Hagerman, R. J. – Martinez-Cerdeno, V. (2020): Fragile X syndrome: clinical presentation, pathology and treatment. *Gac. Med. Mex.*, 156. 60–66. <http://doi.org/10.24875/GMM.19005275>
- Solzer, N. – Brugemann, K. – Yin, T. – Konig, S. (2024): Genetic evaluations and genome-wide association studies for specific digital dermatitis diagnoses in dairy cows considering genotype x housing system interactions. *J. Dairy. Sci.*, 107. 3724–3737. <http://doi.org/10.3168/jds.2023-24207>
- Stoop, W. M. E. – Schrooten, C. H. (2017): Method of genomic breeding value estimation- Specified for Hungarian data. Proposal for the National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders, Working document, CRV BV Wassenaarweg 20, 6843 NW Arnhem, The Netherlands.

- Storey, J. D. (2002): A direct approach to false discovery rates. *J. R. Statist. Soc. B.*, 64. 479–498.
- Sun, L. P. – Song, Y. P. – Du, Q. Z. – Song, L. W. – Tian, Y. Z. – Zhang, S. L. – Hua, G. H. – Yang, L. G. (2014): Polymorphisms in the bone morphogenetic protein 15 gene and their effect on sperm quality traits in Chinese Holstein bulls. *Genet. Mol. Res.*, 13. 1805–1812. <http://doi.org/10.4238/2014.March.17.8>
- Vilhjalmsson, B. J. (2012): Mixmogam. <https://github.com/bvilhjal/mixmogam>
- Wang, X. – Ma, P. – Liu, J. – Zhang, Q. – Zhang, Y. – Ding, X. – Jiang, L. – Wang, Y. – Zhang, Y. – Sun, D. – Zhang, S. – Su, G. – Yu, Y. (2015): Genome-wide association study in Chinese Holstein cows reveal two candidate genes for somatic cell score as an indicator for mastitis susceptibility. *BMC Genet.*, 16. 111. <http://doi.org/10.1186/s12863-015-0263-3>
- Wawro, M. – Wawro, K. – Kochan, J. – Solecka, A. – Sowinska, W. – Lichawska-Cieslar, A. – Jura, J. – Kasza, A. (2019): ZC3H12B/MCPIP2, a new active member of the ZC3H12 family. *RNA*, 25. 840–856. <http://doi.org/10.1261/rna.071381.119>
- Wiggans, G. R. – Carrillo, J. A. (2022): Genomic selection in United States dairy cattle. *Front. Genet.*, 13. 994466. <http://doi.org/10.3389/fgene.2022.994466>
- World Holstein Friesian Federation (2024): Available from: <https://whff.info/conferences/>
- Yang, G. – Zhang, J. – Ma, X. – Ma, R. – Shen, J. – Liu, M. – Yu, D. – Feng, F. – Huang, C. – Ma, X. – La, Y. – Guo, X. – Yan, P. – Liang, C. (2023): Polymorphisms of CCSE1 gene and their correlation with milk quality traits in Gannan yak (*Bos grunniens*). *Foods*, 12. 4318. <http://doi.org/10.3390/foods12234318>
- Zhou, C. – Li, C. – Cai, W. – Liu, S. – Yin, H. – Shi, S. – Zhang, Q. – Zhang, S. (2019): Genome-wide association study for milk protein composition traits in a Chinese Holstein population using a single-step approach. *Front. Genet.*, 10. 72. <http://doi.org/10.3389/fgene.2019.00072>
- Zhouravleva, G. – Schepachev, V. – Petrova, A. – Tarasov, O. – Inge-Vechtomov, S. (2006): Evolution of translation termination factor eRF3: is GSPT2 generated by retrotransposition of GSPT1's mRNA? *IUBMB Life*, 58. 199–202. <http://doi.org/10.1080/15216540600686862>
- Zhu, C. – Fan, H. – Yuan, Z. – Hu, S. – Zhang, L. – Wei, C. – Zhang, Q. – Zhao, F. – Du, L. (2015): Detection of selection signatures on the X chromosome in three sheep breeds. *Int. J. Mol. Sci.*, 16. 20360–20374. <http://doi.org/10.3390/ijms160920360>

Érkezett: 2025. január

Szerzők címe: Bognár, L. – Kőrösi, Zs. J.

Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete

Authors' address: National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders

H-1134 Budapest, Lőportár u. 16.

Rózsa, L. – Bene, Sz.* – Anton, I.

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Georgikon Campus

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Georgikon Campus

H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.

*levelező szerző, e-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

Szabó, F.

Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar

Széchenyi István University, Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Zsolnai, A.

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvár Campus

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Kaposvár Campus

H-7400 Kaposvár, Guba Sándor u. 40.

A hústehen borjúelőállító-képessége Kandidátusi disszertáció összefoglaló ismertetése

Calf producing ability of the beef cow Summarizing paper of a PhD thesis

KELEMÉRI Gábor

ÖSSZEFOGLALÁS

A Szerző közel húszévi kutatómunkája során 5 hazai húsmarhatartó gazdaságban és egy külföldi kutatóintézetben (MARC, USA) különböző genetikai háttérű, nagy egyedszámú anyatehén-csoportok anyai tulajdonságait vizsgálta az akkori korszerű statisztikai módszerekkel. A vizsgálatok alapján megállapította, hogy az anyai fenotípusos teljesítmény nagymértékben befolyásolja a húsmarhatartás gazdaságosságát. A fajtatiszta és keresztezett állományok borjúhozamát összehasonlítva kimutatta, hogy a keresztezett tehenektől a jól megválasztott apai vonalak felhasználásával 14-51%-os borjúhozam-növekedés érhető el, amely elsősorban a heterózis hatásnak köszönhető. Megállapította, hogy a tenyészbikák rangsorolását üzemi viszonyok között a leányivadékok legalább két-három ellésének figyelembevételével kell elvégezni. Az apaállatok örökítő-értékének vizsgálatakor ajánlatos cluster elemzést végezni. A vizsgált tulajdonságok közötti összefüggés-elemzések alapján megállapítható, hogy az utánpótlásra szánt üszőket nem elegendő csak a testsúlymérések alapján kiválogatni, mivel ez negatív összefüggést mutat egyes anyai tulajdonságokkal. Az anyatehén produktivitásának (P) kifejezésére a Szerző megalkotott egy indexet, amely bármely fajtára, genotípusra alkalmazható a gyakorlatban.

Kulcsszavak: eltérő genotípusok, keresztezések, anyai tulajdonságok, regressziós elemzés, heterózis hatás, produktivitás

SUMMARY

Objective: For nearly twenty years of investigation in 5 commercial beef farm and one research institute (MARC, USA) the Author performed examinations for the maternal traits of suckler cow herds of different genotypes using up-to-date statistical methods. The object of his investigations to provide reliable parameters for the productivity of cow-calf operations.

Methods: In all experiments the basic mathematical statistical parameters have been used: average, standard deviation, coefficient of variation, significance, in some cases coefficient of regression, cluster analysis, Harvey's mixed model.

Results: In different genotypes regarding purebred and crossbred cow herds the Author provided reliable data for the maternal performance traits (reproduction, calf rearing, weaning and postweaning data). Comparing the calf crop of purebred and crossbred herds he found a 14-51% advantage in the crossbred cows, due to the heterosis effect, using the suitable male line. The Author developed a new index for the expression of maternal performance (P) can be used for any beef breed or genotype involving calf's weaning weight, repeatability, adjusted and metabolic weight of the cow.

Conclusions: On commercial farm conditions the ranking of breeding sires should be taken into account for at least in two-three calvings. For the evaluation of the sires' heritability cluster analysis is recommended. Based on the correlation results the selection of the replacement heifers should not only be taken into consideration on the weight data, due to negative correlation with the maternal traits.

Keywords: several genotypes, crossings, maternal traits, regression analysis, heterosis, productivity

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

A Szerző vizsgálatait az 1970-es és 80-as években végezte, amikor Magyarországon kialakultak a szakosított húsmarhatenyésztés alapjai és gyakorlata. A 70-es években kerültek be az országba a hereford, charolais, limousin, majd később az aberdeen angus és blonde d'Aquitaine fajtatiszta állományok, amelyekkel a törzsállományok fenntartása mellett megkezdődtek a keresztezések is. A Szerző által nagyra becsült néhai főnöke *Horn Artúr* akadémikus hívta fel a figyelmét arra, hogy ez az a téma, amivel érdemes foglalkozni, mert nálunk eddig még ez a terület ismeretlen volt. Mivel a húsmarhatenyésztés célja az anyatehéntartásból kikerülő minél nagyobb választási súlyú, minél több egészséges borjú előállítása, ezért az általa végzett kutatások döntő többsége ezen a téren folyt. Kutatási eredményeit 1991-ben disszertáció formájában összegezte, és az akkor még érvényes előírások szerint benyújtotta a Magyar Tudományos Akadémia Tudományos Minősítő Bizottságához (TMB). A TMB kijelölte az opponenseket és munkahelyén, az akkori Gödöllői Agrártudományi Egyetemen (GATE) tartandó, un. „házi védelem” időpontját is 1991. 09. 23-ára. Kutatásai összegezésekor még nem indult el az új, PhD rendszerű minősítés. Opponensei *Dohy János* akadémikus, *Stefler József* egyetemi tanár és *Mészáros Gyula* a mezőgazdasági tudomány kandidátusa voltak. A disszertáció eredeti példánya a MATE ÁTI Állattenyésztés-technológiai és Állattjóléti Tanszék (2100 Gödöllő, Páter Károly u.1.) könyvtárában található.

Irodalmi áttekintésben sajátos eljárást választott a Szerző, mivel a disszertációban ez a fejezet 12 oldalt tesz ki, amely nem fér bele egy cikk kereteibe, így csupán a témához legszorosabban tartozó hivatkozásokat emeli ki. Meg kell említeni, hogy csak a tanulmányok lezárásáig fellelhető irodalmi hivatkozásokat vette figyelembe, ugyanis a vizsgálatok lezárása óta ezzel a témával nem állt módjában foglalkozni, de megítélése szerint az akkori kutatási eredmények és megállapítások még ma is érdeklődésre tarthatnak számot.

Taylor (1984) összefoglaló művében részletesen kifejti, hogy az anyatehén teljesítménye alapvetően két fő összetevőből áll: az adott gulyából (tehénállományból) leválasztható borjak száma, ill. a leválasztásra került borjak (átlagos) testsúlya.

Természetesen el kell döntenie, hogy egyes húshasznú tehének, vagy a hústehén állomány összteljesítményét kívánjuk vizsgálni. Az idézett szerző nagy egyedszámon (12827) vizsgálta, hogy a borjúszaporulatot természetes fedeztetés mellett milyen tényezők befolyásolják. Kimutatta, hogy a lehetséges 100%-hoz képest a fedeztetési időben nem vemhesült nőivarú egyedek aránya 17,4%, az ellés körül kiesett borjak aránya 6,4%, a születéstől választásig történő borjúelhullás 2,9%, a vemhesség alatti borjúelhalás 2,3% volt, így a leválasztható borjúszaporulat mindössze 71,0% volt. *Robert E. Taylor* professzorral egyébként a Szerzőnek személyesen is módjában állt találkozni 1990-ben az USA-ban tett ösztöndíjas tanulmányútja során a Colorado Állambeli Fort Collins-i egyetemen, ahol ő volt a Szerző témafelelőse. Extenzív tartási körülmények között a nagytestű, későn érő fajták első ellésére a 3 éves korban lehet számítani (*Snapp*, 1956; *Preston és Willis*, 1974; *Cserekajev*, 1978), ugyanakkor kiterjedt kutatások folynak világszerte a húsüszők 2 éves kori leellettetésének bevezetése céljából (*Preston és Willis*, 1974; *Warwick és Legates*, 1979; *Bodó és mtsai*, 1985; *Guba*, 1985; *Bíró és Csomós*, 1986).

A kutatási eredmények és a gyakorlati tapasztalat arra utalnak, hogy az üszőgulyát célszerű a tehenállománytól elkülönítve tartani és termékenyítésüket 2-3 héttel korábban kezdeni a tehenekhez képest. Az üszőknek ugyanis a vehemépítés mellett még a növekedésre is energiát kell fordítaniuk, így ezt a táplálékellátásban is figyelembe kell venni. Az elsőborjas tehenek involúciója gyakran elhúzódik és az újrafogamzás későbbre tolódik (*Wiltbank*, 1961; *Hamza*, 1978; *Taylor*, 1984; *Bodó és mtsai*, 1985). A nőivarú állomány megfelelő tápláltsági állapotát, kondícióját a legeltetési időben nehéz megítélni. Erre számos országban pontozásos rendszert alakítottak ki (*Kilkenny*, 1978, idézi *Bodó és mtsai*, 1985). Általános tapasztalat, hogy a szoptatás csökkenti az ivarzás jelentkezését, amelynek hátterében még ma is kutatás tárgyát képező neuro-hormonális összefüggések lehetnek. Ennek hátrányos következményeit a gyakorlat különböző módszerekkel igyekszik csökkenteni (*Horn és mtsai*, 1982, *Bodó és mtsai*, 1985).

A nőivarú állomány termékenyítésének módja is nagymértékben befolyásolja a vemhesülést. A leggyakoribb a természetes fedeztetés alkalmazása, de egyre több jó eredményről lehet tudomást szerezni a mesterséges termékenyítés sikeres alkalmazásáról. Ezt leginkább a törzstenyészetekben alkalmazzák, ugyanis nagyobb figyelmet igényel az ivarzó egyedek kiválogatása az inszeminálásra. Az eljárás hazai tapasztalatai kedvezőek, különösen a húshasznú magyar tarka állományokban (*Hamza*, 1978; *Munkácsi*, 1986). *Nagyné és mtsai* (1983) javasolták az un. kombinált módszert, amely szerint a gulya mintegy kétharmadát inszeminálják, majd a csendesen ivarzókat fedeztetik. Így a jól ivarzó tehenek a legjobb apaállatokkal párosíthatók és a kívánatos borjúszaporulat is elérhető. Az üszők újravemhesülését nagymértékben befolyásolja az ellés lefolyása, ugyanis a nehézellés a fogamzás elhúzódását eredményezi és a borjú életképességét is negatívan befolyásolja. Ezen a téren is kiterjedt kutatások folynak külföldön, de hazánkban is (*Laster és mtsai*, 1973; *Kilkenny*, 1978; *Menissier*, 1984; *Bozó és mtsai*, 1987; *Holló* 1985; *Stefler*, 1981; *Horn és mtsai*, 1983). A témát a Szerzőnek alkalma volt behatóbban tanulmányozni a Franciaországi INRA (*Institut National de la Recherches Agronomique*) Jouy en Josas-ban működő intézetében a témában nemzetközileg is elismert *F. Menissier* segítségével (*Keleméri*, 1979).

A borjúszaporulat és a borjak életképességének növelésében nagy jelentősége van a fajták keresztezésekor jelentkező heterózis hatásnak, amelynek kutatása az utóbbi időben felgyorsult. *Horn P.* (1982) szerint az állattenyésztésben négyféle heterózt különböztetünk meg, amelyek az un. kumulatív (összesített) heterózis hatás részeként foghatók fel. Eszerint a fenotípusos fölény az utódokban: egyedi (individuális) heterózis 5-6%, anyai (maternális) heterózis 12-15%), apai (paternális) heterózis 5-6%, ill. típus heterózis (*Horn*, 1968) 50%.

E témakör világviszonylatban is legelismertebb kutatói közé tartoztak *Cundiff* és *Gregory* (1977), akikkel a Szerzőnek személyesen is alkalma volt találkozni és együtt dolgozni az USA-beli Nebraska Állam *Clay Center-i Meat Animal Research Center*-ben (MARC) töltött tanulmányútja során 1989-90-ben. Az idézett kutatók nagyszámú kísérletbe vont tisztavérű és keresztezett populáción mutatták ki, hogy a tisztavérű anyáktól és keresztezett (F₁) borjaktól 8,5%-kal, a keresztezett anyáktól pedig 23%-kal nagyobb összes borjútömeg választható le. A kutatóközpontban folyó kutatásokról több ízben is készült beszámoló (*Keleméri*, 1989, 1990). Jelentős hazai kutatások is folytak e téren, amelyekben a szerzők különböző

tulajdonságokban heterózis hatást mutattak ki a szarvasmarha állományokban (Horn, 1968; Dohy és Dunay, 1976; Keleméri és Horn, 1980; Horn, 1981; Horn és mtsai, 1983; Nagy és mtsai, 1985; Bozó és mtsai, 1987).

A húshasznú tehénnel szemben támasztott igen sokféle igényt nem egyszerű feladat egyetlen értékszámban, indexben kifejezni, ugyanakkor, erre többen is vállalkoztak. Az egyik legrégebbi mutatószámot a populációgenetikai szemlélet elterjesztésének kiemelkedő alakja, Lush alkotta még 1945-ben. Az MPPA (legvalószínűbb termelőképeség) figyelembe veszi a gulya átlagos választási testsúly-viszonyszámát (100), a tehén borjainak számát, a választási testsúly-viszonyszám ismétlődhetőségét (0,4), és a tehén összes leválasztott borjára kiszámított választási testsúly-viszonyszám átlagát. Ismeretes, hogy a borjú-előállítás költségének 85%-át a tehéntartás teszi ki, ezért a tehén létfenntartó takarmányozási költségét a minél magasabb választási súlyú borjával lehet ellensúlyozni. Ezen elvek alapján Dohy és Keleméri 1971-ben kidolgoztak egy olyan indexet, amely a hústermelő nővonal termelékenységét (produktivitását) volt hivatott minősíteni:

$$P = \frac{\text{borjú egyéveskori testtömege (kg)}}{\text{anya korrigált testtömege (+) (kg)}} \times 100$$

(Ahol P = a hústermelő nővonal produktivitása - az osztályba sorolás a disszertáció függelékében szerepel; + = az anya testtömegének korrekciója az első ellési életkortól függ - a korrekciós táblázatot ugyancsak a disszertáció függelékében lehet megtalálni.)

A fenti index a hazai és külföldi szakirodalomban publikálásra került (Keleméri, 1973). Az amerikai Húsmarhanemesítő Szövetség (*Beef Improvement Federation, BIF*) ajánlása szerint (1986) a húshasznú tehén produktivitását az alábbi tulajdonságok szerint lehet megítélni: átlagos születési testtömeg-viszonyszám; átlagos választási testtömeg-viszonyszám; átlagos 365 napos testtömeg-viszonyszám; MPPA-érték (lásd korábban). (Itt kell megjegyezni, hogy a cikkben nem anyagból keveredik a „testsúly” és a „testtömeg”, ugyanis a hivatkozott irodalmi forrásokhoz kell igazodni, amikor azokat idézzük).

Köztudott, hogy egy-egy állati termék előállításának valamennyi fázisát, összetevőjét és befolyásoló tényezőjét, vagyis az összes bevitt (input) és az összes kikerült (output) figyelembe kell venni ahhoz, hogy a termelés gazdaságosságát helyesen ítéljük meg. Az erre irányuló törekvéseket, kutatásokat az állatpopulációk integrált értékelésének (Horn, 1968), más kifejezéssel területi termelékenységnek nevezzük. Erre tekintettel Stefler és mtsai (1985) fajtatiszta magyar tarka és hereford gulyák területi termelékenységét hasonlították össze azonos intenzív legeltetési viszonyok között. Azt állapították meg, hogy a hereford állomány 100 ha terület-egységre jutó élőtömeg-termelése 26%-kal múlta felül a magyar tarka tehének csoportját a modellszámítások szerint.

Az eddigiekben az anyatehenek élete során nyújtott (fenotípusos) teljesítményét vizsgáltuk, de a szelekció során fontos, hogy a kiválogatott szülők ivadékaiban hogyan jelennek meg a kívánatos tulajdonságok. A hagyományos húsmarhatenyésztő országokban bevezették a leány-ivadékok teljesítményének vizsgálatát, amelyet Magyarországon Nagy (1978) nyomán L-ITV-nek rövidítünk. Franciaországban központi vizsgálóállomásokon tesztelik a tenyészbikaként 20 üszőivadék reprodukciós képességét mindhárom elterjedt húsmarhafajtában

(Keleméri, 1979). Amerikában már a 80-as években kiterjedten alkalmazták a húsmarhatenyésztő szövetségek a tenyészbikák genetikai értékelésére kialakított EPD-értéket (*Expected Progeny Difference*), amely az utódokban várható teljesítmény-különbséget jelenti a legfontosabb értékmérő tulajdonságokra vonatkozóan, beleértve az anyai tulajdonságokat is (Keleméri, 1989, 1990).

Kutatásai során a következő célokat tűzte ki a Szerző:

- hazai körülmények között tartott húsmarha-állományokban megállapítani azokat a tulajdonságokat, amelyek meghatározzák az anyai teljesítményt, elsősorban a fajtatiszta törzstenyészetekben, ahol megbízható adatok rendelkezésre állnak,
- meghatározni az anyai tulajdonságok fenotípusos (és esetenként genetikai) variációját,
- kimutatni egyes keresztezési kombinációkban milyen különbség mutatkozik a fajtatiszta és keresztezett állományok borjúelőállító-képessége között és – kimutatható-e heterózis hatás a keresztezések során,
- megállapítani, hogy eddig milyen mutatókkal, indexekkel fejezték ki a borjúelőállító-képességet és kidolgozni egy új indexet e tulajdonság gyakorlati alkalmazására,
- továbbá bemutatni, hogy a kutatások eredményeit hogyan lehet hasznosítani a gyakorlatban.

2. Anyag és módszer

A Szerző saját vizsgálatait két évtizeden át végezte, szinte kizárólag termelőüzemekben: állami gazdaságokban és termelő szervezetekben. A vizsgálatokhoz szükséges adatokat többnyire személyesen, vagy szerzőtársai közreműködésével gyűjtötte, amely sok utazással és kiszállással járt, ugyanakkor rendszeres személyes kapcsolatot tartott fenn a gazdaság vezetőivel, szakembereivel, akik mindig szívesen fogadták. Az adatgyűjtés és feldolgozás papír-alapon történt, ugyanis még nem volt számítógép, lap-top, nem volt internet és mobil telefon sem. A GATE Állattenyésztési Intézetének egyetemi adjunktusaként viszonylag előkelő helyzetben volt, mert a dolgozószobájában volt egy ún. terminál, amely úgy nézett ki, mint egy asztali számítógép, csak nem személyi számítógép volt, hanem az egyetem központi számítógépének kihelyezett munkagépe, amelyen adatokat lehetett bevinni a központi számítógépbe feldolgozás céljából. Persze a feldolgozásért - kutatási pénzből - igénybevétel szerint üzemóra-díjat kellett fizetni. Hozzá kell tenni, hogy ez nem minden oktatónak állt rendelkezésére és a tanszékvezetőnek sem volt akkor még személyi számítógépe, ugyanakkor a ma már gyerekjátéknak tekinthető Commodore számítógép hozzáférhető volt. Mivel nem volt még internet, a szakirodalom követése könyvtárakban volt lehetséges. A kiszállásokat vagy előre igényelt egyetemi gépkocsival, sofőrrel, vagy egyre inkább saját gépkocsival, vagy vonattal kellett lebonyolítani, esetenként egy éjszakás ott-tartózkodással. Még autópályák sem voltak. A mai kutatók el sem tudják képzelni, hogy mennyi időráfordítást igényelt az ilyen kutatómunka!

Vizsgálatai egy részét 1973-79 között a Szikszói Állami Gazdaság (Szikszói ÁG) elődjében (Ongai ÁG) végezte a Szerző, ahol 29 magyar tarka (MT), 30 hereford (HE), 29 magyar tarka x hereford F_1 (MTxHE) és 30 tejelő magyar tarka (25%

jersey +75% magyar tarka, TMTxHE) üsző, ill. tehén szaporasággal összefüggő adatait hasonlította össze azonos, extenzív tartási feltételek mellett. Az összesített adatokat több táblázatban foglalta össze. A vizsgált adatok kiterjedtek az ellések számára, az ellés lefolyására, az első ellési életkorra, az ellések közötti időtartamra és a tehénkiesésekre, selejtezésre. Az egyes tulajdonságok értékelésekor a csoport-átlag, variációs hányados és szignifikancia értékek megállapítására került sor, amelyek a további vizsgálatok során is szerepeltek.

A Szigetvári Állami Gazdaság (Szigetvári ÁG) tejtermelő ágazatában *Horn Artúr* akadémikus és kutatócsoportja irányításával a magyar tarka (MT) tehénállományra alapozva fajtaátalakító keresztezés folyt, részben hungarofríz (25% jersey, 75% holstein-fríz, HF), részben holstein-fríz állomány kialakítása céljából, amely utóbbi akkor magyar tarka x holstein-fríz F_1 tehenekből állt. Ugyanakkor a tejelő tehénállományra alapozva keresztezett húsmarha populáció kialakítására is sor került, így rendkívül változatos anyai és apai genotípusok szaporasági mutatóinak vizsgálatára nyílt lehetőség 1975-78 között.

A Magyar Tudományos Akadémia Martonvásári Kísérleti Gazdaságában (Martonvásári KG) ugyancsak nem mindennapi lehetőség nyílt máshol nem található genotípusú anyatehén állományok összehasonlító vizsgálatára 1982-87-ben. A 300 tehénből álló magyar tarka tehénállományt hereford és magyar szürke apákkal párosítva alakították ki a kétféle F_1 tehénállományt. A keresztezett nőivarú állományt különféle apai fajtákkal párosították, így igen változatos genetikai összetételű utódok születtek. A következő genotípusú állományok alakultak ki, amelyeknek adatai éveken át kerültek gyűjtésre, majd értékelésre: magyar tarka x hereford F_1 (MTxHE F_1), magyar tarka x magyar szürke F_1 (MTxMSZ F_1), magyar tarka x hereford x charolais, (MTxHExCH), magyar tarka x magyar szürke x charolais (MTxMSZxCH). Az üszőket különböző apai fajtákkal párosították: charolais (CH), blonde d'Aquitaine (BL) és magyar tarka (MT). A keresztezett csoportok születési, választási és 365 napos súlya, tenyésztésbe vételi adatai, majd a második ellésig követhető értékmérői kerültek vizsgálatra.

A Szikszói ÁG charolais tenyészetében a fajtatiszta és keresztezett gulyák értékmérő tulajdonságait vizsgálta a Szerző és munkatársai az 1980-89-es években, azonos tartási feltételek mellett.

Újabb, eddig még nem vizsgált genotípusok anyai teljesítményének összehasonlítására kerülhetett sor a Gyúrói Egyetértés Mezőgazdasági Termelőszövetkezetben (Gyúrói Tsz), az 1982-91 közötti években, ahol közel azonos tartási körülmények között fajtatiszta magyar tarka (MT), fajtatiszta limousin (LIM), és a két fajta keresztezéséből származó F_1 tehénállomány (MTxLIM) képezte a vizsgálatok alapját (összesen 858 adat). A gazdaságban két ellési időszakban zajlottak az ellések (tavasz és őszi). A vemhesülési arány a várakozások szerint alakult, az első ellési életkorban 6%-os fölény mutatkozott a keresztezett állomány javára, míg a *service period*-ban ez +19% volt. A tavaszi és az őszi ellések aránya 36:64 volt, és a tavaszi ellésű borjak teljesítménye volt kedvezőbb mindkét fajtatiszta állományban. Itt kell megjegyezni, hogy a Francia Limousin Törzskönyv (*Herd Book Limousin*) alapításának 100 éves évfordulójának megünneplésén (1986) a Szerző meghívott VIP vendégként vett részt Limoges-ban.

Kisebb egyedszámú tehénállomány és szaporulata vizsgálatára nyílt lehetőség 1987-90-ben az Adonyi Március 21. Mezőgazdasági Termelőszövetkezet (Adonyi

Tsz) területén, ahová 44 importból származó aberdeen angus üsző került, egy részük már vemhesen. A különböző korban vemhesült üszők ellését a gazdaság igyekezett szezonális tavaszi ellésre átállítani, így az első ellési életkor és az első ellésből származó borjak teljesítmény-adatai nem voltak értékelhetők, ugyanakkor a további, már szezonális ellések adatai mutatták, hogy a tehenek gyorsan vemhesültek az előző ellést követően, majd a további ellések közti időben (354-388 nap) konszolidálódott az állomány (relatív szórás: 8,7 - 16,7%). A borjak születési súlya 31-37 kg között mozgott, az első ellés lefolyása 91%-ban, míg a többi ellés közel 100%-ban volt könnyű. A tehenek korával párhuzamosan emelkedett a borjak választási súlya, és a súlygyarapodás megközelítette az 1100 g/nap értéket, amely vetekszik a Szikszói ÁG-ban tapasztalt teljesítmény-adatokkal a charolais fajtában.

A legszélesebb genetikai változatosságot mutató keresztezett húsmarha populáció adatainak feldolgozásával és értékelésével volt alkalma a Szerzőnek foglalkoznia 1988-ban az USA-beli MARC kutatóintézetben vendégkutatóként töltött tanulmányútja során. Meg kell jegyezni, hogy addigi kutatói pályája során első ízben adatott meg a Szerzőnek, hogy a vendégkutatói szobájában egy személyi számítógép állt rendelkezésére az adatok feldolgozásához. A tehenek fajtája hereford x angus F₁ (HA) állomány volt, amelyben hol hereford volt a termékenyített tehén, hol pedig angus. Ezt a keresztezett tehénállományt, jersey, south devon, szimentáli, limousin, charolais, red poll, brown swiss, gelbvieh, maine anjou, chianina, tarantaise, sahiwal és brahman (a két utóbbi zebu vérségű fajta) apaállatok spermájával termékenyítették, így alakultak ki igen változatos genetikai összetételű, de egymástól elkülönítetten tartott és a genetikai háttér szempontjából ellenőrzött kísérleti csoportok (1. táblázat).

1. táblázat: **Eltérő genotípusú hústehén csoportok párosítása egyes apai fajtákkal (MARC, 1989)**

Tehenek genotípusa(1)	Apaállat genotípusa(2)
hereford x angus, HA	brown swiss, B
jersey x HA, Jx	
south devon x HA, Sx	
szimentáli x HA, Sx	
limousin x HA, Lx x	
charolais x HA, Cx	
red poll x HA, Rpx	szimentáli, S
brown swiss x HA, Bx	
gelbvieh x HA, Gx	
maine anjou x HA, Mx	
chianina x HA, Cix	
tarantaise x HA, Tx	
sahiwal x HA, Swx	
brahman x HA, Bmx	

Table 1: Beef cow groups of different genotypes mated by some paternal breeds (MARC, 1989) genotype of cows (1), genotype of sires (2)

A tehenek 50%-ban hordozták a 14 apai fajta génarányát, míg a másik 50% a HA génarányt. E csoportok egy részét brown swiss (1. ciklus), más részét, szimentáli apaállatok spermájával termékenyítették (2. és 3. ciklus). A vizsgálatban az eltérő genotípusú tehenek borjainak választás utáni növekedésének, takarmány hasznosításának és hizlalás végi teljesítményének megállapítása szerepelt, korszerű statisztikai elemző módszerek alkalmazásával (*Harvey's mixed model*). Meg kell jegyezni, hogy amerikai igények szerint a bikaborjakat kasztrálták, így a hizlalásban növendék bikák helyett tinók vettek részt. A három időszakra (ciklus) vonatkozó vizsgálatok 1386 tinó- és 1418 üsző-utód adataira terjedtek ki és a borjak 3 fajtájú keresztezettek voltak.

Az eddig vizsgált tulajdonságok és azok alakulása az eltérő genotípusokban arra készítette a Szerzőt, hogy a korábban megismert értékelő módszerek, indexek kipróbálásának tapasztalatait felhasználva kidolgozzon egy új indexet a hústermelő nővonal egyedeinek minősítésére. Erre a célra szolgál a hústermelő nővonal (anyatehén) produktivitását (P) kifejező képlet:

$$P = \frac{\text{borjú 205 napos testsúlya (kg)} \times R}{\text{anya korrigált metabolikus testsúlya (kg)}} \times 100$$

(Ahol: R = a választási testsúly ismétlődhetőségi mutatója a tehén borjainak számától (n) függően (*Warwick és Legates, 1979, BIF, 1986*).

A 205 napra korrigált választási testsúlyt csak a 150-250 nap közötti választási korú borjakra lehet alkalmazni, s ha több borja van a tehénnek, akkor a 205 napos testsúly számtani átlagával kell számolni. A tehén korrigált testsúlya attól függ, hogy első ellésről, vagy többedik ellésről van szó, amelyhez korrekciós segéd táblázat áll rendelkezésre. Az az üsző, amely 24 hónapos korra ellett, a mérlegelt testsúlyt kapja, ugyanakkor minden egy hónappal további első ellési életkorú tehén 30 kg többlettel terhelődik és a 36 hónapos első ellési életkortól ez a terhelés 40 kg-ra emelkedik. A 2. és további ellésű tehenek testsúly-korrekciója a tehenek ellési életkorától és a leválasztott borjak számától függ úgy, hogy ± 50 kg testsúllyal terhelődik, vagy csökken a mérlegelt testsúly az amerikai NRC (*National Research Council, Nemzeti Kutatási Tanács*) szerint a tehenek testsúly-változásával együtt járó takarmány- és energiaszükségletet legjobban a metabolikus testsúly fejezi ki, amely a mindenkori testsúly 0,75 hatványra emelésével ($W^{0.75}$) mutatható ki. Így a tehén korrigált testsúlyát metabolikus testsúllyra átszámítva fejezhetjük ki legjobban az anyatehén termelőképességének, ill. borjúelőállító-képességének hatékonyságát. A kérdéses tehén ezen adatait a disszertációban található segéd táblázatok segítségével lehet a képletben szerepeltetni. A produktivitást kifejező képletben az elsőborjas tehenek %-os eredményéhez + 40%-ot hozzá kell adni, vagyis a törtet 100 helyett 140-nel kell szorozni.

A P-érték alapján a tehenek értékelése, osztályba sorolása az alábbiak szerint történik:

minimum 160%	rekorder	(recorder)
135 – 159%	kitűnő	(outstanding)
115 – 134%	igen jó	(very good)
100 – 114%	jó	(good)
85 – 99%	közepes	(medium)
maximum 84%	gyenge	(weak)

3. Eredmények és megbeszélés

A szikszói eredmények szerint legkorábban a MT üszők ellettek le (25 hónapos kor), és legkésőbbben a HE üszők (29 hónap), amely különbség szignifikáns volt. Ez ellentétes a szakirodalmi adatokkal, miszerint a hereford-ot relatív koraérőnek, és a szimentáli eredetű magyar tarka teheneket későbbben érőnek tartják. Meg kell jegyezni, hogy az USA-ból és Angliából importált vegyes korú nőivarú állományok teljesítményét még az akklimatizációs nehézségek is terhelték. Ugyanakkor a két éves kor körül leellett MT tehenek csoportja a legalacsonyabb újravemhesülést és ellést (72%) mutatták, és a nehézellések aránya is magas volt (19%), aminek köszönhetően a termelésben maradó és újravemhesülő tehenek száma lényegesen csökkent (-28%). Az átlagos ellések közötti időszak is a magyar tarka teheneknél volt szignifikánsan a legmagasabb (500 nap). Az ellési időköz szempontjából legjobb eredményt mutató TMTxHE csoportban (429 nap) azonos vizsgálati időszak alatt 2 tehén 5-ször is ellett, míg a többi csoportban legfeljebb csak 4 ellésig maradtak tenyésztésben a tehenek. A 400 napon belül ellett tehenek aránya is fontos: TMTxHE 58%, MTxHE 52%, MT 41% és HE 34%. A nőivarú állomány szaporasági mutatóin túl vizsgálatra került a borjak testsúlyának alakulása, amelynek során megállapításra került, hogy a születési testsúlyban nem volt szignifikáns különbség (30-32 kg). A tényleges és a 205 napra korrigált választási testsúlyban a legjobb teljesítményt a MT (193, ill. 202 kg), míg a leggyengébb eredményt szignifikánsan a HE csoport mutatta (169, ill. 167 kg). Ha összegezzük a genetikai csoportonként leválasztott borjak súlyát (leválasztott borjak száma x átlagos választási súly, vagy 205 napra korrigált súly), akkor a következő eredményekre jutunk. Ha a magyar tarka csoport teljesítményét 100%-nak tekintjük, akkor a csoportonkénti összes választási súly szerinti eredmény a következő volt: HE 94, MTxHE 114, TMTxHE 144, és a 205 napra korrigált testsúlyban, ugyanebben a sorrendben: 89, 114, 143, amely alig különbözik az előző sorrendtől! Ez az eredmény már a heterózis hatás okozta különbséget tükrözi, vagyis a keresztezett állományok a fajtatiszta jobbik szülő (MT) teljesítményét múlták felül 14, ill. 43-44%-kal! A vizsgálatok egyebek mellett kiterjedtek ugyanezen állományok ellésének lefolyására a párosításra használt apai genotípusok szerint. A hereford apák (143 ellés) után a könnyű ellések aránya 94%, a halvaszületéseké 7% volt. A charolais apák után (71 ellés) ugyanezen adatok 85, ill. 3%, és a limousin apák után (64 ellés) a könnyű ellések aránya csak 72% volt, de nem fordult elő halvaszületés (Keleméri és Horn, 1980, Keleméri és mtsai, 1981).

A Szigetvári ÁG-ban végzett vizsgálatokban a nehézellések, halvaszületések és tehénselejtezések adatainak (6142 ellés) feldolgozása alapján megállapításra került, hogy a nehézellések aránya az első ellések során 14%, a tehenekben csak 8% volt. Üszőkben a hústípusú apaállattal (hereford, HE, hereford x limousin F₁, HExLIM) történt párosításkor 20% volt a nehézellések előfordulása, és ez szignifikánsan különbözött a többi csoporttól, míg a tejelő fajtájú apák (magyar tarka, MT, jersey x holstein fríz F₁, JHO, holstein fríz, HO, hungarofríz x holstein fríz, HFHO) csak 12%-ban voltak felelősek az ellési nehézségekért. A tehenektől származó ellések lefolyásában nem játszott szerepet az apaállatok genotípusa. A halvaszületések aránya 1-4% között mozgott, amelyben a hereford apaállatok 4% borjúkiesésért voltak felelősek. Ugyanezen állományon a termékenyítési index

és a service period vizsgálatokor a következő eredményre jutottunk. az ellés utáni fogamzás ideje kedvezően alakult (88,7 nap), de egyes genetikai csoportok (TMB, TMT x LIM) 100 nap feletti értéket mutattak (*Keleméri és mtsai*, 1981).

A Martonvásári KG-ból több táblázatban szereplő adatok összegzéseként megállapítható, hogy az első ellési életkor 710-730 nap között mozgott, a születési testsúly 35-41 kg közötti, az első ellések 94-95%-ban könnyen zajlottak, kivéve a MTxHE F₁ és a MTxMSZxCH genotípusú üszöket (53, ill. 67%). A 205 napra korrigált testsúly 205-215 kg, és a hasznosult szaporulat 59-94% közötti értéket mutatott, ugyanakkor a MTxHE F₁ és a MTxMSZ F₁ csoportok között szignifikáns különbség volt a 205 napos kori testsúlyban a MTxMSZ F₁ javára, 10 kg-os fölényrel. A MTxHExCH genotípus hasznosult borjúszaporulata kirívóan alacsony volt (59%!). A további ellések vizsgálatokor megállapítható volt, hogy a két ellés közötti idő 10-17 nappal meghaladta a 365 napot, az ellések minden csoportban könnyen zajlottak, a születési testsúly szignifikánsan magasabb volt (44 kg) a MTxHExCH csoportban, míg a 205 napos választási testsúly meghaladta a 200 kg-ot, kivéve a MTxMSZxCH (189 kg) csoportot.

A szikszói charolais tenyészetben a választási súly a legtöbb csoportban meghaladta a 200 kg-ot, a 205 napra korrigált súly pedig a 210 kg-ot, de a súlygyarapodás egy csoportban sem haladta meg az 1100 g-ot, amely alatta maradt a fajtától várható szintnek. A keresztezett borjak (MTxCH F₁) ezen a téren magasabb

2. táblázat: Fajtatiszta és keresztezett charolais borjak választási adatai, Szikszói ÁG

Tulajdonság (1)	Bikaborjak (2)			Üszőborjak (3)		
	CH	CHx	Relatív (4) különbség,% CH= 100%	CH	CHx	Relatív (4) különbség,% CH= 100%
Egyedszám (5)	46	233		228	438	
Születési súly, kg (6) $\bar{x}$ cv	38 17	32 19	84	36 20	31 18	86
Választási kor, nap (7) $\bar{x}$ cv	197 15	208 13	106	197 12	208 13	106
Választási súly, kg (8) $\bar{x}$ cv	199 22	220 17	111	212 11	226 12	107
Súlygyarapodás, g/nap (9) $\bar{x}$ cv	1043 15	1067 19	102	1088 12	1091 12	100
205 napos súly, kg (10) $\bar{x}$ cv	214 15	219 15	102	222 11	224 12	101

CH = fajtatiszta charolais (11); CHx = magyar tarka x charolais F₁ (12)

Table 3: Weaning weight data of purebred and crossbred Charolais calves (Szikszó State Farm) traits (1); bull calves (2); heifer calves (3); relative difference (%) compared to purebred Charolais (4); number (5); birth weight, kg (6); weaning age, day (7); weaning weight, kg (8); weaning gain, g/day (9); 205 day weaning weight, kg (10); CH = purebred Charolais (11); CHx = Hungarian Simmental x Charolais F₁ (12)

teljesítményt mutattak, a különbség azonban nem volt szignifikáns. A hizlalásra került fajtatiszta és keresztezett bikaborjak 3 éven át vizsgált adataiban (1984-86) a keresztezettek választási testsúlya szignifikánsan magasabb volt és a születési súly figyelembe vétele nélküli (bruttó), és a születési súly levonásával számított (nettó) súlygyarapodás alapján 14-17% szignifikáns különbség mutatkozott a keresztezett borjak javára (3. Táblázat).

A vizsgálatok kiterjedtek az ismert apaságú leányivadékok teljesítményének értékelésére is (L-ITV) úgy, hogy vérvétel útján az Állatorvostudományi Egyetem vércsoport laboratóriuma igazolta az utódok származását. Az értékelésbe vont összes választási adat száma 2067, az L-ITV-be vont üszőborjak száma 478, és az L-ITV-ben vizsgált apaállatok száma 67 volt. A feldolgozott és értékelt adatok alapján a 205 napos testsúlyban szignifikáns különbség mutatkozott a keresztezett üszők javára (+10 kg), ugyanakkor a 365 napra korrigált testsúlyban nem volt szignifikáns eltérés a fajtatiszta és keresztezett üszőivadékok között. Az első ellési életkorban szignifikánsan kedvezőbb volt a keresztezett üszők eredménye 41 nappal, és a két ellés közötti idő is a keresztezett üszőknél volt kedvezőbb. Rangsor felállítására került sor a tenyészbikák között a leányivadékaik teljesítménye alapján.

Regressziós összefüggés-vizsgálatokat is végzett a Szerző az üszőkori teljesítmény és a későbbi, tehénkori paraméterek között (3. táblázat). A fajtatiszta charolais üszők 205 napos testsúlya és egyéves-kori testsúlya között $r = 0,18$ értékű, a 205 napos testsúly és az első ellési életkor között $r = -0,33$ értékű szignifikáns fenotípusos összefüggés, az éves-kori testsúly és a második ellésből származó borjak 205 napos testsúlya között $r_g = -0,33$ értékű genetikai, az éves-kori testsúly és a tehén két ellés közötti ideje között $r = -0,24$ értékű fenotípusos összefüggés volt megállapítható. A regressziós vizsgálatok eredményei még jobban követhetők az összefüggések koordinációs ábráin, miszerint szoros szignifikáns negatív genetikai korreláció mutatkozott a tehén üszőkori 205 napos testsúlya és a hasznosult borjúszaporulat között ($r_g = -0,58$), A keresztezett állományban a 205 napos testsúly és az éves-kori testsúly között ($r = 0,31$), valamint az éves-kori testsúly és az első ellési életkor között $r = -0,24$ értékű szignifikáns fenotípusos összefüggés volt kimutatható. A vizsgálatokból levonható következtetések szerint a 205 napos-kori testsúly és az éves-kori testsúly között laza pozitív összefüggés van mindkét genotípusban. Így a 205 napos választási és éves-kori súly növekedésével csak kis mértékben lehet számítani az első ellési életkor csökkenésére, ugyanakkor azonban ez a hasznosult szaporulat jelentős visszaesésével jár.

A tenyésztésben használt apaállatok közötti genetikai hasonlóságot clusteranalízis segítségével sikerült kimutatni, amelynek eredményeként 4 apai csoport volt elkülöníthető.

Az USA-ban végzett kutatások szerint a tinók választás utáni induló testsúlyára, átlagos testsúlygyarapodására és befejező testsúlyára szignifikáns hatással volt az anya apai genotípusa keresztezve az anya anyai fajtájával. A nagymamák genotípus-csoportok átlagát tekintve a hereford nagymamától származó tinók 2 kg-mal nagyobb súllyal kezdték a hizlalást, 48 g/nappal jobban gyarapodtak és a hizlalás végén 10 kg-mal voltak súlyosabbak, mint az angus nagymamától származó utódok ($P = 1\%$). A hereford anyai nagymamával rendelkező üszőborjak 26 g/nap súlygyarapodással és 5 kg befejező súllyal mutattak jobb teljesítményt, mint az

3. táblázat: Összefüggés-vizsgálatok eredményei a tisztavérű és keresztezett charolais üszők egyes értékmerői között, Szikszói ÁG

Üszőkori testsúly-adatok (1)	Genotípus (2)	Éves-korrig. testsúly, kg (3)	Tehénkori teljesítmény(4)			
			Első ellési életkor, nap (5)	Első ellésű üsző 205 n. testsúlya, kg (6)	Második ellésű borjú 205 n. test-súlya, kg (7)	Két ellés közti idő, nap (8)
205 napos korrigált testsúly, kg (6)	CH	$r = 0,18$ $n = 169$	$r = -0,33^{++}$ $n = 151$	$r_g = 0,07$ $n = 122$	$r_g = 0,13$ $n = 98$	$r = 0,10$ $n = 125$
	CHx	$r = 0,31^{++}$ $n = 227$	$r = 0,08$ $n = 209$	$r_g = -0,07$ $n = 139$	$r_g = -0,10$ $n = 123$	$r = 0,06$ $n = 146$
Éves korra korrigált testsúly, kg (3)	CH	–	$r = -0,16$ $n = 147$	$r_g = -0,03$ $n = 121$	$r_g = -0,33^{+}$ $n = 95$	$r = -0,24^{+}$ $n = 122$
	CHx	–	$r = -0,24^{+}$ $n = 201$	$r_g = 0,15$ $n = 136$	$r = -0,17$ $n = 118$	$r = 0,16$ $n = 140$

+P = 1%; ++P = 0,1%; CH = fajtatista charolais (9); CHx = magyar tarka x charolais F₁ (10); r = fenotípusos regresszió (11); r_g = genetikai regresszió (12)

Table 3: Correlation data between some performance traits of purebred and crossbred Charolais heifers (Szikszó State Farm)

birth weight data of heifers (1); genotype (2); corrected yearling weight (3); performance data of cow (4); age at first calving, day (5); 205 day weaning weight of first calved heifers, kg (6); 205 day weaning weight of calf from second calving, kg (7); days between two calvings (8); CH = purebred Charolais (9); CHx = Hungarian Simmental x Charolais F₁ (10); r = phenotypic regression (11); r_g = genetic regression (12)

angus anyai nagyanyával rendelkező tinók, amely a hereford és angus nagyanyák utódai közötti additív genetikai hatásnak, a kedvező nagyanyai hatásnak és a heterózis hatásnak tudható be. A nagyapai hatás szignifikáns különbséget mutatott a korrigált induló és befejező testtömegre és súlygyarapodásra az üszőkben és tinókban egyaránt. A testtömeg-gyarapodásban igen jól szerepeltek a south devon, tarantaise és pinzgauai genetikai háttérű tinók, míg takarmányhasznosításban a 0-220 nap közötti hízalási időszakban a hereford x angus, charolais, limousin és szimentáli keresztezett tinók bizonyultak szignifikánsan a legjobbaknak. Meghatározott testsúly-határok között (300-500 kg) is hasonló volt az eredmény a takarmányhasznosításban. Meg kell jegyezni, hogy e cikkben nem szerepelnek a Magyarországon nem használt és ezért kevésbé ismert genotípusú csoportok (pl. red poll, brown swiss, zebu vérségűek, stb.) eredményei.

4. Az eredményekből levonható következtetések

1. Több helyszínen (Szikszó, Szigetvár, Martonvásár, Gyúró, Adony, Nebraska, USA) számos húsmarhafajtára, ill. keresztezési kombinációra vonatkoztatva több éven át és több ellési ciklus nyomon követésével adatokat szolgáltatott a Szerző az anyatehenek szaporasági, borjúnevelési és választási teljesítményének megítéléséhez. Kutatómunkájával hozzájárult a hústehenek borjúelőállító-képessége fenotípusos és genotípusos variációjának feltárásához.

2. Vizsgálatai során megállapította, hogy egyes anyatehén-csoportok, vagy fajták anyai teljesítményének értékelését legalább 3 év, vagy 2 borjazási időszak összesített eredménye alapján lehet megbízhatóan elvégezni.
3. Kutatásai során kimutatta a két-fajtás keresztezésű F1 tehenek +14%-os és a három-fajtás keresztezésű tehenek +43-44%-os anyai-, ill. +18-20%-os és 49-51%-os kumulatív, ill. típus heterózis hatását.
4. Az amerikai Hústermelési Kutatóközpontban (MARC) olyan genotípusokkal és olyan értékelő módszerekkel végzett kutatásokat, amelyekre addig hazai kutatónak nem volt lehetősége. Így kimutatta a nagyanyai és nagyapai genotípus-csoportok utódainak testtömeg-gyarapodására és takarmányhasznosítására vonatkozó additív genetikai, nagyanyai és nagyapai heterózis hatásokat.
5. Nagyszámú apaállatra és leány-ivadékára kiterjedően üzemi ivadékvizsgálatokat (L-ITV) végzett, amelyek során regressziós összefüggés-elemzést végzett az egyes tulajdonságok között, és az apaállatok származását cluster-analízissel is kiegészítette. Ennek eredményei az apaállatok kiválasztásakor fontosak.
6. Kutatási tapasztalataira és a korábban publikált értékelő módszerekre alapozva kidolgozott egy olyan indexet, amely genotípustól függetlenül komplex módon használható a hústermelő nővonal produktivitásának kifejezésére. Ennek bemutatására gazdag kutatói tapasztalata alapján gyakorlati példákat idézett.

5. Köszönetnyilvánítás

E helyen köszönöm meg és vagyok hálás néhai *Horn Artúr* akadémikusnak, aki már egyetemi hallgatóként is sugárzó egyéniségével nagy hatással volt rám, és az Állatorvostudományi Egyetemen tanszékvezető főnökömként nem csak szakmai irányításával, hanem atyai segítségével is támogatta kezdő kutatóként munkámat.

Ugyancsak köszönetemet és hálámat fejezem ki néhai *Dohy János* akadémikusnak, kezdetben témavezető tanáromnak, majd a Gödöllői Agrártudományi Egyetemen tanszékvezető főnökömnek, hogy oktató-kutatómunkámat támogatta, barátjának tekintett és a legfőbb kutatási tevékenységemet összefoglaló disszertációmról messzemenően pozitívan nyilatkozott.

Végül, de nem utolsó sorban a legnagyobb segítséget és támogatást szeretett *Feleségemtől, Mártától* kaptam, aki nemcsak az oktatói-kutatói munkám során, de egész pályámon és eddigi életemben mellettem állt, kitartott mellettem, és ez így van ma is, több mint 50 éves házasságunk idején.

6. Felhasznált irodalom

- BIF guidelines for uniform beef improvement programs* (1986): Beef Improvement Federation, USA.
- Bíró I. – Csomós Z. (szerk.)* (1986): Hasznos tapasztalatok a húsmarhatartásban. Mezőgazdasági Kiadó, 152.
- Bodó I. – Dohy J. – Hajas P. – Keleméri G.* (1985): Húsmarhatenyésztés. Mezőgazdasági Kiadó, 350.
- Bozó, S. – Dunay, A. – Rada, K. – Zéman, Z.* (1987): A tejtermelő x hereford keresztezés egymást követő generációinak termelési eredményei. Állattenyésztés és Takarmányozás, 36. 221–226.
- Cserekajev, A. V.* (1978): Szakosított húsmarhatenyésztés. Mezőgazdasági Kiadó, 182.
- Cundiff, L. V. – Gregory, K. E.* (1977): Beef Cattle Breeding. USDA Agriculture Information Bulletin. No. 286. A.R.S. 76.

- Dohy, J. – Dunay, A. (1976):* A húsirányú specializáció lehetőségei és problémái a szarvasmarhatenyésztésben. Húsipar. 3.
- Guba, S. (1985):* A szarvasmarha tenyésztése. Mezőgazdasági Kiadó, 450.
- Hamza, L. (1978):* Egyszerű módszer a húshasznú üszők ivadékteljesítmény-vizsgálatára. Magyar Mezőgazdaság, 33. 15.
- Holló, I. (1985):* Az ivari koraérést befolyásoló külső tényezők és ezek szerepe az üszőelőhasznosításban. Kandidátusi értekezés. Kaposvár.
- Horn A. (1968):* Állatpopulációk integrált értékelése az állati termék előállítás gazdaságosabbá tétele érdekében. Agrártudományi Közlemények, 27. 355–369.
- Horn, A. – Keserű, J. – Szentmihályi S. (szerk.) (1982):* Állattenyésztésünk fejlesztésének lehetőségei. Mezőgazdasági Kiadó, 291.
- Horn A. (1981):* Die Nutzung des Heterosiseffektes in der Fleischrinderzucht. Internationales Symposium, K.M.U. Leipzig.
- Horn A. – Dunay A. – Bozó S. – Rada K. – Deák M. – Gombácsi P. (1983):* Tejelő x hereford /F1/, illetve R1 anyatehenek teljesítménye különböző apai genotípusok függvényében. Állattenyésztés és Takarmányozás, 32. 229–309.
- Horn P. (1982):* A heterózis típusai és a hasznosítás lehetőségei a hústermelésben. Állattenyésztés és Takarmányozás, 31. 9–17.
- Keleméri G. (1979):* Útjelentés a Nagy-Britanniában és Franciaországban töltött 3 hónapos tanulmányútról. Állatorvostudományi Egyetem, 56.
- Keleméri, G. – Horn, A. (1980):* Comparative study on maternal performance of different suckler cow genotypes. Az EAAP (European Association for Animal Production, Állattenyésztők Európai Szövetsége) 31. kongresszusán elhangzott előadás, München
- Keleméri, G. – Bozó, S. – Dunay, A. – Dohy, J. (1981):* Erhöhung der Reproduktionsleistung von Mutterkuhpopulationen verschiedenen Genotypen in Ungarn. Internationales Symposium, Karl-Marx-Universität, Leipzig, 427–433.
- Keleméri, G. – Cundiff, L. V. – Koch, R. M. – Gregory, K. E. (1989):* Growth and feed efficiency of steers out of F₁ dams representing diverse biological types of cattle. Az EAAP 40. kongresszusán elhangzott előadás, Dublin
- Keleméri G. (1989):* Útjelentés az Amerikai Egyesült Államokban tett 6 hónapos ösztöndíjas tanulmányútról. Gödöllői Agrártudományi Egyetem, 31.
- Keleméri G. (1989):* Húsmarhakutatások az USA Hústermelési Kutatóközpontjában. 1. A genetikai alapok feltárása. GÁV Partner Tájékoztatója, 2. 25–41.
- Keleméri G. (1990):* Húsmarhakutatások az USA Hústermelési Kutatóközpontjában. 2. A genetikai alapok hasznosítása. GÁV Partner Tájékoztatója, 3. 1. 29–35.
- Keleméri, G. – Bodó, I. – Hamza, L. – Szabára, L. (1991):* Data on maternal performance in beef cows. Az EAAP 42. kongresszusán elhangzott előadás, Berlin
- Kilkenny, J. B. (1978):* Reproductive performance of beef cows. World Review of Animal Production. 14. 65–74.
- Laster, D. B. – Glimp, H. A. – Cundiff, L. V. – Gregory, K. E. (1973):* Factors effecting dystocia and effects of dystocia on subsequent reproduction in beef cattle. J. Anim. Sci. 36. 695–705.
- Lush, J. L. (1945):* Animal Breeding Plans. Iowa State Coll. Press, Ames
- Menissier, F. (1984):* Az ellési nehézségek genetikai kiküszöbölése és ennek kapcsolata a marhák hústermelésbeni értékével. Tanácsok, Tapasztalatok, Tudnivalók, KSZKV, Kaposvár, 20–45.
- Munkácsi L. (1986):* Tenyésztésszervezés a húshasznú szarvasmarha-ágazatban. Állattenyésztés és Takarmányozás, 36. 119–125.
- Nagy, N. (1978):* A húshasznú üszők ivadékteljesítmény-vizsgálati rendszerének szükségessége. Magyar Mezőgazdaság, 33. 16–17.
- Nagy, N. (1986):* Adatok a húshasznú szarvasmarha fajták teljesítményeinek értékeléséhez. Állattenyésztés és Takarmányozás, 35. 305–311.

- Nagy, N. – Keleméri, G. – Szabó, F. – Basa, J. (1985): Combinative crossings in cattle and type heterosis. Az EAAP 36. kongresszusán elhangzott előadás, Thessaloniki
- Nagy N. – Keleméri G. – Kisgergelyné Király A. – Tózsér J. (1988): Charolais tenyészbika-jelöltek üzemi és központi sajátjeljesítmény vizsgálatának eredményei. Vágóállat és Hústermelés, 6. 8–16.
- Nagy, Z-né – Papp, D. – Bárány I. – Becze J. (1983): A kombinatív módszer, mint a folyamatos elletésről a szezonálisra áttérés eszköze a húsmarhatenyésztésben. Állattenyésztés és Takarmányozás, 32. 311–314.
- Preston, T. R. – Willis, M. B. (1974): Intensive beef production. Pergamon Press, Oxford, 567.
- Snapp, R. R. (1956): Beef cattle. John Wiley & Sons Inc., New York, 641.
- Steffler, J. (1981): Különböző genotípusú előhasznosított üszők hústermelésének tapasztalatai. XIV. Állattenyésztési Tud. Napok. 73–76.
- Steffler, J. – Holló, I. – Dér, F. – Golze, M. – Schwark, H. J. (1985): Különböző szarvasmarhafajták alkalmassága az anyatehéntartásra. Tud. Tanácskozás, Kaposvár
- Taylor, R. E. (1984): Beef production and the beef industry, A beef producers perspective. Burgess Publishing Co. Minneapolis, 604.
- Warwick, E. J. – Legates, J. E. (1979): Breeding and improvement of farm animals. McGraw-Hill Book Co., New York. 624.
- Wiltbank, J. N. (1961): Factors affecting net calf crop in beef cattle. J. Anim. Sci. 20. 409.

Érkezett: 2025. január

Szerzők címe: Keleméri, G.*
H-1124 Budapest, Németvölgyi út 69/A
*levelező szerző, e-mail: keypoint252@gmail.com

Néhány tényező hatása a Magyarországon tenyésztett angus tehének első elléskori életkorára

Some effects on the age at first calving in Angus cows bred in Hungary

MÁRTON Judit – BENE Szabolcs – SZABÓ Ferenc

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők a Magyarországon tenyésztett angus tehének első elléskori életkorát (EEK) vizsgálták. Ez a tulajdonság kulcsfontosságú a húsmarhatartás gazdasági fenntarthatósága szempontjából, mivel szoros kapcsolatban áll a hatékonysággal és a jövedelmezőséggel. A tanulmány eredményei alapján a tehén születési éve és évszaka, valamint az apai hatás jelentős mértékben befolyásolja az ivadékok első elléskori életkorát. A 23 éves vizsgálati időszak során nem találtak fenotípusos vagy genetikai változásokat az évek múlásával. Azonban az a tény, hogy a korábbinál magasabb öröklődhetőségi értékeket, valamint a tenyészbikák ivadékcsoportjai között viszonylag nagy különbséget tapasztaltak, arra utal, hogy az angus populációban az első elléskori életkor alapján szelekció lehetséges.

Kulcsszavak: angus, első elléskori életkor, genetikai trend, öröklődhetőség, tenyésztérték

SUMMARY

Objective: The aim of this study was to examine the age at first calving (AFC) in Hungarian Angus herds for its population genetic parameters, heritability, breeding values, phenotypic and genetic trends.

Methods: The study was conducted on the basis of data from 2,955 registered cows, born between 1998 and 2021, classified into five groups based on different Angus types, and 200 breeding bulls (sires of the cows). A general linear model (univariate analysis of variance) was used to examine various effects on AFC. Population genetic parameters and breeding values were estimated using the best linear unbiased prediction (BLUP) method, and linear regression analysis was applied to calculate phenotypic and genetic trends.

Results: The average AFC obtained was 28.1 ± 0.1 months (standard deviation = 5.3 months), showing a relatively large variance (CV = 18.9%). The environmental factors that influenced the development of the phenotype were the cow's birth season (28.99%, $p < 0.01$), cow's birth year (28.7%, $p < 0.01$), the cow's sire (18.32%, $p < 0.01$), the herd (11.77, $p < 0.05$). The cow's colour variant (8.10%, $p > 0.05$) was not significant and did not influence the AFC in this study. The direct heritability of AFC ($h^2 = 0.51 \pm 0.06$) was higher than data in the literature (0.38 ± 0.05); however, the maternal heritability was low ($h^2_m = 0.00 \pm 0.03$). The correlation between direct and maternal genetic effects was strong and negative ($r_{dm} = -0.97 \pm 1.00$). The phenotypic trend of AFC increased by +0.03 months per year, which was not statistically significant. The genetic trend calculation showed no significant changes.

Conclusions: The AFC in Angus cows is strongly influenced by the calving cycle, emphasizing the importance of selecting an appropriate season for calving. The relatively high heritability of AFC and herd differences suggests potential for genetic improvement through targeted breeding programs. Incorporating AFC as a specific selection criterion, alongside traits like reproductive efficiency or longevity, could enhance breeding strategies. Environmental factors and international cooperation may further support improvements in through genetic selection and husbandry technologies.

Keywords: Angus, age at first calving, genetic trend, heritability, breeding value

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

A húsmarha állományok jövedelmezőségét és fenntarthatóságát a tehének első elléskori életkora (EEK) jelentősen befolyásolja, mivel közvetlen hatással van a tehén reprodukzív és produktív teljesítményére. A húsmarhatartás gazdasági fenntarthatósága szempontjából meghatározó kérdés a reprodukciós teljesítmény. *Pulina és mtsai* (2021) tanulmánya alapján a marhahús ágazat legfőbb korlátja a kedvezőtlen szaporulat, az élősúlyonkénti viszonylag kis húskibocsátás, a jelentősen alacsonyabb termelékenység, hosszabb termelési ciklus a többi állatfajhoz képest. Az ellési időszakban korábban ellő üszők megközelítőleg eggyel több borjút adnak életük folyamán, a később ellő társaiknál. A tehéntartás és borjúnevelés jövedelmezőségét is jelentősen befolyásolja a hasznos élettartam és az első elléskori idő (*Damiran és mtsai*, 2018). Az EEK nem csupán a környezeti adottságoktól, biológiai tényezőktől, genetikai háttértől függ, hanem sok esetben a vezetői döntéstől is, amely figyelembe veszi a gazdasági hatékonyságot és a hosszú távú termelési célokat is. Befolyásolhatja a tenyésztők azon aggodalma is, hogy az korábbi EEK növelheti az ellési nehézségek kockázatát, valamint csökkentheti az újra vemhesülés sikerességét, ennél fogva kedvezőtlen hatással lehet a tehén későbbi teljesítményére (*Short és mtsai*, 1994; *Hickson és mtsai*, 2010).

López-Parades és mtsai (2018) blonde d'aquitaine tehének vizsgálata folyamán megállapította, hogy az EEK 3 évről 2 évre való csökkentése a takarmányozási költség -21,24 USD/év, a termelési költség -26,52 USD/év mérséklését és levágott borjanként +25,80 USD/év extraprofitot eredményez a tehén hasznos élettartama alatt. A korai EEK (22-24 hónap) jelentős előnyökkel jár a húsmarhatenyésztésben, gyorsabb megtérülést biztosíthat, növelheti a borjak és a megtermelt hús mennyiségét, csökkentheti a tehének selejtezési, pótlási arányát. Ha az EEK 24 hónap vagy annál rövidebb volt, akkor 0,7 borjúval többet választottak le a tehének 6,5 éves korára a 36 hónapos korra leellő üszőkkel szemben. A korábban ellő üszők a negyedik életévük végére 36,15 dollár, a tehén teljes élettartamára vonatkoztatva 500 USD/tehén nyereséget értek el (*Day és Nogueira*, 2013).

A megfelelő takarmányozás és a genetikai szelekció kulcsfontosságú tényezők az EEK optimalizálásában, különösen a mérsékelt éghajlatú régiókban. Az *Irish Cattle Breeding Federation* (ICBF) és a *The Agriculture and Food Development Authority* (Teagasc) adatai alapján az EEK 36 hónapról 24 hónapra történő csökkentésével kisebb (-12%) karbon lábnyom 11,2 kg CO₂ eq/kg élősúly (24 hónapos EEK); 12,7 kg CO₂ eq/kg élősúly (36 hónapos EEK); így 114 €/tehén/év megtakarítás érhető el. *Moorey és Biase* (2020) az USDA, az Agriculture Marketing Service adatait vizsgálva, az Amerikai Egyesült Államokban 1,6 millió üsző ellése 23-27 hónapos kor után 210 millió dolláros veszteséget jelent a marhahús termelőknek, a marhahúságazatnak a késői tenyésztésbe vétel következményeként.

A maximális termelékenységi hatékonyság komplikációmentes 2 éves korra történő ellés, 5% alatti a borjú elhullás és 365 napos kétellés közötti idővel érhető el. Nagy-Britanniából származó adatok alapján a húshasznú üszők 8,5%-a ellik a várható 24 hónapos kor előtt (*Gates*, 2013). *Cushman és mtsai* (2013) megállapították, hogy a borjazási időszakban korábban ellő üszők hosszabb ideig maradtak az állományban és borjaikat nagyobb össz tömeggel választották le, mint később ellett társaikét. *Hickson és mtsai* (2010) szerint az üszők EEK-ának 3 éves korról

2 éves korra történő csökkentése nagymértékben növeli a termékenységet, és a 2 éves üszöktől leválasztott borjak számát.

Az EEK és a többi reprodukciós tulajdonság kapcsolatáról számos adat áll rendelkezésre, sokrétű és gyakran egymásnak ellentmondó információval. *Twomey és Cromie* (2023) szerint az EEK nem befolyásolja a tehének teljesítményét az ellési időköz, az élettartam, az ellési nehézség és az elválasztási súly tekintetében. Az EEK és a második-harmadik ellés közötti idő +0,40 értékű genetikai korrelációja arra utal, hogy az üszők EEK szelekciója csökkenti az ellések közt eltelt időt (*Vergara és mtsai*, 2009). *Roughsedge és mtsai* (2005), valamint *Berry és Evans* (2014) negatív genetikai korrelációról számoltak be a nevezett tulajdonságokkal kapcsolatban. *Boligon és mtsai* (2010) az EEK és a választás utáni súlygyarapodás, illetve az éves súly között negatív genetikai korrelációt (–0,29, ill. –0,24) tapasztaltak. Az EEK és összes ellésszám közötti genetikai korreláció rámutatott arra, hogy a korábban ellő üszők életük folyamán több borjút adnak (*Lopez-Parades és mtsai*, 2018).

Magyarországon az angus fajta esetében kevés tulajdonságról rendelkezünk széleskörű populáció genetikai ismeretekkel (1. táblázat). Ezért vizsgálatunk elsődleges célja az EEK-t befolyásoló tényezők meghatározása volt. Emellett vizsgáltuk e tulajdonság öröklődhetőségét, a különböző környezeti tényezők hatását az EEK-ra, az ezzel kapcsolatos fenotípusos és genetikai trendeket, illetve az angus tenyészbikák tenyészértékét (TÉ) is meghatároztuk.

1. táblázat: Az első ellési életkor átlaga és öröklődhetősége a szakirodalomban

Fajta (1)	EEK (hónap) (2)	h^2 (3)	Forrás (4)
ABA, HER	33,12 - 24,96	-	<i>Dákay és mtsai</i> (2006)
RED, SIM	23,79 - 23,81	0,14 - 0,19	<i>Giess és mtsai</i> (2022)
ABA, CHA	24,85 - 35,41	0,17 - 0,23	<i>Brzáková és mtsai</i> (2020)
CRO	30,75	0,31	<i>Berry és Evans</i> (2014)
LIM	33,60	0,18	<i>Zsuppán és mtsai</i> (2010)
LIM	33,90	0,08	<i>Bene és mtsai</i> (2021)
ZEB	34,83	0,46	<i>Magaña és Segura</i> (1997)
NEL	34,71	0,10	<i>Boligon és Albuquerque</i> (2011)
CRO ZEB	44,13	0,37	<i>González-Murray és mtsai</i> (2021)
ABA	24,28	0,28	<i>Bormann és Wilson</i> (2010)

EEK = első ellési életkor (2); h^2 = öröklődhetőség (3); ABA= aberdeen angus (5); SIM = szimentáli (6); CHA = charolais (7); CRO = keresztezett (8); HER = hereford (9); LIM = limousin (10); RED = vörös angus (11); NEL = nellore (12); ZEB = zebu (13)

Table 1: Mean and heritability estimates of age at first calving for beef cows in the literature breed (1); age at first calving (month) (2); h^2 = heritability (3); source (4); ABA = Aberdeen Angus (5); SIM = Simmental (6); CHA = Charolais (7); CRO = crossed (8); HER = Hereford (9); LIM = Limousin (10); RED = Red Angus (11); NEL = Nellore (12); ZEB = Zebu (13)

2. Anyag és módszer

2.1. Az adatbázis

A MHAGTE törzskönyvezési és teljesítményvizsgálati adatai közül az 1998 és 2021 között született tehének EEK-át elemeztük. Az adatbázis 2955 törzskönyvezett angus és magas angus vérhányadú (>75%) tehenet tartalmazott (2. táblázat) öt különböző genetikai csoportban sorolva (Márton és mtsai, 2024). A vizsgált populáció egyedei 2106 angus tehén és 200 fajtatiszta angus tenyészbika ivadékai voltak. Csak az ismert anyai és apai származású egyedeket vontuk be az elemzésbe. Az első ellés időpontjának meghatározásakor csak az élve született borjakat ellő teheneket vettük figyelembe (a vetéléseket és a holt elléseket figyelmen kívül hagytuk). Így összesen 199 kiugró értékű egyedet zártunk ki az értékelésből (19,0 hónap alatti EEK 2 esetben, ill. 46,0 hónapnál nagyobb EEK 179 esetben). Az adatokat a MHAGTE saját fejlesztésű szoftverének (MAGHTE registry) segítségével válogattuk le.

Az EEK a tehén születési dátuma és az első ellés dátuma közötti különbség alapján került meghatározásra.

2. táblázat: A kiinduló adatbázis szerkezete

Kiinduló paraméterek (1)	Felhasznált adatbázis (2)
Vizsgált időszak a tehének születési éve alapján (3)	1998-2021
Állományok száma (4)	5
Tehenek száma (5)	2955
A vizsgált apák száma (tehén apja) (6)	200
A nőivarú ivadékok apankénti minimális száma (7)	5
Egy apára jutó nőivarú ivadékok (tehén) átlagos száma (8)	15,0
A vizsgált anyaállatok száma (tehén anyja) (9)	2106

Table 2: The structure of the initial database

starting parameters (1); used database (2); examined period based on the cows' birth date (3); number of herds (4); number of cows (5); number of the examined sires (sire of cow) (6); minimum number of female progeny per sire (7); the average number of female progeny per sire (8); number of the examined dams (dam of cow) (9)

A genetikai csoportokat származás, színváltozat, méret és típus szerint különböztettük meg: 1. csoport: a kanadai és amerikai típusú vörös angus nagyramájú, modern típus; 2. csoport: hagyományos típusú vörös angus; 3. csoport: hagyományos, kizárólag brit típusú; 4. csoport: hagyományos brit típusú fekete és amerikai importból származó vörös angus; 5. egyéb csoport: a 4 csoportból származó egyedeinek halmaza.

Az adatbázis normalitását Kolgomorov-Smirnov tesztel, a homogenitást Levene tesztel vizsgáltuk. Az adatok előkészítését Microsoft Excel, ill. Word 2021 programokkal végeztük. Az értékelést és a korrelációs mátrix összeállítását az SPSS 27.0 szoftver segítségével hajtottuk végre (IBM, 2024).

2.2. Különböző tényezők hatásainak vizsgálata

Az EEK tulajdonságot befolyásoló különböző genetikai és környezeti tényezők fix és véletlenszerű hatását egyváltozós varianciaanalízissel (General Linear Modell - GLM, Anova Type III) értékeltük (3. táblázat), a BLUP modellel történő futtatás előtt. A modell összeállításakor az apa (a tehén apja) véletlenszerű hatásként, míg a többi vizsgált tényező (állomány, a tehén színváltozata, a tehén születési éve és a tehén születési évszaka) fix hatásként került figyelembe vételre. A becslési modell a következő volt:

$$\hat{y}_{hijkl} = \mu + S_h + F_i + C_j + Y_k + M_l + e_{hijkl}$$

(Ahol $\hat{y}_{hijkl}$ = az EEK becsült értéke „h” apától származó tehén esetében az „i” állományban, „j” színnel, „k” születési évben és „l” születési évszakban; μ = az összes megfigyelés átlaga; S_h = az apa véletlen hatása; F_i = az állomány fix hatása; C_j = a tehén színváltozatának fix hatása; Y_k = a születési év fix hatása; M_l = a születési évszak fix hatása; és e_{hijkl} = hiba.)

2.3. A populációgenetikai paraméterek becslése

A rendelkezésre álló adatbázis lehetővé tette egy egyszerűbb apamodell és egy összetettebb egyedmodell alkalmazását is. A populációgenetikai paraméterek meghatározása ezért GLM módszerrel (Bene és mtsai, 2021) és a BLUP egyedmodell (Best Linear Unbiased Prediction) (Henderson, 1975) használatával történt.

A GLM modell által meghatározott populációgenetikai paraméterek a következők voltak: σ_a^2 = apai (genetikai) variancia; σ_e^2 = hiba (egyéb környezeti) variancia; σ_p^2 = fenotípusos variancia; h^2_d = direkt öröklődhetőség az apai variancia alapján becsülve.

Az öröklődhetőségi értéket (h^2) a genetikai variancia (σ_a^2) és a fenotípusos variancia (σ_p^2) hányadosaként számítottuk ki az alábbi képlet segítségével (Bene és mtsai, 2024):

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

A BLUP modell segítségével létrehoztunk egy adatbázis és egy pedigré mátrixot. A GLM módszerhez viszonyítva a BLUP modell összetettebb, figyelembe veszi az egyes állatok genetikai hatásait (beleértve mind a közvetlen, mind az anyai hatásokat). Ez nagyobb pontosságot eredményez a tenyésztértékek becslésében, különösen a jól öröklődő tulajdonságok esetében. A BLUP ugyanazokat a fix hatásokat tartalmazza, mint a GLM módszer (állomány, valamint a tehén színváltozata, tehén születési éve és évszaka). A BLUP modell tartalmazza a pedigré adatokat (beleértve az apát, az anyát, a teljes és féltestvéreket, valamint a nagyszülőket), lehetővé téve a teljes családfa alapú becslést. Az alkalmazott egyedmodell a következő volt (Szűcs és mtsai, 2021):

$$y = X_b + Z_u + e$$

3. táblázat: A becsléshez alkalmazott modellek

A modell típusa (1)	GLM módszer (2)	BLUP egyedmodell (3)
Véletlen hatások (4)		
- apa (a tehén apja) (5)	+	–
- tehén (állat) (6)	–	+
- anyai genetikai hatás (7)	–	+
Fix hatások (8)		
- állomány (9)	+	+
- a tehén színváltozata (10)	+	+
- a tehén születési éve (11)	+	+
- a tehén születési évszaka (12)	+	+
Származási mátrix (13)		
- egyed (tehén) (14)	–	+
- apa (15)	–	+
- anya (16)	–	+
- teljes testvérek és fél testvérek (17)	–	+
- nagyszülők (18)	–	+
Vizsgált tulajdonság (19)		
- életkor az első elléskor (20)	+	+

+ = a modell tartalmazta ezt a hatást (21); – = a modell nem tartalmazta ezt a hatást (22)

Table 3: The applied models for the estimations

type of model (1); GLM method (2); BLUP animal model (3); random effects (4); sire (sire of the cow) (5); cow (animal) (6); maternal genetic effect (7); fixed effects (8); herd (9); colour variant of the cow (10); birth year of the cow (11); birth season of the cow (12); pedigree matrix (13); animal (cow) (14); sire (15); dam (16); full sibs and half sibs (17); grandparents (18); examined trait (19); age at first calving (20); + = the model included this effect (21); – = the model did not include this effect (22)

(Ahol y = a megfigyelés vektora, b = a fix hatások vektora, u = a véletlen hatások vektora, e = hiba vektor, X = a fix hatások előfordulási mátrixa és Z = az additív genetikai hatások előfordulási mátrixa.)

A populációgenetikai paramétereket az MTDFREML (Boldman és mtsai, 1993) program segítségével, Szőke és Komlósi (2000), valamint Szűcs és mtsai (2021) útmutatása alapján becsültük meg.

2.4. A tenyésztékek becslése

A tenyészbikák tenyésztértékét (TÉ) is megbecsültük az EEK tulajdonság tekintetében, amelyhez a GLM és a BLUP modelleket használtuk.

A GLM módszer az apák közötti genetikai különbségek alapján becsüli a TÉ-et, nem veszi figyelembe az állat saját genetikai vagy az anyai genetikai hatásokat. A TÉ-et a GLM módszerrel két lépésben határoztuk meg. Első lépésben kiszámítottuk, hogy egy adott bika ivadéakai az EEK tekintetében mennyiben különböznek

a más bikák ivadékainak teljesítményétől (EPD - estimated progeny difference), majd az így kapott értéket megszoroztuk kettővel (TÉ = EPD x 2).

$$EPD = (x_{pg} - X_{all})$$

(Ahol EPD = az ivadékcsoportok közötti különbség; x_{pg} = az apa ivadékcsoportjának átlagos teljesítménye, X_{all} = a kortárs ivadékpopuláció átlagos teljesítménye.)

A BLUP modell részletesebben becsüli meg a TÉ-et, figyelembe véve a direkt genetikai és anyai genetikai hatásokat. A BLUP egyedmodell közvetlenül becsüli a TÉ-t.

Munkánk során a TÉ-et mind a 200 tenyészbikára meghatároztuk, de terjedelmi okok miatt csak a 15 legtöbb ivadékkal rendelkező apára vonatkozó mutatjuk be.

2.5. A fenotípusos és genetikai trendek

A fenotípusos trend becslésekor az évenkénti EEK-t átlagoltuk, az átlagértékeket a születési év függvényében ábráztuk és lineáris regressziós elemzéssel meghatároztuk a fenotípusos trend irányát és mértékét. A függő változó (Y) az EEK átlaga, a független változó (X) a tehén születési éve volt. Meghatároztuk a meredekséget (b), a tengelymetszet (a) és az illeszkedés (R^2) értékét is.

Az EKK genetikai trendjét három különböző módon határoztuk meg (*Bene és mtsai, 2024*): az apák GLM alapú TÉ-ének, az apák BLUP alapú TÉ-ének, valamint az azonos évben született teljes populáció BLUP alapú TÉ-ének az átlagos értékéből indultunk ki. A tendencia elemzése során minden évre átlagoltuk az apák és a populáció TÉ-ét. Ezek az éves átlagok a függő változót képezték a regressziós elemzésben, míg a független változó a születési év volt. A fenotípusos trendek értékeléséhez hasonlóan meghatároztuk a regressziós egyenlet tengelymetszetét (a), a meredekséget (b), valamint az illeszkedés mértékét (R^2), valamint meghatároztuk ezek statisztikai megbízhatóságát is.

3. Eredmények és értékelésük

3.1. A környezeti tényezők hatása

Az EEK alapstatisztikai paramétereit a 4. táblázat mutatja be. Az angus tehenek EEK-ának az főátlaga ($\pm$ SE) a vizsgált állományban $28,1 \pm 0,1$ hónap volt. Ez az eredmény 5,02 hónappal kisebb annál, mint a *Dákay és mtsai (2006)* az angus fajtában tapasztaltak (33,12 hónap). *Byrne és mtsai (2022)* munkájában, Írországbán az angus üszők átlagos EEK-a 32 hónap volt és csupán 23%-uk ellett 24 hónapos korban. Eredményünk ugyanakkor elmarad a szakirodalmi hivatkozásokban megjelölt, jellemzően 22-24 hónapos EEK-tól (*Day és Nogueira, 2013; López-Paredes és mtsai, 2018; Byrne és mtsai, 2022; Hickson és mtsai, 2010; Giess és mtsai, 2022; Bormann és Wilson, 2010; Brzákóvá és mtsai, 2020*).

A vizsgálatban az angus üszők átlagos tenyésztésbe vételi életkora 18,6 hónap volt, amelyet úgy számítottunk ki, hogy a tehenek átlagos vemhességi idejének a hosszát (9,5 hónap) kivontuk az átlagos (28,1 hónapos) EEK-ból. Ez az érték 5-7 hónappal nagyobb, mint az optimálisnak tekintett 12-15 hónapos tenyésztésbe vételi kor (*Day és Nogueira, 2013*).

4. táblázat: Az angus tehének első ellési életkorának alapstatisztikai adatai

Paraméterek (1)	Első elléskori életkor (hónap) (2)
N	2955
Átlag (3)	28,1
Sztenderd hiba (SE) (4)	0,1
Szórás (SD) (5)	5,3
Variációs koefficiens (CV%) (%) (6)	18,9
Medián (7)	25,9
Minimum (8)	19
Maximum (9)	46
Kolgomorov-Smirnov teszt (p) (10)	0,00

Table 4: Descriptive statistics of the age at first calving in Angus cows

parameters (1); age at first calving (months) (2); mean (3); standard error (SE) (4); standard deviation (SD) (5); coefficient of variation (CV%) (6); median (7); minimum (8); maximum (9); Kolgomorov-Smirnov test (p) (10)

A vizsgált tényezők, azaz az apa ($p < 0,01$), az állomány ($p < 0,05$), a tehén születési éve ($p < 0,01$), ill. a tehén születési évszaka ($p < 0,01$) szignifikáns hatásúnak bizonyultak az EEK tulajdonságra. A tehén színváltozata nem mutatott statisztikailag igazolható hatást az EEK-ra (5. táblázat).

5. táblázat: Különböző tényezők hatása az első ellés korára

Tulajdonság (1)	Osztályok (3)	Első elléskori életkor (4)	
Hatások (2)		p	Arány a fenotípusban (%) (5)
A tehén apja (6)	200	$< 0,01$	18,32
Állomány (7)	5	$< 0,05$	11,77
A tehén színváltozata (8)	2	NS	8,10
A tehén születési éve (9)	24	$< 0,01$	28,70
A tehén születési évszaka (10)	4	$< 0,01$	28,99
Hiba (maradék) (11)	-	-	4,12
Összesen (12)	-	-	100,00

Table 5: The effect of different factors on the age at first calving

1trait (1); factors (2); classes (3); age at first calving (4); rate in phenotype (5); sire of cow (6); herd (7); colour variant of the cow (8); birth year of the cow (9); birth season of the cow (10); residual (11); total (12)

Az EEK-t meghatározó környezeti tényezők százalékos aránya a következő volt: tehén születési évszaka 28,99%, tehén születési éve 28,7%, tehén apja 18,32%, állomány 11,77%, egyéb környezeti hatások (hiba) 4,12%. A tehén születési éve és születési évszaka voltak a legjelentősebb tényezők, amelyek együttesen magyarázzák az EEK eltérések közel 60%-át. Ezen a környezeti tényezők hatásai a tartási és takarmányozási gyakorlatok, az időjárás és a legeltetés jelentős változásainak

6. táblázat: A környezeti tényezők hatása az első ellési életkorra

Tulajdonság (1)	N	Első ellés kori életkor (hónap) (2)	
Korrigált átlag ($\pm$ SE) (3)	2955	28,3 $\pm$ 0,3	
Környezeti tényezők (4)		Átlag $\pm$ SE (5)	Átlagtól való eltérés (6)
Állomány (kód) (7)			
- 1	243	29,0 $\pm$ 0,7	+0,7
- 2	710	30,0 $\pm$ 0,7	+1,7
- 3	93	26,8 $\pm$ 0,7	-1,5
- 4	1266	27,6 $\pm$ 0,4	-0,7
- 5	643	28,2 $\pm$ 0,5	-0,1
A tehén színváltozata (8)			
- Fekete (9)	1445	28,5 $\pm$ 0,4	+0,2
- Vörös (10)	1510	28,0 $\pm$ 0,4	-0,3
A tehén születési éve (11)			
- 1998	25	29,4 $\pm$ 2,4	+1,1
- 1999	18	24,9 $\pm$ 2,2	-3,4
- 2000	15	27,7 $\pm$ 1,9	-0,6
- 2001	36	25,8 $\pm$ 1,5	-2,5
- 2002	80	25,9 $\pm$ 1,5	-2,4
- 2003	37	31,1 $\pm$ 1,3	+2,8
- 2004	42	29,4 $\pm$ 1,5	+1,1
- 2005	37	30,1 $\pm$ 1,2	+1,8
- 2006	102	28,3 $\pm$ 1,0	+0,0
- 2007	60	29,5 $\pm$ 1,0	+1,2
- 2008	94	25,0 $\pm$ 0,7	-3,3
- 2009	113	27,4 $\pm$ 0,7	-0,9
- 2010	109	28,8 $\pm$ 0,7	+0,5
- 2011	197	30,2 $\pm$ 0,5	+1,9
- 2012	215	31,6 $\pm$ 0,5	+3,3
- 2013	187	30,5 $\pm$ 0,6	+2,2
- 2014	169	29,2 $\pm$ 0,6	+0,9
- 2015	201	28,0 $\pm$ 0,6	-0,3
- 2016	315	27,3 $\pm$ 0,5	-1,0
- 2017	252	27,8 $\pm$ 0,6	-0,5
- 2018	196	28,1 $\pm$ 0,6	-0,2
- 2019	160	28,4 $\pm$ 0,7	+0,1
- 2020	178	28,5 $\pm$ 0,7	+0,2
- 2021	117	27,1 $\pm$ 0,8	-1,2

(folytatás a következő oldalon)

A tehén születési szezonja (12)			
- Tél (13)	464	28,1±0,4	-0,2
- Tavasz (14)	1759	27,7±0,3	-0,6
- Nyár (15)	550	29,0±0,4	+0,7
- Ősz (16)	182	28,5±0,5	+0,2

Állománykód: 1 = kanadai, vörös; 2 = brit, vörös; 3 = brit, fekete; 4 = brit, vörös; 5 = egyéb (17)

Table 6: The effect of environmental factors on the age at first calving

trait (1); age at first calving (months) (2); adjusted overall mean ($\pm$ SE) (3); environmental factors (4); Mean ($\pm$ SE) (5); deviation from the overall mean (6); herd (code) (7); colour variant of the cow (8); black (9); red (10); birth year of the cow (11); birth season of cow (12); winter (13); spring (14); summer (15); Autumn (16); herd code: 1 = Canadian, red; 2 = British, red; 3 = British, black; 4 = British, red; 5 = other (17)

tudhatók be. Az apák hatása az ivadékok fenotípusos varianciájára 18,32% volt. Bene és mtsai (2021) magyarországi limousin üszők vizsgálatakor a tenyészet hatását (73,51%) találták a legmeghatározóbb környezeti tényezőnek, ez követte a tehén születési éve (13,02%), az apa (6,74%) és tehén születési évszaka (1,62%).

A környezeti tényezők hatását az EEK-ra a 6. táblázat foglalja össze. Az EEK becsült, korrigált átlagértéke a GLM módszer alapján 28,3±0,4 hónap volt.

A vizsgált állományok átlagos EEK-a eltérő volt. A 2-es számú állományban az EEK (30,0±0,7 hónap) +1,7 hónap átlagtól való eltéréssel, míg a 3-as állományban lévő üszöké (26,8±0,7) -1,5 hónap átlagtól való eltéréssel volt jellemezhető (azaz a két állomány EEK-ában 3,2 hónap különbség mutatkozott). Az 2-es állomány brit típusú vörös angus, a 3-as állomány hagyományos brit típusú fekete angus populáció voltak.

1999-ben az EEK 24,9 hónap, míg 2012-ben 31,6 hónap volt, mely 6,7 hónapos különbséget jelenti az évek között. Ezek az eltérések rámutatnak, hogy a különböző években tapasztalt környezeti, vagy gazdálkodási feltételek jelentősen befolyásolták a tehének szaporodási képességét. Például, a Központi Statisztikai Hivatal (KSH, 2024) 1999. évi és 2012. évi időjárási adatainak összehasonlítása azt mutatta, hogy a teljes csapadékmennyiség (804 és 384 mm), csakúgy, mint az esős napok száma (145 és 98), a fagyos napok száma (103 és 63), vagy a hóhullámmal érintett napok száma (1 és 33).

A tavaszi születésű egyedek EEK-a (27,7±0,3 hónap) 1,3 hónappal rövidebb volt, mint a nyári és 0,8 hónappal, mint az őszi évszakban születettek. Bene és mtsai (2021) szerint az évszakok és az EEK közötti különbségeknek az egyik lehetséges oka a magyarországi tartástechnológia, amely az állományok májusi legelőre hajtásával és őszi végi behajtásával hozható összefüggésbe. Az ellési és születési időszak egyes szaporodási tulajdonságokra gyakorolt jelentős hatása az éghajlati viszonyok és a takarmányozási módok évszakonkénti változásának tulajdonítható (Hammoud és mtsai, 2010). Az első ellés korát a tehének naptári ellési időszaka is befolyásolhatja (Brzákóvá és mtsai, 2020).

3.2. Populációgenetikai paraméterek

Az EEK tulajdonság h^2 értékei ($0,51 \pm 0,06$, ill. $0,38 \pm 0,05$) (7. táblázat) magasabbnak bizonyultak a szakirodalmi forrásokhoz képest. A szakirodalmi hivatkozásokból származó adatok alapján az EEK tulajdonság öröklődhetősége alacsony - $0,08$ (Bene és mtsai, 2021; Pardo és mtsai, 2020); $0,10$ (Boligon és Albuquerque, 2011); $0,14$ (Koots és mtsai, 1994; Giess és mtsai, 2022); $0,17$ (Brzákóvá és mtsai, 2020); $0,18$ (Zsuppán és mtsai, 2010) -, vagy mérsékelt - $0,24$ (Gutiérrez és mtsai, 2002); $0,28$ (Bormann és Wilson, 2010); $0,31$ (Berry és Evans, 2014); $0,37$ (González-Murray és mtsai, 2021); $0,46$ (Magaña és Segura, 1997).

7. táblázat: Az első ellési életkor populációgenetikai paraméterei

Paraméterek (1)	Első ellés kori életkor (2)	
	GLM módszer (3)	BLUP egyedmodell (4)
σ_d^2	21,49	9,77
σ_m^2	–	0,00
σ_{dm}	–	–0,01
σ_e^2	20,94	15,98
σ_p^2	42,43	25,74
h_d^2	$0,51 \pm 0,06$	$0,38 \pm 0,05$
h_m^2	–	$0,00 \pm 0,03$
r_{dm}	–	$-0,97 \pm 1,00$

σ_d^2 = additív genetikai variancia (5); σ_m^2 = anyai genetikai variancia (6); σ_{dm} = direkt-anyai kovariancia (7); σ_e^2 = hiba variancia (8); σ_p^2 = fenotípusos variancia (9); h_d^2 = direkt öröklődhetőség (10); h_m^2 = anyai öröklődhetőség (11); r_{dm} = direkt-anyai genetikai korreláció (12)

Table 7: Population genetic parameters of the age at first calving trait

parameters (1); age at first calving (2); GLM method (3); BLUP animal model (4); σ_d^2 = additive genetic variance (5); σ_m^2 = maternal genetic variance (6); σ_{dm} = direct maternal genetic covariance (7); σ_e^2 = residual variance (8); σ_p^2 = phenotypic variance (9); h_d^2 = direct heritability (10); h_m^2 = maternal heritability (11); r_{dm} = direct-maternal genetic correlation (12)

A direkt és anyai genetikai hatások közötti korreláció értéke erősen negatívnak bizonyult ($r_{dm} = -0,97 \pm 1,00$). Az 1,0 értékű standard hiba azonban azt jelzi, hogy ez a korreláció statisztikailag nem különbözik a nullától. A variancia többségét genetikai és egyéb nem állandó környezeti tényezők befolyásolják az általunk vizsgált angus populációkban. Az anyai genetikai hatás nem befolyásolta erősen az EEK-t.

3.3. Az apa hatása az első ellési életkorra

A GLM módszer alkalmazásával meghatározó különbségeket találtunk a tenyészbikák ivadékcsoportjainak EEK átlagértékei között (8. táblázat).

8. táblázat: Az apa hatása az angus tehének első ellési tulajdonságára

Tulajdonság (1)	N	Első ellés kori életkor (hónap) (2)			
A tehén apja (Központi lajstromszám) (3)		GLM módszer (4)		BLUP egyedmodell (5)	
		Az ivadékok átlaga (±SE) (6)	TÉ _{GLM}	TÉ _{AMD}	TÉ _{AMM}
Korrigált főátlag (± SE) (7)	2955	28.3 ± 0.3			
20495	84	22,4 ± 1,0	−11,7	−6,2	+0,0
20501	40	29,2 ± 1,0	+1,8	−0,9	+0,0
20716	41	31,7 ± 1,0	+6,8	+4,8	−0,0
22666	50	24,1 ± 1,0	−8,5	−2,7	+0,0
23155	40	27,1 ± 1,0	−2,3	−2,2	+0,0
24100	39	28,9 ± 1,0	+1,3	−0,8	+0,0
24608	68	29,5 ± 1,0	+2,4	+0,8	−0,0
24626	44	30,6 ± 1,0	+4,6	+3,6	−0,0
24635	42	22,4 ± 1,1	−11,7	−5,9	+0,0
27934	35	29,4 ± 1,2	+2,2	+6,0	−0,0
27940	56	28,0 ± 1,1	−0,7	+3,2	−0,0
27946	56	28,6 ± 1,1	+0,7	+3,6	−0,0
30947	61	27,2 ± 1,0	−2,3	−1,6	+0,0
31117	68	28,0 ± 1,2	−0,6	+1,5	−0,0
34296	35	28,7 ± 1,2	+0,9	+0,7	−0,0
r _{rank}		TÉ _{ZGLM} TÉ _{AMD}		+0,86*	−0,86* −0,99*

* $p < 0,01$; N = ivadékok száma (8); $T\hat{E}_{GLM}$ = GLM módszerrel becsült tenyésztési érték (9); $T\hat{E}_{AMD}$ = BLUP egyedmodellel becsült direkt tenyésztési érték (10); $T\hat{E}_{AMM}$ = BLUP egyedmodellel becsült anyai tenyésztési érték (11); r_{rank} = Spearman-féle rangkorrelációs együttható (12)

Table 8: The effect of sire on the age at first calving trait of Angus cows

* $p < 0,01$; trait (1); age at first calving (month) (2); Sire of cow (registration number) (3); GLM method (4); BLUP animal model (5); Mean of progeny ($\pm$ SE) (6); adjusted overall mean ($\pm$ SE) (7); number of progeny (8); BV_{GLM} = breeding value estimated with GLM method (9); BV_{AMD} = direct breeding value estimated with BLUP animal model (10); BV_{AMM} = maternal breeding value estimated with BLUP animal model (11); r_{rank} = Spearman's rank correlation coefficient (12)

A tenyészbikák ivadékainak EEK-a jelentősen eltért. A 20716-os regisztrációs számú bika ivadékai átlagosan 31,7 $\pm$ 1,1 hónaposan ellettek ($T\hat{E}_{GLM}$ = +6,8 hónap), míg a 20495-ös bika ivadékai 22,4 $\pm$ 1,0 hónapos korukban ($T\hat{E}_{GLM}$ = -11,7 hónap). Az eltérés az előző két csoport között 9,3 hónap volt. Az ivadékcsoportok közötti és az apák $T\hat{E}$ -e között is nagy különbségeket tapasztaltunk.

A BLUP egyedmodell használatával a $T\hat{E}$ két szélső értéke (27934: +6,0 hónap és 20495: -6,2 hónap) volt, mely eltérés jelentős, egy év körüli (12,2 hónap) különbséget jelentett. Bene és mtsai (2021) limousin egyedek vizsgálatakor hasonló, 15,6 hónapos különbséget tapasztaltak. A BLUP egyedmodell esetében a szélső értékek közötti különbség kisebb volt, mint a GLM módszer esetében.

A Spearman-féle rangkorrelációs együttható ($r_{no} = 0,86$; $p < 0,01$) viszonylagos egyezést jelzett a két módszer között. Ez a korreláció azonban nem feltétlenül tükrözi teljes mértékben a kevesebb ivadékkal, vagy szélsőséges értékekkel rendelkező apák rangsorolásának különbségeit. Az eredmény rámutat arra, hogy a modell továbbfejlesztése és a tenyésztértékebecslés pontosságának javítása érdekében érdemes lehet részletesebb genetikai információkat - például egyed szintű adatokat és anyai hozzájárulásokat - a vizsgálatokba bevonni.

3.4. Fenotípusos és genetikai trendek az első ellési életkor esetében

A becsült fenotípusos és genetikai trendeket a 9. táblázat tartalmazza. Az eredmények alapján a fenotípusos trend kismértékben növekvő irányú ($b = +0,03 \pm 0,05$) volt, de nem bizonyult szignifikánsnak. A fenotípusos trend illeszkedése ($R^2 = 0,02$; $p > 0,05$) sem volt statisztikai értelemben megbízható. Hasonlóképpen a genetikai trendek sem mutattak változást az évek előrehaladtával.

8. táblázat: Az apa hatása az angus tehének első ellési tulajdonságára

Trend (1)	Meredekség (2)			Tengelymetszet (3)				Illeszkedés (4)	
	Y	b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
P	EEK	+0,03	0,05	>0,05	-37,11	107,84	>0,05	0,02	>0,05
GGs	EEK ^{TÉ}	-0,20	0,08	<0,05	403,27	163,47	<0,05	0,18	<0,05
GAS _d	EEK ^{TÉ}	+0,01	0,03	>0,05	-11,40	64,42	>0,05	0,00	>0,05
GAS _m	EEK ^{TÉ}	-0,00	0,00	>0,05	0,02	0,08	>0,05	0,00	>0,05
GAA _d	EEK ^{TÉ}	+0,00	0,01	>0,05	-0,63	21,89	>0,05	0,00	>0,05
GAA _m	EEK ^{TÉ}	-0,00	0,00	>0,05	0,00	0,03	>0,05	0,00	>0,05

P = fenotípusos trend (5); GGs = genetikai trend az apák tenyésztértéke alapján GLM módszerrel (6); GAS_d = genetikai trend az apák direkt tenyésztértéke alapján BLUP egyedmodell alkalmazásával (7); GAS_m = genetikai trend az apák anyai tenyésztértéke alapján BLUP egyedmodell alkalmazásával (8); GAA_d = genetikai trend az összes egyed direkt tenyésztértéke alapján BLUP egyedmodell alkalmazásával (9); GAA_m = genetikai trend az összes egyed anyai tenyésztértéke alapján BLUP egyedmodell alkalmazásával (10); EEK = első elléskori életkor átlaga (11); EEK^{TÉ} = átlagos tenyésztérték az EEK tulajdonságban (12); TÉ = tenyésztérték (13); X = születési év (14)

Table 9: Phenotypic and genetic trends in age at first calving

trend (1); slope (2); intercept (3); fitting (4); phenotypic trend (5); GGs = genetic trend in BV of sires using the GLM method (6); GAS_d = genetic trend in direct breeding value of sires using the BLUP model (7); GAS_m = genetic trend in maternal breeding value of sires using the BLUP model (8); GAA_d = genetic trend in direct breeding value of all animals using the BLUP model (9); GAA_m = genetic trend in maternal breeding value of all animals using the BLUP model (10); EEK = age at first calving (11); EEK^{TÉ} = average breeding value in age at first calving trait (12); BV = breeding value (13); X = birth year (14)

Bár hazai kutatások nem állnak rendelkezésre az EEK költség-haszon elemzéséről, eredményeink rávilágítanak annak lehetséges gazdasági hatásaira. Azonban az üszők fiatalabb korban történő elletése csökkentheti a felnevelési költségeket, növelheti a tehén élete során világra hozott és felnevelt borjainak számát, és javíthatja a húsmarhatartás jövedelmezőségét. Ezek az eredmények

összhangban vannak a nemzetközi tanulmányokkal, amelyek kimutatták, hogy a korábbi EEK csökkenti a termelési költségeket és az ökológiai lábnyomot.

Az optimális EEK elérése érdekében célzott genetikai szelekciót, valamint a magyarországi termelési rendszerekhez igazított, továbbfejlesztett állománykezelési gyakorlatokat javasolunk. A tenyésztőknek érdemes fontolóra venni olyan szelekciós indexek alkalmazását, amelyek tartalmazzák az EEK-t, a gazdasági teljesítményt és a fenntarthatóság javítása érdekében.

4. Következtetések, javaslatok

Vizsgálatunk alapján az angus tehének első ellési életkorára gyakorolt fő hatást a tehének ellési évszaka jelentette. Ez az eredmény felhívja a figyelmet a megfelelő ellési időszak kiválasztásának fontosságára. Az EEK stagnáló fenotípusos és genetikai trendjei részben azzal is magyarázhatók, hogy az EEK laza genetikai kapcsolatot mutathat a jelenleg közvetlen genetikai szelekció alatt álló tulajdonságokkal, korlátozva ezzel a szelekció közvetett hatásait. A tenyésztőknek a jövőben célszerű lenne nagyobb figyelmet fordítaniuk erre a tulajdonságra, mérlegelve és figyelembe véve annak gazdasági jelentőségét és a reprodukciós hatékonyságra gyakorolt lehetséges kedvező hatását.

Az állományok közötti különbségek és az EEK tapasztalt közepes, vagy annál kissé jobb öröklődhetősége lehetőséget nyújt arra, hogy célzott tenyésztési programok kidolgozásával, szelekcióval javítsuk ezt a tulajdonságot. Ennek elérése érdekében az EEK-t speciális szelekciós kritériumként lehetne kezelni a tenyésztési programokban, figyelembe véve annak más tulajdonságokkal való összefüggéseit. Például az EEK-val szorosabb genetikai korrelációt mutató tulajdonságokat, mint a reprodukciós hatékonyság, vagy a hosszú élettartam, kiemelten lehetne kezelni a több tulajdonságra irányuló szelekciós indexekben.

A hazai populációra vonatkozó eredményeket a környezeti tényezők nagymértékben meghatározzák (éghajlat, tartástechnológia, takarmányozási technológia stb.), ugyanakkor felhívják a figyelmet az első ellési életkor csökkentési lehetőségére.

5. Köszönetnyilvánítás

A szerzők ezúton is köszönetet mondanak a Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesületének és az egyesület munkatársainak a kiindulási adatbázisok rendelkezésre bocsátásáért.

6. Felhasznált irodalom

- Bene, Sz. – Kőrösi, Zs. J. – Bognár, L. – Polgár, J.P. – Szabó, F. (2024): Population genetic features of calving interval of Holstein-Friesian cows bred in Hungary. *Animals*, 14. 2513. <https://doi.org/10.3390/ani14172513>
- Bene, Sz. – Polgár, J. P. – Szűcs, M. – Márton, J. – Szabó, E. – Szabó, F. (2021): Environmental effects, population genetic parameters, breeding value, phenotypic and genetic trend for age at first calving of Limousin cows. *J. Cent. Eur. Agric.*, 22. 240–249. <https://doi.org/10.5513/JCEA01/22.2.3161>

- Berry, D. P. – Evans, R. D. (2014): Genetics of reproductive performance in seasonal calving beef cows and its association with performance traits. *J. Anim. Sci.*, 92. 1412–1422. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6723>
- Boldman, K. G. – Kriese, L. A. – Van Vleck, L. D. – Kachman, S. D. (1993): A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. USDA-ARS, Clay Center, NE.
- Boligon, A. A. – Albuquerque, L. G. (2011): Genetic parameters and relationships of heifer pregnancy and age at first calving with weight gain, yearling and mature weight in Nelore cattle. *Livest. Sci.*, 141. 12–16., <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2011.04.009>
- Boligon, A. A. – Albuquerque, L. G. D. – Mercadante, M. E. Z. – Lôbo, R. B. (2010): Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nelore cattle. *Rev. Bras. Zootec.*, 39. 746–751. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982010000400007>
- Bormann, J. M. – Wilson, D. E. (2010): Calving day and age at first calving in Angus heifers. *J. Anim. Sci.*, 88. 1947–1956. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2249>
- Brzákóvá, M. – Čítek, J. – Svitáková, A. – Veselá, Z. – Vostrý, L. (2020): Genetic parameters for age at first calving and first calving interval of beef cattle. *Animals*, 10. 2122. <https://doi.org/10.3390/ani10112122>
- Byrne, C. J. – McGee, M. – Harrington, M. – Kelly, A. – Kenny, D. A. (2022): Calving at two years of age. Teagasc, Grange Animal & Grassland Research and Innovation Centre, Dunsany, Co. Meath. <https://www.teagasc.ie/animals/beef/grange/beef2022-open-day/calving-at-two-years-of-age>
- Cushman, R. A. – Kill, L. K. – Funston, R. N. – Mousel, E. M. – Perry, G. A. (2013): Heifer calving date positively influences calf weaning weights through six parturitions. *J. Anim. Sci.*, 91. 4486–4491. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6465>
- Dákay, I. – Márton, D. – Keller, K. – Fördös, A. – Török, M. – Szabó, F. (2006): Study on the age at first calving and the longevity of beef cows. *J. Cent. Eur. Agric.*, 7. 377–388.
- Damiran, D. – Larson, K. A. – Pearce, L. T. – Erickson, N. E. – Lardner, B. H. A. Effect of calving period on beef cow longevity and lifetime productivity in western Canada. *Transl. Anim. Sci.*, 2. S61–S65. <https://doi.org/10.1093/tas/txy020>
- Day, M. – Nogueira, G. P. (2013): Management of age at puberty in beef heifers to optimize efficiency of beef production. *Anim. Front.*, 3. 6–11. <https://doi.org/10.2527/af.2013-0027>
- Gates, M. C. (2013): Evaluating the reproductive performance of British beef and dairy herds using national cattle movement records. *Vet. Rec.*, 173. 499. <https://doi.org/10.1136/vr.101488>
- Giess, L. K. – Boldt, R. J. – Culbertson, M. – Thomas, M. G. – Speidel, S. E. – Enns, R. M. (2022): 16 genetic parameter estimates for age at first calving in Simmental and Red Angus heifers. *J. Anim. Sci.*, 100. S9–S10. <https://doi.org/10.1093/jas/skac313.012>
- González-Murray, R. A. – Martínez, P. G. – Vigíl, V. – Yazar-Gunes, H. – Sánchez-Castro, M. A. – Enns, R. M. – Speidel, S. E. – Thomas, M. G. (2021): Heterosis effects on age at first calving in a multibreed beef cattle herd in Panama. *Trans. Anim. Sci.*, 5. S185–S188. <https://doi.org/10.1093/tas/txab169>
- Gutiérrez, J. P. – Alvarez, I. – Fernández, I. – Royo, L. J. – Díez, J. – Goyache, F. (2002): Genetic relationships between calving date, calving interval, age at first calving and type traits in beef cattle. *Liv. Prod. Sci.*, 78. 215–222. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(02\)00100-8](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(02)00100-8)
- Hammoud, M. H. – El-Zarkouny, S. Z. – Oudah, E. Z. (2010): Effect of sire, age at first calving, season and year of calving and parity on reproductive performance of Friesian cows under semiarid conditions in Egypt. *Arch. Zootech.*, 13. 60–82.
- Henderson, C. R. (1975): Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31. 423–447. <https://doi.org/10.2307/2529430>
- Hickson, R. E. – Lopez-Villalobos, N. – Kenyon, P. R. – Ridler, B. J. – Morris, S. T. (2010): Profitability of calving heifers at 2 compared with 3 years of age and the effect of incidence of assistance at parturition on profitability. *Anim. Prod. Sci.*, 50. 354–358. <https://doi.org/10.1071/an09180>

- Hungarian Central Statistical Office (2024): https://www.ksh.hu/docs/hun/xstadat/xstadat_eves/i_met004.html
- IBM Corporation (2020): IBM SPSS Statistics for Windows, Version 27.0. Armonk, NY, USA. <https://www.ibm.com/support/pages/how-cite-ibm-spss-statistics-or-earlier-versions-spss>
- Koots, K. R. – Gibson, J. P. – Smith, C. – Wilton, J. W. (1994): Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. Anim. Breed. Abstr., 62. 309–338.
- López-Paredes, J. – Pérez-Cabal, M. A. – Jiménez-Montero, J. A. – Alenda, R. (2018): Influence of age at first calving in a continuous calving season on productive, functional, and economic performance in a Blonde d'Aquitaine beef population. J. Anim. Sci., 96. 4015–4027. <https://doi.org/10.1093/jas/sky271>
- Magaña, J. G. – Segura, J. C. (1997): Heritability and factors affecting growth traits and age at first calving of zebu beef heifers in South-Eastern Mexico. Trop. Anim. Health Prod, 29. 185–192. <https://doi.org/10.1007/BF02633021>
- Márton, J. – Szabó, F. – Zsolnai, A. – Anton, I. (2024): Genetic diversity and phylogenetic relationship of Angus breeds in Hungary and analyses of their production traits. Anim. Biosci., 37. 184–192. <https://doi.org/10.5713/ab.23.0157>
- Moorey, S. E. – Biase, F. H. (2020): Beef heifer fertility: Importance of management practices and technological advancements. J. Anim. Sci. Biotech., 11. 97. <https://doi.org/10.1186/s40104-020-00503-9>
- Pardo, M. – Elzo, M. A. – Gama, L. T. – Melucci, L. M. (2020): Genetic parameters for growth and cow productivity traits in Angus, Hereford and crossbred cattle. Livest. Sci., 233. 103952. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.103952>
- Pulina, G. – Acciaro, M. – Atzori, A. S. – Battaccone, G. – Crovetto, G. M. – Mele, M. – Pirlo, G. – Rassu, S. P. G. (2021): Animal board invited review – Beef for future: technologies for a sustainable and profitable beef industry. Animal, 15. 100358. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100358>
- Roughsedge, T. – Amer, P. R. – Thompson, R. – Simm, G. (2005): Genetic parameters for a maternal breeding goal in beef production. J. Anim. Sci., 83. 2319–2329. <https://doi.org/10.2527/2005.83102319x>
- Short, R. E. – Staigmiller, R. B. – Bellows, R. A. – Greer, R. C. (1994): Breeding heifers at one year of age: Biological and economic considerations. In: Fields, M. J. and Sands, R. S. (editors): Factors affecting calf crop. CRC Press, Boca Raton, p. 55–68. <https://doi.org/10.1201/9781003069119-4>
- Szőke, Sz. – Komlósi, I. (2000): A BLUP modellek összehasonlítása. Állatteny. Tak., 49. 231–246. https://real-j.mtak.hu/14114/3/allattenyesztes_2000_49_3.pdf
- Szűcs, M. – Szabó, F. – Márton, J. – Anton, I. – Zsolnai, A. – Bene, Sz. (2020). Hagyományos tenyésztérbecslési módszerek összehasonlítása limousin húsmarha fajtában. Állatteny. Tak., 69. 401–418. https://real-j.mtak.hu/16368/4/%C3%81TT%202020_4_FINAL.pdf
- Twomey, A. J. – Cromie, A. R. (2023): Impact of age at first calving on performance traits in Irish beef herds. J. Anim. Sci., 101. skad008. <https://doi.org/10.1093/jas/skad008>
- Vergara, O. D. – Elzo, M. A. – Cerón-Muñoz, M. F. (2009): Genetic parameters and genetic trends for age at first calving and calving interval in an Angus-Blanco Orejinegro-Zebu multibreed cattle population in Colombia. Livest. Sci., 126. 318–322. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2009.07.009>
- Zsuppán, Zs. – Bene, Sz. – Keller, K. – Balika, S. – Szabó, F. (2010): A húsmarha állományok néhány reprodukciós, élettartam, és növekedési tulajdonságnak értékelése 3. Közlemény: Limousin tehének első ellési életkorának és élettartamának vizsgálata három tenyészetben. Állatteny. Tak., 59. 23–32. https://real-j.mtak.hu/11967/1/ATET_2010.1.pdf

Szerzők címe: Márton, J.

Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete

Authors' address: Hungarian Hereford, Angus, Galloway Association

H-7400, Kaposvár, Dénesmajor 2.

*Bene, Sz.**

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Georgikon Campus

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Georgikon Campus

H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.

*levelező szerző, e-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

Szabó, F.

Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar

Széchenyi István University, Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Comprehensive Analysis of the effects of heat stress on some blood parameters in dairy cows (Literature review)

A hőstressz hatásának átfogó elemzése néhány vérparaméter változására tejtermelő tehenekben (Irodalmi összefoglalás)

BACCOURI Wissem – WANJALA George – TÓTH Violetta –
KOMLÓSI István – MIKÓ Edit

SUMMARY

Heat stress in dairy cows represents one of the most significant challenges within the agricultural sector, particularly in dairy farming. Numerous studies have investigated its impact on blood parameters and overall body metabolism, yet the findings remain highly contradictory. Some research indicates that heat stress leads to elevated levels of blood markers such as alanine aminotransferase (ALT), aspartate aminotransferase (AST), β -hydroxybutyrate (BHB), and urea, while other studies report conflicting results, highlighting a lack of consistent patterns. The primary objective of this study is to synthesise and critically evaluate the effects of heat stress on selected blood parameters in dairy cows, with a focus on the robustness of existing studies. The inconsistencies in the literature emphasise the need for further research applying larger sample sizes and more rigorous experimental designs. It is imperative that future studies consider key influencing factors such as photoperiod, feeding regimens, and the timing of sample collection, as these variables can significantly affect outcomes. By addressing these limitations, researchers can contribute to a deeper understanding of how heat stress impacts blood parameters in dairy cows. Such insights are crucial for developing evidence-based strategies to mitigate the adverse effects of heat stress, ultimately improving the welfare and productivity of dairy herds.

Keywords: BHB, blood parameters, dairy cows, heat stress, urea

ÖSSZEFOGLALÁS

A tejtermelő teheneket érintő hőstressz az egyik legjelentősebb kihívás a mezőgazdaságban, különösen a tejtermelésben. Számos tanulmány vizsgálta a vérparaméterekre és a szervezet általános anyagcseréjére gyakorolt hatását, de az eredmények továbbra is erősen ellentmondásosak. Egyes kutatások azt mutatják, hogy a hőstressz a vérparaméterek, például az alanin-aminotranszferáz (ALT), aszpartát-aminotranszferáz (AST), β -hidroxi-butirát (BHB) és a karbamid megemelkedett szintjéhez vezet, míg más tanulmányok ellentmondó eredményekről számolnak be, rámutatva az egységes minták hiányára. Ennek a tanulmánynak az elsődleges célja, hogy összefoglalja és kritikusan értékelje a hőstressz hatását a tejtermelő tehenek kiválasztott vérparamétereire, a meglévő vizsgálatok megbízhatóságára összpontosítva. A szakirodalomban tapasztalható ellentmondások hangsúlyozzák a további kutatások szükségességét, nagyobb mintaméreteket és szigorúbb kísérleti terveket alkalmazva. Elengedhetetlen, hogy a jövőbeni tanulmányok figyelembe vegyék az olyan kulcsfontosságú befolyásoló tényezőket, mint a fotoperiódus, a takarmányozási rend és a mintagyűjtés időpontja, mivel ezek a változók jelentősen befolyásolhatják az eredményeket. E korlátok kezelésével a kutatók hozzájárulhatnak annak mélyebb megértéséhez, hogy a hőstressz hogyan befolyásolja a tejtermelő tehenek vérparamétereit. Ezek a felismerések kulcsfontosságúak a hőstressz káros hatásainak enyhítésére irányuló, bizonyítékokon irányuló stratégiák kidolgozásához, ami végső soron a tejtermelő állományok jólétének és termelékenységének javításához vezet.

Kulcsszavak: BHB, vérparaméterek, tejtermelő tehenek, hőstressz, karbamid

1. Introduction

Global temperatures have experienced a 1.0°C increase since the 19th century. Furthermore, projections indicate that temperatures will continue to rise, with a predicted increase of 1.5°C between the years 2030 and 2052 (*Pradhan et al*, 2022). Heat stress, primarily caused by elevated ambient temperature and relative humidity can have an immediate impact on the productivity of farm animals (*Bernabucci et al*, 2010). As a result of the physiological and metabolic abnormalities caused by heat stress, dairy cows are prone to decreased reproductive and productive abilities, resulting in substantial financial losses for the dairy industry (*West*, 2003). When an animal experiences heat stress, it undergoes hyperthermia, which results in a reduction of its capacity for reproduction and growth to maintain thermal balance. In order for physiological processes and biochemical reactions to function optimally, it is crucial for animals to regulate their internal body temperature within the normal range (*Shearer and Beede*, 1990). For the body to remain in a state of physiological balance, blood is an essential indicator of any changes in metabolism (*Geneser*, 1985). The fluctuation of the components in blood is impacted by various factors that either impede or enhance the circulatory system (*Radkowska and Herbut*, 2014). Blood serves as the crucial component in preserving the physiological stability of the body (*homeostasis*), while hematological indicators are regarded as the key factor in showing an animal's ability to adapt to its environment and, as a result, its welfare (*Anderson et al*, 1999; *Sattar and Mirza*, 2009). Biochemical tests, on the other hand, provide insight into the internal state of the body, the functioning of various organs, including the kidneys and liver, and the progression of metabolic changes that occur within the body (*Scamell*, 2006). However, certain physiological and pathological situations have the potential to upset this homeostasis. As changes in biochemical and hematopoietic components are crucial indications of an animal's healthy or pathological status (*Ahmad et al*, 2003). The haematological values can be used to diagnose a variety of pathological and metabolic conditions that can negatively impact a cow's ability to reproduce and produce milk, costing dairy farmers significant amounts of money (*Dutta et al*, 1988; *Pyne and Maitra*, 1981). Confirmed by *Ahmad et al* (2003) as a change in biochemical and hematopoietic components are crucial indications of an animal's healthy or pathological status. However, numerous studies have investigated the impact of heat stress on blood parameters, yet the findings have often been inconsistent and contradictory. For example, studies on ALT levels have reported varying results, with some showing an increase *Srikandakumar and Johnson* (2004) and others indicating no changes *Hooda and Singh* (2010) under heat stress conditions. Similarly, research on BHB levels has revealed contrasting outcomes, with *Ronchi et al* (1999) and *Cartwright et al* (2023) documenting divergent responses to heat stress. These discrepancies highlight the complexity of physiological responses to heat stress and suggest that multiple factors, including species, breed, individual variability, and experimental conditions, may influence these outcomes. Given the wealth of research in this area, it is essential to synthesise existing findings to better understand the relationship between heat stress and blood parameters. Therefore, the primary objective of this study is to summarise and critically analyse the effects

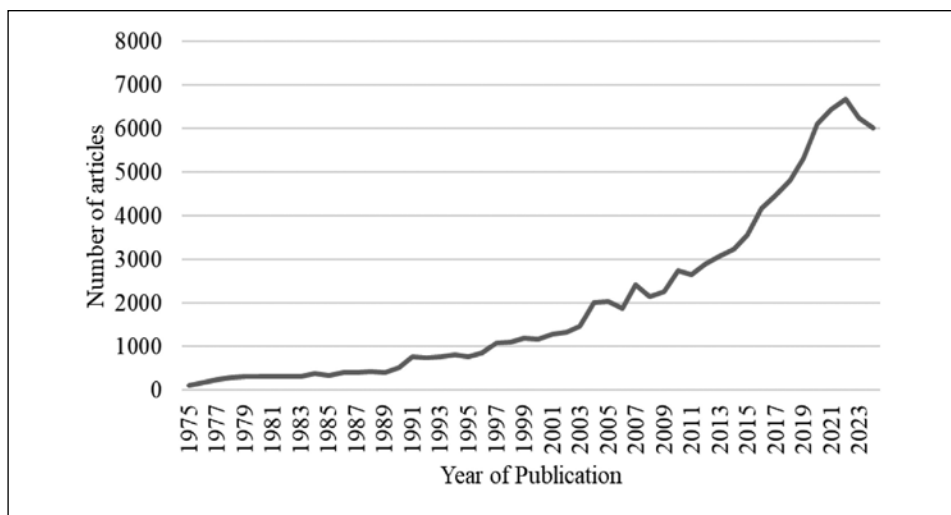
of heat stress on selected blood parameters published different authors in the literature. This approach aims to identify patterns, address inconsistencies, and provide a comprehensive overview of how heat stress influences metabolic and physiological processes as reflected in blood markers.

2. Blood biochemical parameters, blood tests

Heat stress has consistently posed a significant challenge for dairy cows, affecting their productivity, health, and overall well-being. In our research, an extensive analysis of studies was conducted examining the impact of heat stress on blood parameters. This investigation utilised the Web of Science database and applied Boolean operators, specifically the “AND” operator, to refine our search and focus on studies linking heat stress and blood parameters. As a result, a total of 99,951 publications were identified, including both research articles and review papers, with the earliest studies dating back to 1975. This comprehensive exploration highlights the growing body of literature on the subject, reflecting the increasing awareness of the detrimental effects of heat stress on dairy cattle. The number of studies has steadily increased over the years until 2024, reflecting the growing interest in climate change and the increase in global average temperatures over the years (Figure 1).

The focus on blood parameters is crucial because numerous physiological processes are regulated by blood biochemical components. Deficiencies or imbalances in these parameters can lead to impaired physiological functions and reduced performance, ultimately resulting in structural and systemic health issues (McDowell, 2003). The blood indicators that may indicate the nutrient state of the cow, include glucose, fructosamine, insulin, non-esterified fatty acid (NEFA), β -hydroxybutyric acid (BHBA), and cholesterol, as well as enzymes and

Figure 1. The publication trend on the topic “heat stress and blood parameters” in dairy cows



1. ábra: Tudományos cikkek tendenciája a „hőstressz és vérparaméterek” témában tejelő teheneknél

proteins that disclose liver function (*Stengärde et al*, 2008). The levels of certain substances in the blood of cattle can provide insight into the animal's energy and protein metabolism as well as the functioning of certain organs especially when the cows are in negative energy balance caused by stressful factors such the heat stress (*El-Nouty et al*, 1990). Beta-hydroxybutyric acid, free fatty acids and glucose are markers of energy metabolism. Meanwhile, the presence of urea, total protein, and albumin reflects protein metabolism. To assess liver health, indicators such as aspartate aminotransferase (AST), alanine aminotransferase (ALT), gamma-glutamyl transferase, total lipids (TL), triglycerides (TG), and glycogen and total bilirubin concentration are used (*Douglas et al*, 2007; *Petit et al*, 2007; *Stojević et al*, 2005). The kidney function is evaluated by measuring creatinine levels (*Stojević et al*, 2005). According to several studies, BHBA and the enzymes AST and ALT are among the most accurate markers of metabolic stress in blood serum (*Mordak and Nicpoń*, 2006; *Van Den Top et al*, 1995). However, research findings on the effects of heat stress on these markers are highly contradictory.

3. AST and ALT

The blood test, which evaluates liver function or liver damage, is one of the most popular blood tests. A straightforward blood test indicating liver functions measures the quantity of specific enzymes, which control key chemical reactions in the body. The aminotransferases are among the more used and most sensitive liver enzymes. Mainly are alanine aminotransferase (ALT or SGPT) and aspartate aminotransferase (AST or SGOT) (*Gaina et al*, 2020). These enzymes catalyse the transition of an amino radical from an amino acid to a keto acid. They are broadly distributed in animal tissues and are present in trace activities in all animals' serum as a result of regular tissue breakdown and subsequent enzyme release. Since these enzymes largely act within cells, a rise in their level in the serum frequently signifies cellular damage (*Coles*, 1967). In case of subclinical liver damage, increased AST activity in the serum is a sensitive indicator of liver injury (*Meyer and Harvey*, 1998). The normal range of AST and ALT levels in the blood of various species has been the subject of several studies. According to (*Gaina et al*, 2020) standard level of AST in cows is 60-125 U/l and ALT is 6.9-35 U/l. Another study by *Whitaker et al* (2005) mentioned that for cows the reference blood activities of AST range from 58–100 U/dm³, meanwhile for ALT range from 25 to 74 U/dm³. Despite AST is a prevalent enzyme found in several tissues and organs, exhibiting notably elevated activity in the liver, and heightened blood AST activity serves as a marker for liver impairment (*Cincović et al*, 2011; *Zimmerman et al*, 1968). Several factors may affect the activities of AST and ALT in the blood of dairy cows. The study by *El-Ghoul et al* (2000) revealed that the AST activity significantly increases during the final week of pregnancy compared to the first week following birth. Conversely, during the seventh and eighth months of pregnancy and at the start of lactation, the activity of the ALT enzyme dramatically decreases, while that of the AST may fluctuate irregularly (*Tainturier et al*, 1984). The findings of *Stojević et al* (2005) indicate that milk production and the dry period significantly impact the levels of AST and ALT activities in the blood. Their study showed that the level of AST activity was higher at early lactation,

decreased until reaching its lowest level during the dry period, while the level of ALT activity was higher in the middle of lactation and was also at its lowest during the dry period. This changing pattern of AST and ALT activities during lactation was explained by *Sakowski et al* (2012) as being linked to liver injury, which is typically caused by a poor energy balance during early lactation stages and intensifying protein-focused metabolic alterations, respectively. It is widely recognized that a variety of internal and external factors, including the animal's age, nutrition, season, management, and sex, can alter the normal range of these liver enzymes (*Doornenbal et al*, 1988; *Hawley and Peden*, 1982; *Quintela et al*, 2011; *Tibbo et al*, 2008). According to *Radkowska and Herbut* (2014), the system of cattle management may have an impact on the levels of AST and ALT in the blood. The study found that cows kept in pasture exhibited elevated levels of AST and ALT in comparison to those housed in barns. The authors attributed this difference to the higher content of nitrogen compounds in pasture forage, which may affect the liver's ability to process nitrogen, leading to increased serum levels of the AST and ALT enzymes in these cows. Heat-stressed cows may have a higher susceptibility to fatty liver disease due to compromised ATP synthesis, alterations in gluconeogenesis precursor availability, elevated oxidative stress, and an accumulation of hepatic lipids in the liver (*Skibiel et al*, 2018). *Berian et al* (2019) reported that heat stress significantly increases AST and cholesterol levels in the blood of cows, while ALT levels remain unaffected. These findings align with previous research. For example, *Hooda and Singh* (2010) observed an increase in AST levels with no changes in ALT when cows were exposed to a chamber temperature of 40°C. Similarly, *Mohapatra et al* (2021) and *Garcia et al* (2015) found elevated AST activities in heat-stressed cows, with no effect on ALT. In the case of ruminants, the liver cells do not exhibit high levels of ALT activity in contrast to AST, and the high level of ALT following liver injury, such as necrosis, is negligible as noted by *Forenbacher* (1993). However, contrasting results have been reported in some studies, where significant increases in both AST and ALT activities were observed under heat stress conditions. This was noted in the work of *Singh et al* (2012), *Kamal et al* (1989) and *Yadav et al* (2016). Furthermore *Kim et al* (2022), mention that the calves under heat stress show a high level of cortisol in their blood with increasing AST, and ALT levels of activities, where they are used as markers for liver-damaging (*Panteghini*, 1990). It is also important to note that many of these studies relied on relatively small sample sizes, which could influence the reliability of their findings. For example, *Mohapatra et al* (2021) included 24 animals per group in their study, *Singh et al* (2012) analysed only 6 animals per group, and *Kamal et al* (1989) examined just 8 animals. These limited sample sizes may reduce the statistical power of the results, highlighting the need for larger-scale studies to validate these findings and establish more robust conclusions. In other studies where they focused on seasonal effect and taking summer as heat stress period, *Marai et al* (1995) showed a seasonal variation in the function of the liver as the activities of AST and ALT were higher in summer. *Garcia et al* (2015) studied the relationship between heat stress and blood parameters, they found as a result the heat-stressed cows had higher levels of cholesterol, glucose, albumin, and total protein and higher AST activity compared to thermoneutral cows. Contrary, *Alameen and Abdelatif* (2012) found a decrease in the activities

of AST in the blood of crossbreed dairy cows in summer compared to winter and the activity of ALT was higher in winter. In the study by *Srikandakumar and Johnson* (2004), the authors conducted a systematic investigation into the impact of heat stress on the blood parameters of three distinct bovine breeds, Holstein, Jersey and Australian Milking Zebu. The authors measured the subjects' blood parameters during both winter and summer months to account for the possible influence of seasonal variations on their findings. The results show a decrease in the level of AST observed in all three breeds under heat stress conditions. In summary, the majority of research confirms an increase in AST activity under heat stress conditions, while results for ALT remain highly contradictory. However, previous studies have not considered the potential effect of photoperiod, which may significantly influence enzyme and hormone activities in the body. This oversight raises concerns about the accuracy of studies conducted across different seasons. Although photoperiod and heat stress are closely related, accounting for photoperiod in research could help distinguish the specific effects of heat stress. Given the high number of conflicting results, a study with a larger sample size that accounts for the influence of photoperiod is essential to obtain more reliable and conclusive findings.

4. β -hydroxybutyrate (BHB)

The β -hydroxybutyrate (BHB) is a crucial component of the primary ketone bodies found in dairy cows, accounting for approximately 70% of the total volume of ketone bodies present in this compound (*Guliński*, 2021). The BHB levels serve as an indicator of metabolic disturbances such as ketosis and fatty liver (*Song et al*, 2016). The increase in BHB in the blood is caused by the cow's inability to adapt to negative energy balance (NEB) and declining the metabolic sources of glycogenotic substances, which results in excessive mobilization of adipose reserves and the release of abnormal amounts of non-esterified fatty acids (NEFA) and ketone bodies, including BHB, into the bloodstream (*Benedet et al*, 2019). The primary source of BHB is the ketogenesis process, as well as the action of butyrate-producing bacteria in the rumen (*Puppel et al*, 2019). However, BHB is only partially metabolized in the liver of dairy cows, leading to an accumulation of BHB in the blood and liver, resulting in hyperketonemia (*Song et al*, 2016). The BHB and NEFA are two key diagnostic markers of ketosis, with normal BHB levels in healthy cows being below 1.2 mmol/L, elevated levels, exceeding 1.2 or even 1.5 mmol/L, may indicate the presence of clinical or subclinical disease (*Iwersen et al*, 2013). The increased concentration of BHB in the blood has a detrimental effect on the cow's immune system, overall health, and milk supply (*McArt et al*, 2013). *Mečionytė et al* (2022) investigated the impact of elevated BHB levels on cow performance and found that an increase in BHB concentration was associated with a delay in the first insemination day and an increase in the insemination rate. The results of recent studies have demonstrated that dairy cows subjected to a prolonged BHB infusion experienced modifications to both systemic and local mammary metabolism as well as an impact on the immunological response of the mammary gland (*Zarrin et al*, 2013). Furthermore, this BHB infusion resulted in a decrease in the concentrations of plasma glucose and glucagon (*Zarrin*,

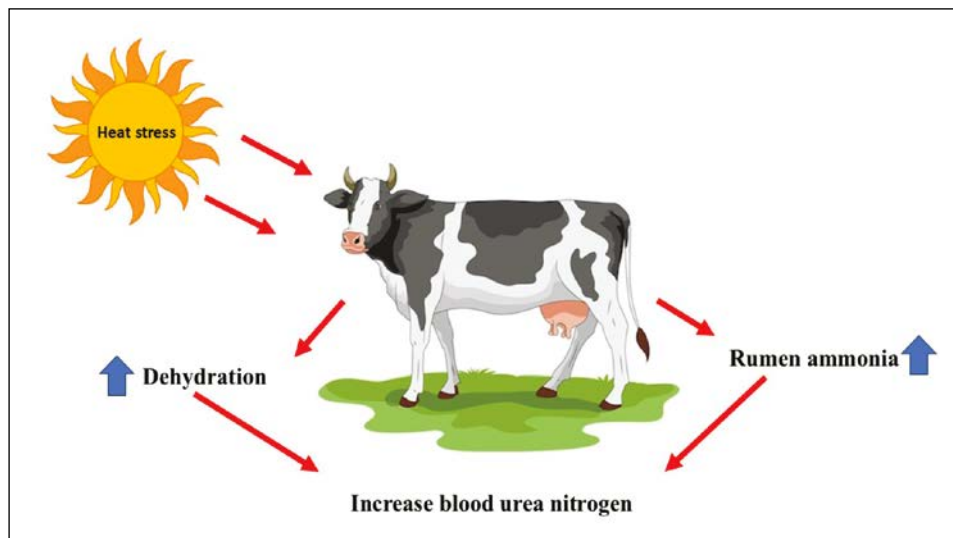
2014). According to *Compton et al* (2015), the cows whose BHB levels exceeded 1.2 mmol/L within the first five days post-partum were at a 2.5 times greater risk of developing a uterine infection by the first month after calving. Additionally, those cows that had BHB levels exceeding 1.2 mmol/L at any point during the first five weeks post-partum had a 7% lower pregnancy rate within the first six weeks of breeding. Several factors affect the level of BHB in the blood of cows as according to *Rodriguez et al* (2021) the highest concentrations of blood BHB post-partum have been found at 7 days after calving in cows with increased body condition score (BCS) loss during the late dry season and greater parity. The level of BHB in the blood can also be affected by a cow's lactation stage. Cows that are in early lactation had higher levels of BHB compared to those in late lactation. Also, it increases over parities (*Ranaraja et al*, 2016). According to the research conducted by *Dhiman et al* (1991), it was established that there was a significant increase in the concentration of BHB in the blood during the initial four weeks of lactation. The increase was observed when the proportion of forage in the diet was raised from 38.2% to 98.2%. Further, the study conducted by *Hutjens and Schultz* (1971) also confirms that an increase in BHB concentration in the blood can be achieved by incorporating silages with high moisture content in the diet. These findings suggest that dietary modifications play a crucial role in determining the concentration of BHB in the blood. Focusing on the effect of the heat stress on the levels of BHB in dairy cows, *Turk et al* (2020) conducted a comparative study between two groups of cows; one group calved in the summer while the other group calved in autumn. The results of the study indicated that the autumn group had significantly higher levels of beta-hydroxybutyrate (BHB) in their blood. Additionally, *Garcia et al* (2015) conducted research to examine the levels of BHB in cows under both thermoneutral conditions and heat stress conditions. The findings of their study showed that there was no significant difference in the levels of BHB between the two conditions. *Moreira et al* (2015) concluded that heat stress does not significantly affect BHB levels in dairy cows, suggesting that the metabolic processes regulating BHB production and utilisation remain stable under environmental challenges. These findings are consistent with studies by *Cartwright et al* (2023), *Stefanska et al* (2024) and *Ellett et al* (2024), which highlighted the resilience of BHB levels under heat stress, reinforcing the idea that dairy cows may employ physiological mechanisms to maintain energy balance during periods of elevated temperatures. Collectively, this growing body of research indicates that BHB levels may not reliably reflect the impact of heat stress in dairy cows. In contrast, *Ronchi et al* (1999) observed elevated BHB levels in cattle subjected to heat stress, a finding corroborated by *Belić et al* (2011), who reported similar increases in cows exposed to high temperatures. They attributed these results to the fact that heat stress exacerbates NEB by reducing dry matter intake (DMI) while simultaneously increasing energy demands for milk production (*West*, 2003; *Xu et al*, 2015). When NEB becomes severe, fat mobilization intensifies, leading to elevated blood concentrations of (NEFA) and (BHB) (*Liu et al*, 2014). This metabolic imbalance increases the risk of ketosis and fatty liver disease, which can further compromise cow health and productivity. However, these contradictory results could stem from methodological limitations. For example, *Ronchi et al* (1999) studied only 16-month-old heifers, with five animals per group, while *Belić et al*

(2011) included just 12 cows in their experiment. In comparison, studies reporting no effect of heat stress on BHB levels generally employed larger sample sizes, lending greater reliability to their conclusions. Consequently, the evidence strongly suggests that heat stress does not have a substantial impact on BHB levels, with findings from well-designed studies supporting this conclusion, indicating that BHB levels may not serve as a reliable indicator of heat stress in dairy cows.

5. Blood urea nitrogen content

In the field of livestock production research, the measurement of blood urea nitrogen content in ruminants has become a conventional approach for evaluating the protein status of cattle (*Hammond*, 1983). According to *Kaneko* (2008) the reference values for urea concentration in the blood of cows is typically within the range of 1.11 to 1.67 mmol/L. According to *Wheelock et al* (2010), the production of plasma urea nitrogen can occur through two primary mechanisms: hepatic deamination of amino acids released from skeletal muscle, or an inadequate absorption of rumen ammonia into microbial protein. The increase in urea concentration in the blood can be a result of various physiological and pathological conditions such as acidosis, pregnancy toxemia, urinary tract infections, diarrhoea, thirst, and dehydration (*Igbokwe*, 1993; *Nauriyal and Baxi*, 1978; *Radostits et al*, 2007; *Singh et al*, 1992). As documented by *Park et al* (2010), the rise in blood urea nitrogen levels has the potential to augment the danger of lipid mobilization. Furthermore, elevated plasma urea concentrations signify increased liver ammonia detoxification (*Law et al*, 2009). There are several determinants that can influence the concentration of urea in the blood, including the degradation of rumen, the quantity and solubility of dietary carbohydrates, the degradation of muscle tissue, the renal and hepatic function, the quantity of amino acids in the diet, and the protein intake (*Van Saun*, 1997). The correlation between dietary intake and urea concentration has been established, and as observed in a study by *Folman et al* (1981), an increase in nitrogen in the diet of lactating dairy cows leads to a proportionate increase in blood urea nitrogen levels. However, consuming a diet that is excessively rich in protein (>16%) is not recommended as it may result in heightened excretion of urea and negatively impact energy balance, as noted in a study by (*Van Saun*, 1997). Multiple studies have indicated that heat stress significantly impacts the levels of urea in the blood of cows. For instance, *Gao et al* (2017) observed heightened blood urea nitrogen levels in multiparous cows exposed to heat stress. Similarly, *Wheelock et al* (2010) reported an increase in urea levels in a group of cows subjected to heat stress. *Garner et al* (2017) noted that short-term heat stress led to an increase in plasma non-esterified fatty acids (NEFA) and urea, findings that were also supported by *Kim et al* (2022) and *Roths et al* (2023). In contrast, *Alameen and Abdelatif* (2012) found decreased blood urea levels in crossbred dairy cows during summer compared to winter. Similarly, *Srikandakumar and Johnson* (2004) and *Valencia et al* (2024) reported a decrease in blood urea levels in cows under heat stress. However, these studies had small sample sizes and lacked information on the feed provided to the cows. In conclusion, studies that found heat stress increases blood urea nitrogen levels tend to have clearer methodologies compared to others. The increase

Figure 2. Factors affecting blood urea nitrogen in cows



2. ábra: A tehének vér karbamid-nitrogéntartalmát befolyásoló tényezők

in blood urea nitrogen levels during heat stress can be explained, on the one hand, by dehydration caused by elevated temperature, which concentrates urea in the blood (*Tshuma et al, 2023*). On the other hand, heat stress often reduces rumen motility and microbial efficiency, impairing microbial protein synthesis and increasing ammonia absorption from the rumen (Fig. 2). This ammonia is then converted into urea in the liver (*Baumgard and Rhoads, 2013; Cowley et al, 2015; Zhao et al, 2019*).

6. Conclusion

The relationship between heat stress and its impact on various blood parameters in dairy cows remains a subject of debate. The existing literature is inconsistent, with some studies suggesting that hot weather conditions can lead to increased levels of AST, ALT, BHB, and urea, while others report the opposite. Based on current findings, AST and urea appear to be negatively affected by heat stress and could potentially serve as indicators of heat stress in dairy cows. Conversely, evidence strongly suggests that heat stress does not have a significant impact on BHB levels. Findings from well-designed studies indicate that BHB levels may not be reliable indicators of heat stress in dairy cows. For ALT, however, further research is needed to draw clear conclusions. This disparity underscores the necessity for additional studies with larger sample sizes and robust study designs that account for critical factors such as photoperiod, feed, and sampling time, as these variables can influence results. Such efforts are essential to develop a more comprehensive understanding of the effects of heat stress fluctuations on these blood parameters.

7. References

- Ahmad, I. – Gohar, A. – Ahmad, N. – Ahmad, M. (2003): Haematological profile in cyclic, non-cyclic and endometritic cross-bred cattle. *Int. J. Agric. Biol.*, 5. 332–334.
- Alameen, A. O. – Abdelatif, A. M. (2012): Metabolic and endocrine responses of crossbred dairy cows in relation to pregnancy and season under tropical conditions. *Am.-Eurasian J. Agric. Environ. Sci.*, 12. 1065–1074. <https://doi.org/10.5829/idosi.aejaes.2012.12.08.6619>
- Anderson, B. H. – Watson, D. L. – Colditz, I. G. (1999): The effect of dexamethasone on some immunological parameters in cattle. *Vet. Res. Commun.*, 23. 399–413. <https://doi.org/10.1023/A:1006365324335>
- Baumgard, L. H. – Rhoads Jr, R. P. (2013): Effects of heat stress on postabsorptive metabolism and energetics. *Annu. Rev. Anim. Biosci.*, 1. 311–337. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-031412-103644>
- Belić, B. – Cincović, M. R. – Popović-Vranješ, A. – Pejanović, R. – Krajnović, M. (2011): Metabolic changes and metabolite utilization in milk production in cows under heat stress. *Mljekarstvo*, 61. 309–318.
- Benedet, A. – Manuelian, C. L. – Zidi, A. – Penasa, M. – De Marchi, M. (2019): Invited review: β -hydroxybutyrate concentration in blood and milk and its associations with cow performance. *Animal*, 13. 1676–1689. <https://doi.org/10.1017/S175173111900034X>
- Berian, S. – Gupta, S. K. – Sharma, S. – Ganai, I. – Dua, S. – Sharma, N. (2019): Effect of heat stress on physiological and hemato-biochemical profile of cross bred dairy cattle. *J. Anim. Res.*, 9. 95–101. <https://doi.org/10.30954/2277-940X.01.2019.13>
- Bernabucci, U. – Lacetera, N. – Baumgard, L. H. – Rhoads, R. P. – Ronchi, B. – Nardone, A. (2010): Metabolic and hormonal acclimation to heat stress in domesticated ruminants. *Animal*, 4. 1167–1183. <https://doi.org/10.1017/S175173111000090X>
- Cartwright, S. L. – Schmied, J. – Karrow, N. – Mallard, B. A. (2023): Impact of heat stress on dairy cattle and selection strategies for thermotolerance: A review. *Front. Vet. Sci.*, 10 1198697. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1198697>
- Cincović, M. R. – Belić, B. – Vidović, B. – Krčmar, L. J. (2011): Reference values and frequency distribution of metabolic parameters in cows during lactation and in pregnancy. *Contemp. Agric.*, 60. 175–182.
- Coles, E. H. (1967): *Veterinary clinical pathology*. W. B. Saunders Company.
- Compton, C. W. R – Young, L. – McDougall, S. (2015): Subclinical ketosis in post-partum dairy cows fed a predominantly pasture-based diet: defining cut-points for diagnosis using concentrations of beta-hydroxybutyrate in blood and determining prevalence. *NZ Vet. J.* 63. 241–248. <https://doi.org/10.1080/00480169.2014.999841>
- Cowley, F. C. – Barber, D. G. – Houlihan, A. V. – Poppi, D. P. (2015): Immediate and residual effects of heat stress and restricted intake on milk protein and casein composition and energy metabolism. *J. Dairy Sci.*, 98. 2356–2368. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8442>
- Dhiman, T. R. – Kleinmans, J. – Tessmann, N. J. – Radloff, H. D. – Van Evert, P. – Satter, L. D. (1991): Effect of dietary forage: grain ratio on blood constituents in dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 74. 2691–2695. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(91\)78447-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(91)78447-6)
- Douglas, G. N. – Rehage, J. – Beaulieu, A. D. – Bahaa, A. O. – Drackley, J. K. (2007): Prepartum nutrition alters fatty acid composition in plasma, adipose tissue, and liver lipids of periparturient dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 90. 2941–2959. <https://doi.org/10.3168/jds.2006-225>
- Doornenbal, H. – Tong, A. K. – Murray, N. L. (1988): Reference values of blood parameters in beef cattle of different ages and stages of lactation. *Can. J. Vet. Res.* 52. 99.
- Dutta, J. C. – Baruah, R. N. – Dutta, L. – Talukdar, S. C. (1988): Blood biochemical studies in anoestrous and normal cyclic cattle. *Ind. Vet. J.*, 65. 239–241.

- El-Ghoul, W. – Hofmann, W. – Khamis, Y. – Hassanein, A. (2000): Beziehungen zwischen Klauenerkrankungen und peripartalen Zeitraum bei Milchrindern. *Prakt. Tierarzt*, 82. 862–868.
- Ellett, M. D. – Rhoads, R. P. – Hanigan, M. D. – Corl, B. A. – Perez-Hernandez, G. – Parsons, C. L. M – Baumgard, L. H. – Daniels, K. M. (2024): Relationships between gastrointestinal permeability, heat stress, and milk production in lactating dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 107. 5190–5203. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24043>
- El-Nouty, F. D. – Al-Haidary, A. A. – Salah, M. S. (1990): Seasonal variation in hematological values of high-and average yielding Holstein cattle in semi-arid environment. *J. King. Saud. Univ.*, 2. 173–182.
- Folman, Y. – Neumark, H. – Kaim, M. – Kaufmann, W. (1981): Performance, rumen and blood metabolites in high-yielding cows fed varying protein percents and protected soybean. *J. Dairy Sci.*, 64. 759–768. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(81\)82645-8](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(81)82645-8)
- Forenbacher, S. (1993): Clinical pathology of digestion and metabolism in domestic Animals. Vol. 2.: Liver. Croatian Academy of Sciences and Arts, Zagreb.
- Gaina, C. D. – Sanam, M. U. E. – Nalley, W. M. M. – Benu, I. – Saputra, A. (2020): Blood AST and ALT profile of Sumba Ongole cattle. *ARSHI Vet. Let.*, 4 17–18. <https://doi.org/10.29244/avl.4.1.17-18>
- Gao, S. T. – Guo, J. – Quan, S. Y. – Nan, X. M. – Fernandez, M. V. S. – Baumgard, L. H. – Bu, D. P. (2017): The effects of heat stress on protein metabolism in lactating Holstein cows. *J. Dairy Sci.*, 100. 5040–5049. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11913>
- Garcia, A. B. – Angeli, N. – Machado, L. – de Cardoso, F. C. – Gonzalez, F. (2015): Relationships between heat stress and metabolic and milk parameters in dairy cows in southern Brazil. *Trop. Anim. Health Prod.*, 47. 889–894. <https://doi.org/10.1007/s11250-015-0804-9>
- Garner, J. B. – Douglas, M. – Williams, S. R. O. – Wales, W. J. – Maret, L. C. – DiGiacomo, K. – Leury, B. J. – Hayes, B. J. (2017): Responses of dairy cows to short-term heat stress in controlled-climate chambers. *Anim. Prod. Sci.*, 57. 1233–1241. <https://doi.org/10.1071/AN16472>
- Geneser, F. (1985): Color atlas of histology, Munks- gaard (Lea and Febiger). Copenhagen.
- Guliński, P. (2021): Ketone bodies - causes and effects of their increased presence in cows' body fluids: A review. *Vet. World*, 14. 1492–1503. www.doi.org/10.14202/vetworld.2021.1492-1503
- Hammond, A. C. (1983): The use of blood urea nitrogen concentration as an indicator of protein status in cattle. *Bov. Pract.*, 114–118.
- Hawley, A. W.L. – Peden, D. G. (1982): Effects of ration, season and animal handling on composition of bison and cattle blood. *J. Wildl. Dis.*, 18. 321–338. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-18.3.321>
- Hooda, O. K. – Singh, G. (2010): Effect of thermal stress on feed intake, plasma enzymes and blood biochemicals in buffalo heifers. *Ind. J. Anim. Nutr.*, 27. 122–127.
- Hutjens, M. F. – Schultz, L. H. (1971): Addition of soybeans or methionine analog to high-concentrate rations for dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 54., 1637–1644. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(71\)86083-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(71)86083-6)
- Igbokwe, I. O. (1993): Haemoconcentration in Yankasa sheep exposed to prolonged water deprivation. *Small Rum. Res.*, 12. 99–105. [https://doi.org/10.1016/0921-4488\(93\)90042-G](https://doi.org/10.1016/0921-4488(93)90042-G)
- Kamal, T. H. – Habeeb, A. A. – Abdel-Samee, A. M. – Marai, I. F. M. (1989): Milk production of heat stressed Friesian cows and its improvement in the subtropics, in: International Symposium on the Constraints and Possibilities of Ruminant Production in the Dry Subtropics, Cairo, Egypt. EAAP. Publication. pp. 156–158.
- Kaneko, J. J. (2008): Clinical biochemistry of domestic animals. Academic press.
- Kim, W. S. – Ghassemi Nejad, J. – Peng, D. Q. – Jo, Y. H. – Kim, J. – Lee, H. G. (2022): Effects of different protein levels on growth performance and stress parameters in beef calves under heat stress. *Sci. Rep.*, 12. 8113. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-631186/v2>
- Law, R. A. – Young, F. J. – Patterson, D. C. – Kilpatrick, D. J. – Wylie, A. R. G. – Mayne, C. S. (2009): Effect of dietary protein content on the fertility of dairy cows during early and mid lactation. *J. Dairy Sci.*, 92. 2737–2746. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1420>

- Liu, L. – Li, X. – Li, Y. – Guan, Y. – Song, Y. – Yin, L. – Liu, G. (2014): Effects of nonesterified fatty acids on the synthesis and assembly of very low density lipoprotein in bovine hepatocytes in vitro. *J. Dairy Sci.*, 97. 1328–1335. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-6654>
- Marai, I. F. M. – Habeeb, A. A. – Daader, A. H. – Yousef, H. M. (1995): Effects of Egyptian subtropical summer conditions and the heat-stress alleviation technique of water spray and a diaphoretic on the growth and physiological functions of Friesian calves. *J. Arid Environ.*, 30. 219–225. [https://doi.org/10.1016/S0140-1963\(05\)80073-4](https://doi.org/10.1016/S0140-1963(05)80073-4)
- McArt, J. A. A. – Nydam, D. V. – Oetzel, G. R. – Overton, T. R. – Ospina, P. A. (2013): Elevated non-esterified fatty acids and β -hydroxybutyrate and their association with transition dairy cow performance. *Vet. J.*, 198. 560–570. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2013.08.011>
- McDowell, L. R. (2003): Minerals in animal and human nutrition. Elsevier, <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-51367-0.X5001-6>
- Mečionytė, I. – Palubinskas, G. – Anskienė, L. – Japertienė, R. – Juodžentytė, R. – Žilaitis, V. (2022): The effect of supplementation of rumen-protected choline on reproductive and productive performances of dairy cows. *Animals*, 12. 1807. <https://doi.org/10.3390/ani12141807>
- Meyer, D. J. – Harvey, J. W. (1998): Evaluation of hepatobiliary system and skeletal muscle and lipid disorders. *Veterinary laboratory medicine. Interpretation and diagnosis*. 2nd Edit. Philadelphia, London, Toronto, Montreal. Meyer, DJ, *Vet. archive* 75. 67–73.
- Mohapatra, S. – Kundu, A. K. – Mishra, S. R. – Senapati, S. – Jyotirajan, T. – Panda, G. (2021): HSF1 and GM-CSF expression, its association with cardiac health, and assessment of organ function during heat stress in crossbred Jersey cattle. *Res. Vet. Sci.*, 139. 200–210. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2021.07.018>
- Mordak, R. – Nicpoń, J. (2006): Values of some blood parameters in dairy cows before and after delivery as a diagnostic monitoring of health in herd. *EJPAU*, 9. 1–5. <http://www.ejpau.media.pl/volume9/issue2/art-20.html>
- Moreira, T. F. – Facury Filho, E. J. – Meneses, R. M. – Mendonça, F. L. M. – Lima, J. A. M. – Carvalho, A. U. (2015): Energy profile of crossbred dairy cows in the transition period in two seasons. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 67. 1327–1334. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4162-8287>
- Nauriyal, D. C. – Baxi, K. K. (1978): Biomedical profile of crossbred cattle and buffaloes in experimentally induced ruminal lactic acidosis: I. Intra ruminal molasses administration. *Zentralbl. Veterinarmed. A*, 25. 450–457.
- Panteghini, M. (1990): Aspartate aminotransferase isoenzymes. *Clin. Biochem.*, 23. 311–319. [https://doi.org/10.1016/0009-9120\(90\)80062-N](https://doi.org/10.1016/0009-9120(90)80062-N)
- Park, A. F. – Shirley, J. E. – Titgemeyer, E. C. – Cochran, R. C. – DeFrain, J. M. – Wickersham, E. E. – Johnson, D. E. (2010): Characterization of plasma metabolites in Holstein dairy cows during the periparturient period. *Int. J. Dairy Sci.*, 5. 253–263. <https://doi.org/10.3923/ijds.2010.253.263>
- Petit, H. V. – Palin, M. F. – Doepel, L. (2007): Hepatic lipid metabolism in transition dairy cows fed flaxseed. *J. Dairy Sci.*, 90. 4780–4792. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0066>
- Pradhan, P. – Shukla, P. R. – Skea, J. – Buendia, E. C. – Masson-Delmotte, V. – Pörtner, H. O. – Roberts, R. (2022): Summary for Policymakers: IPCC Special Report on Climate Change and Land.
- Puppel, K. – Gofębiewski, M. – Solarczyk, P. – Grodkowski, G. – Ślósarz, J. – Kunowska-Ślósarz, M. – Balcerak, M. – Przysucha, T. – Kalińska, A. – Kuczyńska, B. (2019): The relationship between plasma β -hydroxybutyric acid and conjugated linoleic acid in milk as a biomarker for early diagnosis of ketosis in postpartum Polish Holstein-Friesian cows. *BMC Vet. Res.*, 15. 367. <https://doi.org/10.1186/s12917-019-2131-2>
- Pyne, A. K. – Maitra, D. N. (1981): Physiological studies on blood of lactating Harijana and Sahiwal cattle. *Ind. Vet. J.*, 58. 526–528
- Quintela, L. A. – Becerra, J. J. – Rey, C. – Díaz, C. – Cainzos, J. – Rivas, F. – Huanca, W. – Prieto, A. – Herradón, P. G. (2011): Perfiles metabólicos en preparto, parto y postparto en vacas de raza rubia gallega: estudio preliminar. *Rec. Rur.*, 7. 5–14. <https://doi.org/10.15304/rr.id88>

- Radkowska, I. – Herbut, E. (2014): Hematological and biochemical blood parameters in dairy cows depending on the management system. *Anim Sci. Pap. Rep.*, 32. 317–325.
- Radostits, O. M. – Gay, C. C. – Hinchcliff, K. W. – Constable, P. D. (2007): Diseases caused by fungi. *Veterinary Medicine: A textbook of the diseases of cattle, horses, sheep, pigs and goats*. 10th edition. Saunders Elsevier Ltd. Philadelphia, USA 842–860.
- Ranaraja, U. – Cho, K. H. – Park, M. N. – Choi, T. J. – Kim, S. D. – Lee, J. – Kim, H. S. – Do, C. H. (2016): Impact of environmental factors on milk β -hydroxybutyric acid and acetone levels in Holstein cattle associated with production traits. *Kor. J. Agric. Sci.*, 43. 394–400. <https://doi.org/10.7744/kjoas.20160042>
- Rodriguez, Z. – Shepley, E. – Ferro, P. P. C. – Moraes, N. L. – Antunes Jr, A. M. – Cramer, G. – Caixeta, L. S. (2021): Association of body condition score and score change during the late dry period on temporal patterns of beta-hydroxybutyrate concentration and milk yield and composition in early lactation of dairy cows. *Animals*, 11. 1054. <https://doi.org/10.3390/ani11041054>
- Ronchi, B. – Bernabucci, U. – Lacetera, N. – Verini Supplizi, A. – Nardone, A. (1999): Distinct and common effects of heat stress and restricted feeding on metabolic status of Holstein heifers. *Zootec. Nutr. Anim.*, 23 3–15.
- Roths, M. – Abeyta, M. A. – Wilson, B. – Rudolph, T. E. – Hudson, M. B. – Rhoads, R. P. – Baumgard, L. H. – Selsby, J. T. (2023): Effects of heat stress on markers of skeletal muscle proteolysis in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 106. 5825–5834. <https://doi.org/10.3168/jds.2022-22678>
- Sakowski, T. – Kuczyńska, B. – Puppel, K. – Metera, E. – Słoniewski, K. – Barszczewski, J. (2012): Relationships between physiological indicators in blood, and their yield, as well as chemical composition of milk obtained from organic dairy cows. *J. Sci. Food. Agric.*, 92. 2905–2912. <https://doi.org/10.1002/jsfa.5900>
- Sattar, A. – Mirza, R. H. (2009): Haematological parameters in exotic cows during gestation and lactation under subtropical conditions. *Pakistan Vet. J.*, 29. 129–132.
- Scamell, J. M. (2006): Healthy land for healthy cattle. *Cattle Pract.*, 14. 143–152.
- Shearer, J. K. – Beede, D. K. (1990): Effects of high environmental temperature on production, reproduction, and health of dairy cattle. *Agri. Pract.*, 11. 6–17.
- Singh, S. K. – Prasad, M. C. – Nem, S. – Ramakrishna, C. (1992): Clinicobiochemical studies on induced pregnancy toxemia in sheep. *Ind. J. Vet. Path.*, 16. 85–90.
- Singh, S. P. – Hooda, O. K. – Kundu, S. S. – Singh, S. (2012): Biochemical changes in heat exposed buffalo heifers supplemented with yeast. *Trop. Anim. Health Prod.*, 44. 1383–1387. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0075-7>
- Skibieli, A. L. – Zachut, M. – do Amaral, B. C. – Levin, Y. – Dahl, G. E. (2018): Liver proteomic analysis of postpartum Holstein cows exposed to heat stress or cooling conditions during the dry period. *J. Dairy Sci.*, 101. 705–716. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13258>
- Song, Y. – Li, N. – Gu, J. – Fu, S. – Peng, Z. – Zhao, C. – Zhang, Y. – Li, X. – Wang, Z. – Li, X. (2016): β -Hydroxybutyrate induces bovine hepatocyte apoptosis via an ROS-p38 signaling pathway. *J. Dairy Sci.*, 99. 9184–9198. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11219>
- Srikandakumar, A. – Johnson, E. H. (2004): Effect of heat stress on milk production, rectal temperature, respiratory rate and blood chemistry in Holstein, Jersey and Australian Milking Zebu cows. *Trop. Anim. Health Prod.*, 36. 685–692. <https://doi.org/10.1023/B:TROP.0000042868.76914.a9>
- Stefanska, B. – Pruszyńska-Oszmalek, E. – Fievez, V. – Purwin, C. – Nowak, W. (2024): Impact of heat stress during close-up dry period on performance, fertility and immunometabolic blood indices of dairy cows: prospective cohort study. *Sci. Rep.*, 14. 21211. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-72294-2>
- Stengårde, L. – Tråvén, M. – Emanuelson, U. – Holtenius, K. – Hultgren, J. – Niskanen, R. (2008): Metabolic profiles in five high-producing Swedish dairy herds with a history of abomasal displacement and ketosis. *Acta Vet. Scand.*, 50. 31. <https://doi.org/10.1186/1751-0147-50-31>

- Stojević, Z. – Piršljini, J. – Milinković-Tur, S. – Zdelar-Tuk, M. – Beer Ljubić, B. (2005): Activities of AST, ALT and GGT in clinically healthy dairy cows during lactation and in the dry period. *Vet. Arh.*, 75. 67–73.
- Tainturier, D. – Braun, J. P. – Rico, A. G. – Thouvenot, J. P. (1984): Variations in blood composition in dairy cows during pregnancy and after calving. *Res. Vet. Sci.*, 37. 129–131. [https://doi.org/10.1016/S0034-5288\(18\)31892-7](https://doi.org/10.1016/S0034-5288(18)31892-7)
- Tibbo, M. – Jibril, Y. – Woldemeskel, M. – Dawo, F. – Aragaw, K. – Rege, J. E. O. (2008): Serum enzymes levels and influencing factors in three indigenous Ethiopian goat breeds. *Trop. Anim. Health Prod.*, 40. 657–666. <https://doi.org/10.1007/s11250-008-9145-2>
- Tshuma, T. – Fosgate, G. – Webb, E. – Swanepoel, C. – Holm, D. (2023): Effect of temperature and humidity on milk urea nitrogen concentration. *Animals*, 13. 295. <https://doi.org/10.3390/ani13020295>
- Turk, R. – Rošić, N. – Vince, S. – Perković, S. – Samardžija, M. – Beer-Ljubić, B. – Belić, M. – Robić, M. (2020): The influence of heat stress on energy metabolism in Simmental dairy cows during the periparturient period. *Vet. Arh.*, 90. 1–10. <https://doi.org/10.24099/vet.arhiv.0856>
- Valencia, R. – Kim, S. H. – Berdos, J. – Kim, M. H. – Lee, S. S. – Lee, S. S. (2024): Metabolic and metatranscriptomic changes in lactating Holstein dairy cows during the transition from heat stress to the recovery period. *J. Anim. Sci. Technol.*, <https://doi.org/10.5187/jast.2024.e97>
- Van Den Top, A. M. – Wensing, T. – Geelen, M. J. H. – Wentink, G. H. – Van't Klooster, A. T. – Beynen, A. C. (1995): Time trends of plasma lipids and enzymes synthesizing hepatic triacylglycerol during postpartum development of fatty liver in dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 78. 2208–2220. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(95\)76848-5](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(95)76848-5)
- Van Saun, R. J. (1997): Nutritional profiles: a new approach for dairy herds. *Bov. Pract.*, 43–49. <https://doi.org/10.21423/bovine-vol1997no31.2p43-49>
- West, J. W. (2003): Effects of heat-stress on production in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 86. 2131–2144. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(03\)73803-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(03)73803-X)
- Wheelock, J. B. – Rhoads, R. P. – VanBaale, M. J. – Sanders, S. R. – Baumgard, L. H. (2010): Effects of heat stress on energetic metabolism in lactating Holstein cows¹. *J. Dairy Sci.*, 93. 644–655. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2295>
- Whitaker, D. A. – Macrae, A. I. – Burrough, E. (2005): Nutrition, fertility and dairy herd productivity. *Cattle Pract.*, 13. 27–32.
- Xu, C. – Shu, S. – Xia, C. – Wang, P. – Sun, Y. – Xu, C. – Li, C. (2015): Mass spectral analysis of urine proteomic profiles of dairy cows suffering from clinical ketosis. *Vet. Quart.*, 35. 133–141. <https://doi.org/10.1080/01652176.2015.1055352>
- Yadav, B. – Singh, G. – Wankar, A. – Dutta, N. – Chaturvedi, V. B. – Verma, M. R. (2016): Effect of simulated heat stress on digestibility, methane emission and metabolic adaptability in crossbred cattle. *AJAS*, 29. 1585–1592. <https://doi.org/10.5713/ajas.15.0693>
- Zarrin, M. (2014): Metabolic adaptations and changes of the mammary immune response during beta-hydroxybutyrate administration. PhD Thesis, University of Bern.
- Zarrin, M. – De Matteis, L. – Vernay, M. C. M. B. – Wellnitz, O. – van Dorland, H. A. – Bruckmaier, R. M. (2013): Long-term elevation of β -hydroxybutyrate in dairy cows through infusion: Effects on feed intake, milk production, and metabolism. *J. Dairy Sci.*, 96. 2960–2972. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-6224>
- Zhao, S. – Min, L. – Zheng, N. – Wang, J. (2019): Effect of heat stress on bacterial composition and metabolism in the rumen of lactating dairy cows. *Animals*, 9. 925. <https://doi.org/10.3390/ani9110925>
- Zimmerman, H. J. – Dujovne, C. A. – Levy, R. (1968): The correlation of serum levels of two transaminases with tissue levels in six vertebrate species. *Comp. Biochem. Physiol.*, 25. 1081–1089. [https://doi.org/10.1016/0010-406X\(68\)90593-8](https://doi.org/10.1016/0010-406X(68)90593-8)

Authors' address: *Baccouri, W. :*

Doctoral School of Animal Science, University of Debrecen, 4032 Debrecen, Hungary.

Szerzők címe:

Department of Animal Science, Institute of Animal Science, Biotechnology and Natural Conservation, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen, 4032 Debrecen, Böszörményi út 138., Hungary.
Institute of Animal Sciences and Wildlife Management, Faculty of Agriculture, University of Szeged, 6800 Hódmezővásárhely, Hungary.
Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar, Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet, H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.
Szegedi Egyetem, Mezőgazdasági Kar, Állattudományi és Vadgazdálkodási Intézet, H-6800 Hódmezővásárhely, Andrassy út 15.

Wanjala, G – Tóth, V – Mikó, E :*

Institute of Animal Sciences and Wildlife Management, Faculty of Agriculture, University of Szeged, 6800 Hódmezővásárhely, Hungary.
Szegedi Egyetem, Mezőgazdasági Kar, Állattudományi és Vadgazdálkodási Intézet, H-6800 Hódmezővásárhely, Andrassy út 15.

*corresponding author (levelező szerző), e-mail: miko.edit@szte.hu

Komlósi, I. :

Doctoral School of Animal Science, University of Debrecen, 4032 Debrecen, Hungary.
Institute of Animal Science, Biotechnology and Natural Conservation, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen, 4032 Debrecen, Böszörményi út 138., Hungary.
Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar, Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet, H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.

A 2024-BEN SIKERESEN MEGVÉDETT PHD DISSZERTÁCIÓK ÖSSZEFOGLALÓI - ELSŐ RÉSZ

(SUMMARIES OF PHD DISSERTATIONS IN THE YEAR OF 2024 - PART ONE)

A fumonizin B sorozat hatása a patkányokból, sertésekből és nyulakból származó specifikus szövetek biomembránjainak zsírsavösszetételére

Fumonisin B series' implications on biomembranes' fatty acid compositions of specific tissues from rats, swine and rabbits

OMER ALFAROUG Ali

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
(Hungarian University of Agriculture and Life Sciences)
Állattenyésztési tudományok Doktori Iskola
(Doctoral School of Animal Science)
Kaposvár, 2024.

Témavezető (supervisor): SZABÓ András DSc

ÖSSZEFOGLALÁS

Első tanulmány. Ebben a tanulmányban hím Wistar patkányokat ($n = 6$ állat/csoport) kezeltünk tiszta fumonizin B₁-gyel (FB₁: 0, 20, 50 és 100 mg/kg takarmány dózis ekvivalens) intraperitoneálisan, 5, illetve 10 napig, a dózis- és expozíciós időfüggő hatások vizsgálata céljából, a vese és a máj foszfatidilkolin (PC), foszfatidilinozitol (PI) és foszfatidiletanolamin (PE) frakciók esetében. A vesében a PC frakció zsírsavai közül növekedést igazoltunk a telített zsírsavakban (Σ SFA) 5 napot követően, majd pedig 10 nap után jelentős csökkenést figyeltünk meg a többszörösen telítetlen zsírsavak arányában (Σ PUFA) (összes n_3 (Σn_3), összes n_6 (Σn_6), telítetlenségi index (UI) és átlagos szénlánc hossz (ACL), a legtöbb esetben lineáris dózisválasz formájában. A vese PC frakcióban további jelentős dóziszfüggő növekedést mutatott az összes egyszeresen telítetlen zsírsav (Σ MUFA) részaránya. Hasonló mintázatokat, de enyhébb formában figyeltünk meg a vese PI zsírsavakban, amelyek csökkenést mutattak a PUFA, (dóziszfüggő formában), UI és ACL esetében, mind 5, mind pedig 10 nap alatt, míg a vese PE frakció csökkenést mutatott a Σn_6 és növekedést a Σ SFA esetekben, de ez csak 5 nap után volt megfigyelhető. A májban a PC frakció zsírsavprofilja növekedést mutatott a telítettségben (C16:0) és csökkenést a többszörösen telítetlen C20 zsírsavak arányában (C20:3 n_6 és C20:3 n_3). Hasonló eredményeket figyeltünk meg a PI zsírsavprofilban 5 nap után, azonban a PC és PI zsírsavai nem reagáltak dóziszfüggő módon az FB₁-re. A PE zsírsavprofilban aránycsökkenést mutatott a C20:3 n_6 , és a Σn_6 , míg a dóziszfüggő növekedést mutatott a Σn_3 zsírsavcsoport. Az eredmények kifejezett érzékenységet jeleznek a vese esetében, megerősítve korábban publikált eredményeinket az oxidatív stresszel és a kórszöveti változásokkal kapcsolatban.

Második tanulmány. Ebben a tanulmányban 35 napos korú választott malacokat ($n = 6$ állat/csoport), 0, 15 és 30 mg/kg FB sorozatú mikotoxinokat (FB1, FB2 és FB3) tartalmazó kísérleti takarmánnyal kezeltünk 21 napig, elsősorban toxindózis-függő módosulások jellemzésére vörösvértest membránokban. A ouabain-szenzitív Na^+/K^+ ATPáz aktivitását mértük lizált sejtek membránjaiban, valamint elemeztük a membrán zsírsavprofil, illetve az antioxidáns és a lipid-peroxidációs paramétereket. 3 hét expozíció után szignifikáns különbség ($p = 0,036$; $R^2 = 0,58$) volt megfigyelhető a nátrium pumpa aktivitásában az eritrocita membránban a kontroll csoport és a 30 mg/kg takarmány-dózist kapott csoport között, a változás pedig dóziszfüggő volt. A sejtmembrán zsírsavprofilja határozottan telített volt, a csoportok közötti eltérések nem voltak szisztematikusak, de az enzimaktivitás és zsírsavprofil adatok együttes értékelésekor negatív összefüggést figyeltünk meg a nátrium pumpa aktivitása és az összes egyedi membrán n6 zsírsav aránya között. Függetlenül az alkalmazott FB toxinok dóziséjától, az intracelluláris antioxidánsok (például a redukált glutation (GSH) és a glutation-peroxidáz (GPx)) és a lipid-peroxidációs mutatók (konjugált diének, triének és malondialdehid (MDA)) nem mutattak értékelhető választ. Feltételezhető, hogy a FB mikotoxinok ceramid szintézis gátló hatása a sejtmembrán összetételére hatott. Ez a hatás dóziszfüggő volt, ami növekedést eredményezett a nátrium pumpa aktivitásában, amely negatívan korrelált az n6 zsírsavakkal, viszont nem járt együtt lipid-peroxidációval.

Harmadik tanulmány. Ebben a tanulmányban választott hímivarú malacokat hatos csoportokra osztottunk, és 0, 15 vagy 30 mg/kg FB-t tartalmazó kísérleti takarmányt kaptak, háromhetes expozíció keretében. A cél az volt, hogy megvizsgáljuk a különböző membránlipid osztályok/frakciók zsírsavösszetételét, a lipid peroxidáció mértékét és a májban és a tüdőben esetlegesen bekövetkező szövettani változásokat. A malacok termelési tulajdonságai és a lipid peroxidáció szintje nem változott, azonban fokozott mértékű szövettani elváltozásokat igazoltunk a májban. Lineáris mikotoxin dózis-választ igazoltunk a máj PC frakciójában a C16:1 n7, C18:1 n9 és ΣMUFA arányok esetében, valamint a tüdő PC frakciójában a C22:6 n3, Σn3 és a Σn6 és Σn3 zsírsavak arányában. Hasonló megfigyeléseket tettünk a tüdő PS frakciójában a C20:0 és C24:0 esetében. A tüdő SM frakciójában csökkenést tapasztaltunk a ΣSFA esetében és növekedést a ΣMUFA arányban. A PC frakciójában a Σn6 csökkent, és a $\Sigma\text{n6}:\Sigma\text{n3}$ arány növekedett a máj esetében, míg a tüdőben a ΣMUFA és a ΣPUFA arányok emelkedtek. A PS frakciójában a Σn3 csökkenését igazoltuk a májban, míg a tüdőben a ΣMUFA és a $\Sigma\text{n6}:\Sigma\text{n3}$ arány emelkedését figyeltük meg. A máj PS növekedést mutatott a $\Sigma\text{n6}:\Sigma\text{n3}$ arány vonatkozásban, míg a tüdő PS csökkenést mutatott a ΣSFA -ban, növekedést a ΣPUFA -ban, és növekedést a Σn6 -ban és annak arányában a Σn3 -hoz képest. A PI frakciójában a $\Sigma\text{n6}:\Sigma\text{n3}$ csökkent a májban, és a tüdőben növekedést tapasztaltunk a C22:1 n9-ben, csökkenést a C22:6 n3-ban, csökkenést a ΣSFA -ban, és növekedést a ΣMUFA -ban. Összefoglalva, az FB expozíció nem hátráltatta növekedést és nem indukált jelentős lipid-peroxidációt. Azonban a hepatotoxicitás nyilvánvaló volt az alkalmazott expozíciós időszak és alkalmazott dózisok esetében, elsősorban az igazolt megfigyelt szövettani elváltozások alapján. A zsírsav aránymódosulások függetlenek voltak a lipid peroxidációtól, ami a zsírsav metabolizmus zavarát sugallta, megerősítve a patkányokban korábban publikált eredményeket.

Negyedik tanulmány. Ebben a vizsgálatban takarmányeredetű FB mikotoxinok

baknyulak szaporodási szervrendszerére ($n = 10$ állat/csoport) gyakorolt hatáseit elemeztük 65 napos per os adagolás és két dózis esetében (10 és 20 mg/kg takarmány dózis). Az intoxikáció nem befolyásolta a test és a here súlyát, sem a herék teljes foszfolipidjeinek zsírsavösszetételét és szövettani képet igazolható szinten, azonban a herékben az FB mikotoxinok növelték a GSH és a GPx koncentrációját és aktivitását, illetve csökkentették a lipid peroxidáció kezdeti fázisát jelző konjugált diének és triének szintjeit, dóziszfüggő módon. Feulgen- festett kenetek segítségével követtük nyomon a spermiumok morfológiáját és a kromatin kondenzációját. Nem találtunk jelentős különbségeket a kezelt csoportok és az egyes a mintavételi időpontok adatai között. A sperma élő sejtjeinek aránya, melyet áramlási citometriával értékeltünk, nem volt különböző a csoportok között az öt mintavételi időpont egyikén sem, és azonos volt a csoportokon belül is. Hasonlóképpen, a spermatozoa membránjának lipidprofilja azonos volt mindhárom csoportban a teljes expozíció után. Összefoglalva, azt tapasztaltuk, hogy még viszonylag magas (nem realiztikus) dózisokban sem gyakorolnak az FB-k súlyos káros hatást a hímivarú nyulak szaporodási szervrendszerére, de kis mértékben fokozzák az antioxidáns védelem mértékét a herékben.

Summary

First study. Graded exposure to fumonisin B1 (FB1) in rats has been demonstrated to modify hepatic membrane lipids, a fact corroborated both in vivo and in vitro. Within this study, male Wistar rats ($n = 4 \times 6$) were intraperitoneally administered pure FB1 (0, 20, 50, or 100 mg/kg dietary dose equivalent) for 5 or 10 days to evaluate the dose- and time-dependent impacts on the fatty acid profiles of renal and hepatic phosphatidylcholine (PC), phosphatidylinositol (PI), and phosphatidylethanolamine (PE). In the kidney, the PC fatty acid profile displayed an increase in saturation (Σ SFA) within 5 days, and after 10 days, a marked decrease in polyunsaturation (Σ PUFA) was observed (total n3 (Σ n3), total n6 (Σ n6), unsaturation index (UI), and average FA chain length (ACL)), majorly with a linear dose- response. A further marked dose-dependent increase in overall monounsaturation (Σ MUFA) was observed in renal PC. Similar patterns, to a lesser extent, were observed in the renal PI fatty acids, displaying a decrease in PUFA (provided a dose-response), UI, and ACL over both 5 and 10 days, while the renal PE fraction revealed a decrease in Σ n6 and an increase in Σ SFA, but this was observed only after 5 days. In the liver, PC displayed an increase in saturation (C16:0) and a decrease in polyunsaturation (C20:3 n6, and C20:3 n3). Similar findings were observed in the PI fatty acid profile after 5 days. However, the fatty acid compositions of PC and PI did not respond to FB1 in a dose- dependent manner. In the PE fatty acid profile, there was a decrease in C20:3 n6 and Σ n6, but a dose- dependent increase in Σ n3. The results revealed pronounced renal sensitivity (providing the most dose-dependent responses), corroborating our earlier published findings regarding oxidative stress and histopathological modifications. Notably, membrane fatty acid modifications in rat tissues occurred at a relatively low exposure to FB1 (less than 50 mg/kg diet), in contrast to the higher doses used in other studies.

Second study. The impact of fumonisins on cellular membrane compositional modification and Na⁺/K⁺ ATPase activity in rabbit erythrocytes is established,

however, such effects have not been investigated in other animal species. Within the undertaken study, weaned piglets ($n = 6$ animals/group) aged 35 days were fed a diet containing FBs (FB1, FB2, and FB3) at concentrations of 0, 15, and 30 mg/kg for 21 days to assess the potential dose-dependent modifications in erythrocyte membranes induced by the mycotoxins. The activity of Na^+/K^+ ATPase, which is ouabain-sensitive, was measured in the membranes of lysed erythrocytes. The fatty acid profile of the membrane was analyzed, along with antioxidant and lipid peroxidation endpoints. After 3 weeks of exposure, a significant difference (p -value = 0.036; $R^2 = 0.58$) in the activity of the sodium pump in the erythrocyte membrane was observed between the control group and the 30 mg/kg group, which was dose-dependent. The fatty acid profile of the membrane was highly saturated, with nonsystematic differences between groups. Upon pooling the data, a negative association was observed between the activity of the sodium pump and all individual membrane n6 fatty acids. Regardless of the applied dose of FBs, intracellular antioxidants (such as reduced glutathione (GSH) and glutathione peroxidase (GPx)) and lipid peroxidation indicators (conjugated dienes, trienes, and malondialdehyde (MDA)) showed no response. It is hypothesized that the effect of a CerS inhibitor (FBs) is exerted on the cell membrane. This effect was dose-dependent, resulting in an increase in sodium pump activity that was negatively associated with n6 fatty acids, and no lipid peroxidation was observed.

Third study. The rat model is predominantly investigated in terms of FB1-induced lipid membrane alterations, while investigations involving other species are infrequent. In the case of swine, the liver and lungs are the organs most affected by FBs. In this study, male piglets that had been weaned were divided into groups of six and fed a diet containing FBs at 0, 15, or 30 mg/kg, and the feeding period lasted for three weeks. The purpose of this study was to assess the fatty acid composition of various classes of membrane lipids, the level of lipid peroxidation, and any histomorphological changes in the liver and lungs. The growth performance of the piglets and the level of lipid peroxidation remained unaltered; however, there was an increase in the overall liver lesion score. A linear dose-response relationship was observed in the liver PC for C16:1 n7, C18:1 n9, and ΣMUFA , and in the lung PC for C22:6 n3, Σn3 , and the ratio of Σn6 to Σn3 . C20:0 and C24:0 had similar patterns in the pulmonary PS. Modifications associated with the highest dosage of FBs were observed in various lipid classes. In the lung SM, there was a decrease in ΣSFA and an increase in ΣMUFA . In PCs, Σn6 decreased and $\Sigma\text{n6}:\Sigma\text{n3}$ increased in the liver, whereas in the lungs, ΣMUFA and ΣPUFA increased. In PSs, the decrease in Σn3 detected in the liver, while increases in ΣMUFA and $\Sigma\text{n6}:\Sigma\text{n3}$ were observed in the lungs. The hepatic PS showed an increase in $\Sigma\text{n6}:\Sigma\text{n3}$, whereas the lung PS exhibited a decrease in ΣSFA , an increase in ΣPUFA , and an increase in Σn6 and its ratio to Σn3 . In the PI, $\Sigma\text{n6}:\Sigma\text{n3}$ decreased in the liver, and in the lungs, there was an increase in C22:1 n9, a decrease in C22:6 n3, a decrease in ΣSFA , and an increase in ΣMUFA . In summary, exposure to FBs did not impair growth or induce marked lipid peroxidation. However, hepatotoxicity was evident from the histopathological lesions observed over the exposure period and at the administered doses. Fatty acid modifications were independent of lipid peroxidation, suggesting a disruption in fatty acid metabolism, which corroborated previous findings in rats. This perturbation in membrane lipids was most observed in PCs.

Fourth study. Rabbits are proposed as suitable model organisms for studies in reproductive toxicology. In this trial, the effects of FBs on the reproductive system of male rabbits ($n = 10$ animals/group) were assessed after 65 days of oral administration of two doses (10 and 20 mg/kg diet). Neither intoxication affected the weights of the body and testicles, nor did intoxication markedly affect the fatty acid composition of the total phospholipids in the testes. These findings were consistent with the absence of a marked effect on histological traits. However, in the testicles, the FBs increased the concentration and activity of GSH and GPx, respectively, and decreased the initial phase of lipid peroxidation (conjugated dienes and trienes) in a dose-dependent manner. Using Feulgen-stained smears, the sperm morphology and chromatin condensation were monitored. No substantial differences were detected between the treatment groups or between the sampling time points. The ratio of live cells in the sperm, as assessed with flow cytometry, was not distinct among the groups at any of the five sampling time points and was also identical within the groups. Similarly, the lipid profile of the spermatozoa membrane was identical in all three groups after the total intoxication period. In summary, even at unrealistically and unjustifiably high doses, FBs do not exert any severe harmful effects on the leporine, the male reproductive system of rabbits. However, FBs slightly induced antioxidant responses in rabbit testes.

Forrás (source): https://phd.mater.uni-mate.hu/382/1/Dissertation_DOI.pdf

Az extrahált napraforgódara takarmányértékének és etethetőségének vizsgálata jércékkel és tojótyúkokkal

Evaluation the nutritive value and feedability of extracted sunflower meal in pullets and laying hens

MEZŐLAKI Ákos

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
(Hungarian University of Agriculture and Life Sciences)
Festetics Doktori Iskola
(Festetics Doctoral School)
Keszthely, 2024.
Témavezető (supervisor): DUBLECZ Károly PhD

ÖSSZEFOGLALÁS

A jelen doktori munka keretében az extrahált napraforgódara (ND) takarmányértékét és etethetőségét vizsgáltuk NIR készülékkel, laboratóriumi módszerekkel, továbbá jércékkel valamint tojótyúkokkal végzett állatkísérletekkel. A begyűjtött 20 napraforgó minta összetételét vizsgálva megállapíthatjuk, hogy azokban a nyerszírnak és az egyes rostfrakcióknak volt a legnagyobb a szórása. A NIR készülékre alapozott becslés pontosnak bizonyult a weendei kategóriákra és az aminosavakra vonatkozóan egyaránt. Minden esetben szignifikáns korrelációt kaptunk magas korrelációs együtthatókkal. A napraforgódara fehérje aminosav összetétele annak lizin és treonin tartalma nem változott, a metionin és a hisztidin szintje növekedett, az összes többi esszenciális aminosav mennyisége pedig csökkent, amikor az ND fehérje tartalma nőtt.

Egy emésztési kísérletben 10 hetes jércéket és 50 hetes tojótyúkokat etettünk 10-20 és 30% napraforgódaránál tartalmazó tápokkal. A napraforgót ezúttal kukoricakeményítő helyett illesztettük be a receptúrákba. Meglepetésre a napraforgódara szignifikánsan javította a tápok lizin, treonin, valin és arginin tartalmának emészthetőségét, csupán a leucin emészthetősége csökkent a napraforgó etetésekor. A napraforgódarára vonatkozó aminosav emésztési együtthatókat is meghatároztuk. A lineáris regressziós módszer során a naponta elfogyasztott és a naponta ileálisan felszívódott aminosavak mennyiségét hasonlítottuk össze. A miért aminosav emésztési együtthatók szignifikánsan nagyobbak voltak a tojótyúkoknál, mint a jércékénél. A mért értékek általában alacsonyabbak voltak a különböző takarmányozási táblázatokban (CVB, NRC, EVONIK) találhatóéhoz képest. Ennek oka valószínűleg az állatkísérleti metodikákban lévő különbség.

Harmadik kísérletünkben a jércék növekedését és a tyúkok tojástermelését vizsgáltuk 6 héten keresztül. Ebben a kísérletben különböző exogén enzimek (extra fitáz; NSP bontók; proteáz) és ezek kombinációinak (NSP bontó + proteáz) hatását is vizsgáltuk. A kísérletben különböző tojás minőségi paramétereket is mértünk. A kontrol táp mellett a napraforgó darát ezúttal 20%-ban etettük. A napraforgót tartalmazó tápok etetése nem befolyásolta a jércék súlygyarapodását és a tyúkok tojástermelését. Néhány tojásmínőségi paraméterben azonban voltak különbségek.

A napraforgódara etetésekor szignifikánsan nőtt a tojások tömege és a tojássárgája színértéke a kontrollhoz képest. A kísérlet végén az állatok levágását követően ebben a kísérletben is meghatároztuk az aminosavak ileális emészthetőségét, továbbá a vékonybél tartalom viszkozitását.

Az enzim kezelések közül csupán az extra fitáz javította az aminosavak emészthetőségét a jércéknél és tojótyúkoknál egyaránt. Hasonlóan a korábbi emésztési kísérlet eredményeihez az aminosavak felszívódása ezúttal is jobb volt a tyúkoknál. A várákosásokkal ellentétben a napraforgódara etetése csökkentette a vékonybél tartalom viszkozitását, az extradózis fitáz azonban megnövelte a viszkozitási értékeket. Az eredmények alapján megállapíthatjuk, hogy a napraforgódara nem tartalmaz olyan nagy molekulatömegű oldható rost frakciókat, amelyek negatívan befolyásolnák a madarak emésztését, vagy növelnék a béltartalom viszkozitását.

SUMMARY

In the frame of this PhD work the nutritive value and the potentials of feeding extracted sunflower meal (SFM) was evaluated by NIR analysis, wet chemistry and animal experiments with layer type pullets and laying hens. Comparing the nutrient composition of 20 different SFM samples, the highest variance was found in their crude fat and fibre fractions. The NIR prediction is accurate enough for the evaluation the proximates and amino acids. In all cases significant correlation was found with high correlation coefficients. The amino acid (AA) composition of SFM protein was not constant. The lysine and threonine contents of the protein were not changed, the ratio of methionine and histidine increased, while all the other essential amino acids decreased if the protein content of SFM increased.

In the digestibility trials with 10-week-old pullets and 50-week-old laying hens SFM was fed at 10, 20 and 30 on the expense of corn starch. Surprisingly, feeding SFM improved the digestibility of lysine, threonine, valine, and arginine significantly. Only the digestion of leucin impaired due to SFM feeding. The amino acid digestibility coefficients of SFM were also calculated by the linear regression method when the relationship between the consumed and ileal absorbed amino acids were analysed. The measured AA digestibility values were significantly higher in laying hens compared with pullets. The measured values were lower than those published in the different international databases (CVB, NRC, EVONIK). The reason for it was at least partly the differences in the methodologies, used for the digestibility trials.

In the third trial the growth rate of pullets and the egg production of laying hens were investigated during 6-week-long trials. In this experiment different exogenous enzymes (extra phytase, NSPase, protease) and their combinations (NSPase + protease) were also used, and the different egg quality parameters also measured. The SFM was fed in this case at 20%. Feeding the SFM containing diets did not affect the growth of pullets and the egg production of laying hens. However, some of the egg quality parameters changed significantly. The SFM diets significantly increased the egg weight and the egg yolk colour score, compared with the control. At the end of this trial the birds were slaughtered, and the ileal digestibility of AAs and the viscosity of the jejunum and ileum contents determined. Only the extra phytase treatment increased significantly the AA digestibility in both pullets and

laying hens. In this case, similarly to the previous digestibility trial, the AA absorption rate in pullets was significantly lower compared with the hens. Surprisingly, SFM decreased the viscosity of the small intestine contents compared with the control treatment. However, extra phytase increased the viscosity values. It seems, that SFM do not contain such 88 high molecular weight soluble fibre fractions that can affect the digestion and the gut viscosity values.

Forrás (source): https://uni-mate.hu/documents/20123/8053649/Mezolaki_Akos_disszertacio.pdf/7991eafa-8d09-d631-dd7c-1f0e6d50c41d?t=1718788658284

Tyúkok fiatalkori hőkezelésének hatására létrejövő hőstressz indukálta mikroRNS-ek expressziójának vizsgálata

Investigation of the expression of heat stress induced microRNAs resulting from the effect of heat treatment of chicken at a young age

TOKODYNÉ SZABADI Nikolett

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
(Hungarian University of Agriculture and Life Sciences)
Állattenyésztési tudományok Doktori Iskola
(Doctoral School of Animal Science)
Gödöllő, 2024.

Témavezető (supervisor): GÓCZA Elen MTA levelező tagja

ÖSSZEFOGLALÁS

A baromfitenyésztésnek világviszonylatban is nagy jelentősége van, évről évre növekszik a baromfihús fogyasztás. Ennek a megnövekedett igényeknek a kielégítése nem egyszerű, mivel a globális klímaváltozás következtében megemelkedett átlaghőmérséklet negatív hatással van a termelés hatékonyságának emelésére. A hőstressz minden szaporodásbiológiai, növekedési és termelési paramétert negatívan befolyásol. Lehetőség van a tartástechnológia fejlesztésére, akár a takarmányozás, akár az elhelyezés tekintetében, azonban ezek az alternatívák végesek. Szükségessé vált az állatállomány alkalmazkodó képességének segítése és javítása. Az ipari körülmények között zajló termelés a házasítástól eljutott az egy-egy adott tulajdonságra célzottan történő tenyésztésig. Azonban ez számos értékes genetikai információ elvesztéshez vezetett, ami értékes fajták eltűnését eredményezte.

A technológia- és kutatásfejlesztés előrehaladtával elérhetővé vált genetikai vizsgálatok végzése. Olyan információk tárultak fel, amelyek célzottan képesek támogatni a baromfik adaptációs képességének javítását az által, hogy fel tudtuk térképezni a háttérben zajló molekuláris útvonalakat, valamint házityúk esetében megvalósíthatóvá vált a genetikai anyag hosszú idejű megőrzése a primordiális ősvarsejt tenyészetek létrehozásával. Ezen két problémakörre adhat megoldását a PGC tenyészetek alkalmazása a kutatásokban, lehetőség nyílt hőtűrő fajták előállítására és megőrzésére.

A házityúk adaptációs képessége hőkondicionálással javítható, amit molekuláris biológiai vizsgálatokkal nyert adatokkal is alá tudunk támasztani. Lehetőség van közvetlenül a kezeléseken átesett állomány tanulmányozására, azok szöveteiből kinyert DNS és RNS alapú tesztek elvégzésével, valamint ezen állatok utód generációjából alapított PGC-k DNS és RNS mintáinak vizsgálatára is.

Kutatásaim során elvégeztem a hőkondicionálási kísérletből származó házityúk agyszöveti minták elemzését. Szakirodalomban leírt hőstressz kapcsolt markerek expresszióját térképeztem fel a kutatócsoportunk által beállított kísérleti paraméterek mellett. Eredményeim alapján az általunk alkalmazott hőkondicionálás

minden marker esetében emelkedést mutatott a kontrollhoz képest, ami ivarérett korban a HSF1 és miR-138-5P esetében szignifikáns volt.

Továbbiakban megkezdtem a hőkezelt és hőstresszelt házityúk utód generációjából alapított PGC-k karakterizálását, amely segíti a genetikai anyag megőrzéséhez szükséges génbank létrehozását. Ezt követően pedig ezen PGC-tenyészeteket, mint modell rendszert alkalmaztam a hőstresszel kapcsolt markerek vizsgálatára. Eredményeim segíthetik a PGC-tenyésztés és hosszútávú tárolásának optimalizálását. Míg az RNS szekvenálással, DNS metilációs mintázat elemzéssel és qPCR tesztekkel kapott adatok kiértékelésével és szakirodalommal való ok-okozati összefüggések meghatározásával járulhatok hozzá az adaptációs képességet eredményező jelátviteli útvonalak feltárásához. Kimutattam, hogy a miR-92-3P expressziójára is hatással van a hőstressz, ami igazolja a folyamatban való jelenlétét. A miR-138-5P expressziója összhangban van a szöveti mintákban kapott eredményekkel. Mindkét miRNS-nek target helye van a RUNX2 génen, amelyről már beigazolódt, hogy szerepe van a hőstressz indukálta útvonalakban, illetve az RNS szekvenálás során az általam vizsgált PGC RNS-ekben is kimutatható expressziós szintkülönbség jellemzi. Igazoltam a DMRT1 gén részvételét a hőstressz indukálta jelátviteli útvonalakban, ezen gén esetében is kimutattam expressziós szint változást hőkezelést követően. Korábbi adatok szerint pedig a miR-138-5P és miR6545 targettálja a DMRT1-et, amelyek expressziós szint változása is beigazolódt az RNS szekvenálás és qPCR vizsgálatok során.

Munkám során nyert információkkal (akár közvetlenül a kezelt állatokból, akár közvetve az utód generációból) megerősítettem a házityúk esetében alkalmazható hőkondicionálás hatásosságát, amelynek időzítése fiatal korban a legoptimálisabb. Eredményeim segíthetik a gazdasági termelés hatékony működését klímaváltozás idejében, illetve a hazai házityúk génbank bővítését.

SUMMARY

The importance of poultry farming can also be measured in global terms, which shows an increasing trend every year. Economic production meeting the increased global consumption of poultry meat is becoming more and more difficult due to the increased environmental temperature generated by global warming. Heat stress negatively affects all reproductive, growth and production parameters. It is possible to improve husbandry technology, either in terms of feeding or housing, but these alternatives are finite. It has become necessary to help and improve the adaptability of livestock. Production under industrial conditions has progressed from domestication to targeted breeding for specific traits. However, this contributed to the loss of valuable genetic material, which led to the disappearance of breeds.

As technology and research progressed, it became possible to carry out tests at the genetic level. Information was revealed that can support the improvement of the adaptability of poultry by being able to map the molecular pathways taking place in the background, and in the case of domestic fowls, the long-term preservation of genetic material can be achieved with the existence of primordial primordial germ cell cultures. The use of PGC cultures in research can solve

these two problems. Therefore, creating varieties resistant to heat stress while preserving genetic material.

The adaptability of domestic hens can be improved by heat conditioning, which we can also support with data obtained from molecular biological tests. It is possible to directly study the flock that has undergone the treatments, by carrying out tests based on DNA and RNA extracted from their tissues, as well as to examine the DNA and RNA samples of PGCs established from the offspring of these animals.

During my research, I analyzed the brain tissue samples of domestic hens from the heat conditioning experiment. It maps the expression of heat stress linked markers described in the literature in addition to the experimental parameters set by our research group. Based on my results, the heat conditioning we used showed an increase for all markers compared to the control, which was significant for HSF1 and miR-138- 5P at puberty.

Furthermore, I started the characterization of PGCs established from the offspring generation of heat-treated and heat-stressed domestic chickens, which helps to create the gene bank necessary for the preservation of genetic material. After that, I used these PGC cultures as a model system for the examination of heat stress-related markers. My results can help to optimize the cultivation and long-term storage of PGC. While by evaluating the data obtained by RNA sequencing, DNA methylation pattern analysis and qPCR tests and by determining the cause and effect relationships with the literature, I can contribute to the discovery of the signalling pathways resulting in the ability to adapt. I showed that the expression of miR-92-3P is also affected by heat stress, which confirms its presence in the process. The expression of miR-138-5P is consistent with the results obtained in tissue samples. Both miRNAs have a target site on the RUNX2 gene, which has already been confirmed to play a role in pathways induced by heat stress and is characterized by the difference in expression levels that can also be detected in the PGC RNAs I examined during RNA sequencing. I also confirmed the participation of the DMRT1 gene, and I also showed a change in the expression level of this gene after treatment. According to previous data, miR-138-5P and miR6545 target DMRT1, whose expression level changes were also confirmed during RNA sequencing and qPCR tests.

With the information obtained during my work (either directly from the treated animals or indirectly from the next generation), I confirmed the effectiveness of heat conditioning for domestic hens, the timing of which is most optimal at a young age. My results can help the efficient operation of economic production in times of climate change, as well as the expansion of the gene bank of domestic chickens.

Forrás (source): https://phd.mater.uni-mate.hu/291/1/TSZN_Vegleges_Disszertacio_DOI.pdf



MAGYAR NEMZETI
VIDÉKI HÁLÓZAT

EGYÜTT A MAGYAR VIDÉKÉRT!



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió

Európai Mezőgazdasági
Vidékfejlesztési Alap



A VIDÉKI TÉRSÉGEKBE BERUHÁZÓ EURÓPA



- › VIDÉKFEJLESZTÉS
- › AGRÁRSZAKKÉPZÉS
- › TERMÉSZETMEGŐRZÉS

ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS

Főszerkesztő (Editor-in-chief): BENE Szabolcs (Keszthely)

Társfőszerkesztő (Co-editor): MÉZES Miklós (Gödöllő)

Szerkesztőbizottság (Editorial board):

ROSATI, Andrea (Róma, Olaszország),	HOLLÓ Gabriella (Kaposvár),	NAGY Szabolcs (Keszthely),
MANABE, Noboru (Osaka, Japán),	HULLÁR István (Budapest),	POLGÁR J. Péter (Keszthely),
ANTON István (Budapest),	HUSVÉTH Ferenc (Keszthely),	POSTA János (Debrecen),
DUBLECZ Károly (Keszthely),	KOMLÓSI István (Debrecen),	RÁTKY József (Budapest),
FÉBEL Hedvig (Budapest),	KOVÁCSNÉ Gaál Katalin (Mosonmagyaróvár),	SZABÓ Ferenc (Mosonmagyaróvár),
GÁSPÁRDY András (Budapest),	KUSZA Szilvia (Debrecen),	URBÁNYI Béla (Gödöllő)

Technikai szerkesztő (Technical editor): BENE Szabolcs (Keszthely)

Szerkesztőség: Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Állattenyésztés Tudományok Intézet
(Editorial office): (Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Institute of Animal Sciences)

MATE Georgikon Campus
8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
Telefon: (+36) 83 545 398
Mobil: (+36) 30 633 3278
E-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

A cikkeket kivonatolja a CAB International (UK) a CAB Abstracts c. kiadványban

The journal is abstracted by CAB International (UK) in CAB Abstracts

Felelős kiadó (Publisher): FÜREDI Kornél ügyvezető, Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft.

ISSN 0230-1814 (Nyomtatott) ISSN 3003-9932 (Online)

A lap az Agrárminisztérium tudományos folyóirata

This is a scientific quarterly journal of the Ministry of Agriculture founded in 1952

(„Állattenyésztés”) by Prof. József CZAKÓ

A kiadást támogatja (sponsored by): Agrárminisztérium

MTA Könyv- és Folyóiratkiadó Bizottsága

Megjelenik évente négyszer

A folyóiratokra a kiadónál fizethet elő az alábbiak szerint.

Előfizetési szándékát kérjük, jelezze az info@agrarlapok.hu címen, vagy az alábbi postacímen:

Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft., 1223 Budapest, Park u. 2.

A borítékra kérjük, írja rá: „Folyóirat-rendelés”.

Az előfizetési díjat a Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft. 10032000-00286662-00000017 számlaszámára való utalással egyenlítheti ki. Az átutalás közlemény rovatában szíveskedjen a folyóirat és az előfizető nevét feltüntetni. Előfizetési díj: 8800Ft/év

Bármely más információért forduljon bizalommal kollégáinkhoz a lenti elérhetőségek bármelyikén:

e-mail: info@agrarlapok.hu, telefon: 06-1/362-8100

Nyomdai kivitelezés: Zemplén-Vektor Nyomda