

ÁLLATTENYÉSZTÉS és TAKARMÁNYOZÁS

2025. 74. 4

Alapítás éve: 1952

ÁLLATTENYÉSZTÉS – TARTÁS – TAKARMÁNYOZÁS



› Gyógynövények az ökológiai állattartásban

› Tőgytulajdonságok a holstein-fríz fajtában

› A legelés komplex vizsgálata precíziós eszközökkel

› Tenyésztértébecslési módszerek összehasonlítása

› A fermentáció hatása az abrakkeverék bendőbeli lebonthatóságára

› A heterozigóztására irányuló szelekció a génmegőrzésben

TARTALOM - CONTENTS

Zsolnai Attila – Szalai Gábor – Curik Ino – Anton István – Hudák Péter – Varga László: Az utódok maximális heterozigóitására irányuló szelekció a kis létszámú állatpopulációk genetikai diverzitásának megmentésére (Selection for maximum heterozygosity of offspring to preserve genetic diversity in small animal populations) 265

Bognár László – Kőrösi Zsolt Jenő – Anton István – Bene Szabolcs – Szabó Ferenc: Tenyésztértékbecslési módszerek összehasonlítása azonos környezeti feltételek mellett holstein-fríz tehenek tejtermelési tulajdonságaira (Comparison of different breeding value estimation methods for milk production traits of Holstein-Friesian cows under identical environmental conditions) 281

Bana Bernadett – Nagy Tamara Erika – Takács Georgina – Alpár Botond – Tóth Tamás – Zsédely Eszter: A folyadékfázisú fermentáció (LSF) hatása a búzadara - korpa - szójadara abrakkeverék bendőbeli lebonthatóságára szarvasmarhában (*in sacco* vizsgálat) (Effect of liquid-state fermentation on the ruminal degradability of a wheat meal - wheat bran - soybean meal concentrate in cattle: an *in sacco* study)..... 296

Kőrösi Zsolt Jenő – Bene Szabolcs – Bognár László – Szabó Ferenc: Holstein-fríz tehenek néhány tőgy küllemi tulajdonságának öröklődhetősége, trendje és kapcsolata a tejtermeléssel (Population genetic parameters and trends in milk production and udder traits in Holstein-Friesian cows) 311

Balogh Petra – Babay-Török Barbara – Biszkup Miklós – Pajor Gábor - Stibinger Éva - Márton Aliz: Húshasznú szarvasmarha gulya legelésének komplex vizsgálata precíziós eszközökkel – előtanulmány (A pilot study on the complex examination of beef cattle grazing with precision tools) 331

Pentaller Dorina – Laczkó Hajnalka – Abella Dorina – Asbóth Zoé – Bene Szabolcs – Polgár J. Péter – Benedek Zsuzsanna: Gyógynövények az ökológiai állattartásban (Medicinal plants in organic animal husbandry) 347

A 2024-ben sikeresen megvédett PhD disszertációk összefoglalói - negyedik rész (Summaries of PhD dissertations in the year of 2024 - part four):..... 362

Zimborán Ágnes: Kókusz-, pálmazsír és napraforgó olaj kiegészítés hatásainak vizsgálata brojlercsirkék takarmányozási, termelés, valamint egyes húsmínőségi, biokémiai és szövettani paramétereinek vonatkozásában (Investigation of the effects of coconut, palm oil and sunflower oil supplementation on feeding, production and some meat quality, biochemical and histological parameters of broiler chickens) 362

Molnár József: A csuka (*Esox lucius*) üzemi spermamélyhűtési technológiájának kidolgozása és a mélyhűtött spermából származó lárvák vizsgálata (The development of large scale sperm cryopreservation in northern pike (*Esox lucius*), and examination of larvae stem from cryopreserved sperm) 365

Kodak Oleksandr: Development of selection indices on the Hungarian pig breeds..... 370

Tartalom, 2025. 74. (Content, 2025 Vol. 74) 371

Köszönetnyilvánítás 374

Az utódok maximális heterozigóztására irányuló szelekció a kis létszámú állatpopulációk genetikai diverzitásának megmentésére

Selection for maximum heterozygosity of offspring to preserve genetic diversity in small animal populations

ZSOLNAI Attila – SZALAI Gábor – CURIK Ino – ANTON István –
HUDÁK Péter – VARGA László

ÖSSZEFOGLALÁS

A konzervációs tenyésztési programok legfontosabb célja a populációk genetikai sokféleségének megőrzése. Ez a cél különösen nehéz a kis populációk esetében, amelyek hajlamosak a genetikai változatosság elvesztésére. Ebben a tanulmányban egy újfajta, szülő populáción végzett szelekciós stratégiát javasolunk, amelynek célja a genetikai sokféleség hosszú távú és magas szintű fenntartása. Módszerünk az úgynevezett heterozigóta utódok valószínűségének becslésén alapul (angolul POH, Probability of Offspring Heterozygosity), SNP genotípus adatok felhasználásával. A stratégiát számítógépes szimulációkkal értékeltük, ahol a legmagasabb POH értékkel rendelkező szülőpárokat választottuk ki a következő generáció létrehozásához. A szimulációk során vizsgáltuk a tenézőpárok és az SNP markerek számának változtatásával járó hatásokat. Eredményeink azt mutatták, hogy a POH-n alapuló kiválasztás révén a megfigyelt heterozigóztás (H_{OBS}) folyamatosan meghaladta a várható heterozigóztást (H_{EXP}), és ez a tendencia akár 1000 generáción keresztül is fennmaradt. Bár további vizsgálatokra van szükség komplexebb populációgenetikai modellekben – figyelembe véve a kapcsoltsági egyenlőtlenséget, a rekombinációt, az optimális hozzájárulást és a fenotípusos szelekciót is –, eredményeink rámutatnak a POH potenciáljára, mint a tenéző programokban elvárt genetikai sokféleség növelésének értékes eszközére.

Kulcsszavak: genomika, konzervációs tenyésztés, genetikai sokféleség, genetikai menedzsment, beltenyésztés elkerülése, SNP

SUMMARY

The primary objective of any conservation breeding program is to preserve the genetic diversity of populations. This objective is a persistent challenge, especially in small populations which are prone to loss of heterozygosity. In this study, we proposed a novel parent-selection strategy aimed at the long-term maintenance of high levels of genetic diversity. Our approach is based on estimating the Probability of Offspring Heterozygosity (POH) - the likelihood that a mating will produce heterozygous offspring - using SNP genotype data. This strategy was evaluated through computer simulations, where parental pairs with the highest POH values were preferentially selected to produce the next generation. Simulations explored the effects of varying the number of breeding pairs, and the number of unlinked SNP markers. Selection based on POH resulted in observed heterozygosity (H_{OBS}) consistently exceeding expected heterozygosity (H_{EXP}), a trend that was sustained for up to 1000 generations. While further evaluation is needed within more complex population genetic frameworks - accounting for linkage disequilibrium, recombination, optimal contribution, and phenotypic selection - our findings highlight the potential of POH as a valuable tool for enhancing genetic diversity in conservation breeding programs.

Keywords: genomics, conservation breeding, genetic diversity, genetic management, inbreeding avoidance, SNP

1. Bevezetés

A genetikai sokféleség egy faj genomjában található genetikai variációk összessége. Ennek elvesztése sebezhetővé teszi a fajokat és a populációkat, növeli a kihalás kockázatát, ezért a genetikai sokféleség fenntartása az egyik legnagyobb kihívás, különösen a kis populációk esetében. A genetikai sokféleség kezelése egy olyan folyamat, amely egy alappopulációval kezdődik, amelynek genetikai sokfélesége a referencia pontot jelenti a későbbi generációk számára. A sokféleség szintjét a kezdeti populáció mérete és az egyedek genetikai variációi határozzák meg. Ha egy populáció kicsi, akkor az utódokat ténylegesen létrehozó szülői populáció mérete általában még kisebb, ami genetikai sodródáshoz, fokozott beltenyésztéshez és a káros recesszív allélok homozigótává válásához vezethet. Az ilyen populációk fokozatosan elvesztik alkalmazkodóképességüket, és végül kihalhatnak (Meuwissen és mtsai, 2020). Ennek elkerülése érdekében a genetikai diverzitást megőrző konzervációs programok kiemelt célja a lehető legmagasabb heterozigóztás fenntartása (Gomez-Romano és mtsai, 2013).

A genomika megjelenése előtti korszakban a genetikai variáció felmérésére mikroszatelliteket használtak (Fernandez és mtsai, 2005), míg manapság az egy pontos nukleotid polimorfizmus (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) vált meghatározó markerré. Az SNP-k nagy számban fordulnak elő a genomban, és viszonylag könnyen genotipizálhatóak SNP-chipek segítségével (de Cara és mtsai, 2011). Különböző módszereket dolgoztak ki az átlagos rokonság (pl. a közös ősekből származó genetikai kapcsolat (Ivy and Lacy 2012)) kezelésére. Ezek az eljárások két lépésből állnak: a szülői hozzájárulás és a párosítási stratégia meghatározása. Ez a két lépés végrehajtható egyidejűleg vagy külön-külön is, szinte azonos hatékonysággal (Fernandez and Caballero, 2001). Számítógépes szimulációkkal négy módszert teszteltek fogságban élő populációk átlagos rokonságának minimalizálására: statikus, dinamikus, rangsorolt és szimultán átlagos rokonsági kiválasztást (Ivy and Lacy, 2012). A modern genetikai markerek megjelenéséig a genetikai sokféleség kezelése kizárólag a törzskönyvi adatokon alapuló genealógiai megközelítésekre korlátozódott. Wright (Wright, 1921) nevéhez fűződik a maximális beltenyésztés-elkerülés módszer, amelyben a lehető legkevesebb rokon egyedek párosítását javasolta.

Számítógépes szimulációkkal vizsgálták (de Cara és mtsai, 2011; Fernandez és mtsai, 2004; Gomez-Romano és mtsai, 2013) a genetikai sokféleség maximalizálását célzó különböző stratégiákat. A szimulációk változó generációs számot (pl. 5 és 10), populációméretet (pl. $N=20$ és $N=100$) és genomjellemzőket (pl. 1 vagy 20 kromoszóma, 100, 1000 vagy 10000 marker/kromoszóma) vettek figyelembe. A rekombinációs eseményeket véletlenszerűen generálták. A kutatás során két fő stratégiát hasonlítottak össze: A szülői alapú stratégia esetében a szülők hozzájárulását (hány utódjuk marad) optimalizálták a genetikai markerek alapján, minimalizálva a várható közös őseket. Az utód alapú stratégiánál a szülőket véletlenszerűen párosították, majd a született utódok közül azokat tartották meg, amelyeknek a legkisebb volt az átlagos, megfigyelt közös ősök (de Cara és mtsai, 2011; Fernandez és mtsai, 2004).

A genetikai sokféleség mérésére általában a megfigyelt heterozigóztást (H_{OBS}), a várható heterozigóztást (H_{EXP}) és az allél sokféleséget (AD) használják (Nei,

1973; Toro és mtsai, 2009). A H_{OBS} érték a vizsgált helyek (lókuszok) heterozigóta genotípusainak arányát fejezi ki, míg a H_{EXP} annak a valószínűségét adja, hogy a populációból véletlenszerűen kiválasztott két allél különböző. Az AD az allélok átlagos számát jelzi a vizsgált lókuszoknál.

Amikor csak a szülői genotípusos információkat használták, és a kromoszómán 10 vagy 100 markert vettek figyelembe, az eredmények kissé jobbaktak a pedigrén alapuló minimális leszármazási rokonsági koefficientet használó eljárásnál. Jelentős teljesítményjavulást észleltek, amikor az utód adatokat nem csupán nyolc, hanem akár két utód esetében is felhasználták (Fernandez és mtsai, 2004). A molekuláris információk gyengébbnek bizonyultak a leszármazási információkhoz képest (de Cara és mtsai, 2011; Fernandez és mtsai, 2005). Az utód alapú, megfigyelt molekuláris adatokon alapuló stratégia (H_{OBS}) jobban teljesített, mint a szülői alapú stratégia, mert az előbbi nagyobb diverzitást tart fenn, mint az utóbbi, amely a várható adatokkal (H_{EXP}) dolgozik. Az utód alapú stratégia különösen hasznos olyan fajoknál, amelyeknek több utódja születik, és a tenyésztő kiválaszthatja a legmegfelelőbb egyedeket a további tenyésztéshez (de Cara és mtsai, 2011). Egy másik tanulmány szerint a molekuláris adatokon alapuló módszerek csak akkor teljesítenek jobban a genealógiai adatokon alapulóknál, ha az SNP markerek sűrűsége (SNP/Morgan) elég magas (Gomez-Romano és mtsai, 2013). Számos molekuláris rokonsági együtthatót írtak le (Gomez-Romano és mtsai, 2016, Gutierrez és mtsai, 2005, Weir és mtsai, 2006), és részletesen összehasonlították azok hatékonyságát, valamint a populációjellemzőkre gyakorolt hatásaikat (Meuwissen és mtsai, 2020, Morales-Gonzalez és mtsai, 2021, Morales-González és mtsai, 2020). A rokonsági együtthatók és alkalmazásuk a szelekciós programokban a szülői generációra összpontosítanak, meghatározva a tenyészpárok közötti rokonság vagy hasonlóság mértékét, és ezt az információt a heterozigócia-vesztés minimalizálására használják fel.

E tanulmány egy olyan új megközelítést mutat be, amely - eltérően a közös allélszámon alapú módszerektől - az utódok heterozigózitási valószínűségét (POH) használja (Weir és mtsai, 2006). A POH értéket a mendeli szegregáció alapján számítottuk ki. A koncepció az volt, hogy a lehetséges párosítások közül azokat a párokat válasszuk ki, amelyek elméletileg a legmagasabb heterozigózitási értékkel rendelkező utódokat hozhatják létre. A modellben nem vettük figyelembe sem a generációk átfedését, sem a markerek kapcsoltságát, sem a rekombináció hatását (Gebregiwerigis és mtsai, 2020, Meuwissen és mtsai, 2020), kivéve a POH-szelekcióban nem használt lókuszok sorsának vizsgálatakor. A POH-szelekció alkalmazhatóságát egy valós, ismert SNP genotípusokkal rendelkező, alappopuláció segítségével vizsgáltuk (Varga és mtsai, 2022) és az eredményeket összehasonlítottuk a közös allélszámon alapú (ASp) módszerrel (Weir és mtsai, 2006). A cél az volt, hogy megvizsgáljuk, hogy a POH-szelekció alkalmazása esetén hogyan változnak a H_{OBS} és H_{EXP} értékek a szimulált generációk során. A szimulációkban különböző paraméterkombinációkat használtunk az SNP-szám, a tenyészpárok száma és a szimulált generációk tekintetében. A soron következő generáció létrehozásához a legmagasabb POH értékű párokat választottuk ki, és ezt a lépést minden generációban megismételtük.

2. Anyagok és módszerek

2.1. Alappopuláció

A kiinduló populáció 70 magyar rövidszőrű vizslából (HSV) állt, 29 kanból és 41 szukából (Varga és mtsai, 2022). Ezeket az állatokat úgy választottuk ki, hogy a fajta legtöbb vonalát képviseljék. A vérmintavétel a szülői származás megállapítására szolgáló rutin eljárás része volt.

2.2. SNP-chip/markerek

A DNS-minták genotipizálását az Illumina Canine HD chip (Illumina, San Diego, CA, USA) segítségével végeztük, amely eredetileg 234 000 SNP-t tartalmazott. A minőségellenőrzés után kizártuk a mitokondriális, X és Y kromoszómákat, és a 0,95-nél kisebb hívási arányú (call rate) markereket. Így 206267 informatív SNP maradt. A genotípusokat (AA, BB, AB) 0, 2 és 1 értékekkel kódoltuk.

2.3. SNP-készlet kiválasztása a számításokhoz

A szimulációkhoz egy olyan szűkített, egymástól függetlenül öröklődő SNP-készletet használtunk, amelyeknek a minor allél frekvenciája (MAF) nagyobb volt, mint 0,4. Az eredetileg a 206267 SNP-ből 28806 felelt meg ennek a kritériumnak.

A kutatásban a következő marker-kombinációkkal végeztük a számításokat: 1, 2, 3, illetve 51 marker. Ez utóbbi egy redukált, kísérleti markerkészlet (51 SNP), ahol a genom minden függetlenül öröklődő régióját egyetlen SNP képviselte (1. táblázat). A független régiókat a kutya kapcsoltsági térkép (Comprehensive Canine Linkage Map) (Wong és mtsai, 2010) centimorgan (cM) értékei alapján határoztuk meg. Az 50 cM-nél hosszabb kromoszómák esetében a független régiók a kromoszóma két végén helyezkedtek el, míg az ennél rövidebb kromoszómák esetében a központi régióban választottunk ki egyetlen SNP-t.

2.4. A POH érték kiszámítása

A POH értékét az összes lehetséges szülői pár egyedi genotípusaiból számítottuk ki. A testvéreket kizártuk a lehetséges tenyészpárok közül. A POH érték meghatározását a mendeli szabályoknak megfelelően végeztük. Egy lókusztan esetében ez a következőképpen történt: Ha mindkét szülő homozigóta, de különböző allélekkel rendelkezik (pl. AA és BB), a POH értéke 1. Ha a szülők ugyanazon allélekre homozigóták (pl. AA és AA), a POH értéke 0. Ha a szülők heterozigóták (AB és AB), vagy egyikük heterozigóta, a másik homozigóta (pl. AB és AA), a POH értéke 0,5 (2. táblázat). Több, nem kapcsolt lókusztan esetén a valószínűségi értékeket átlagoltuk. A szimulációkban mindig a legmagasabb POH értékű párokat választottuk ki a következő generáció szüleiént. Ötven páruházas futtatást végeztünk minden paraméterkészlet esetében. A szimulációkat (1, 3-4. ábra) a Kormányzati Informatikai Fejlesztési Ügynökség HPC (High Power Computing) környezetben futtattuk újra Python 3.9.7 (Python_Software_Foundation, 2021) scriptek segítségével, numpy 1.21.2 (Harris és mtsai, 2020), pandas 1.3.3.

1. táblázat: A szimulációkhoz használt 51 SNP marker listája

Chr	Név	Pozíció	Chr	Név	Pozíció
1	BICF2G630717404	31.39	14	TIGRP2P193757_rs9022836	44.02
1	BICF2P595364	96.65	15	BICF2P961117	53.01
2	BICF2P1055956	25.33	16	BICF2P356666	39.04
2	TIGRP2P33588_rs8522226	82.36	17	BICF2P1056918	44.38
3	G219f30S242	16.86	18	chr18_40029262	40.03
3	BICF2S23716752	85.01	19	BICF2P1128700	40.00
4	BICF2S23435937	20.37	20	BICF2P634022	27.01
4	BICF2P1161	81.94	21	BICF2P602990	41.08
5	BICF2S23660065	19.20	22	BICF2G630334870	47.96
5	BICF2S23623158	76.26	23	BICF2P738162	38.99
6	chr6_13131245	13.13	24	chr24_39910460	39.91
6	TIGRP2P89380_rs9117561	73.46	25	BICF2P695146	38.44
7	BICF2G630551940	13.19	26	BICF2S22941037	27.53
7	BICF2P217247	77.05	27	BICF2G630148964	22.54
8	BICF2S23545820	13.83	28	BICF2P1453414	30.49
8	BICF2S23625688	71.25	29	BICF2G630628668	29.06
9	BICF2G63024896	8.57	30	chr30_32985257	32.99
9	BICF2P562174	61.03	31	BICF2G630738767	25.41
10	BICF2P1125271	9.42	32	BICF2G630591581	21.00
10	TIGRP2P142790_rs9081297	68.94	33	TIGRP2P389175_rs8645908	23.02
11	BICF2G630292923	13.11	34	BICF2G630460012	25.37
11	BICF2S23322669	74.37	35	BICF2P930662	20.07
12	BICF2P831620	13.29	36	TIGRP2P414358_rs8929031	24.78
12	chr12_71954599	71.95	37	BICF2P1255908	26.12
13	BICF2G630606729	10.98	38	BICF2G63071428	16.52
13	BICF2S23043799	63.08			

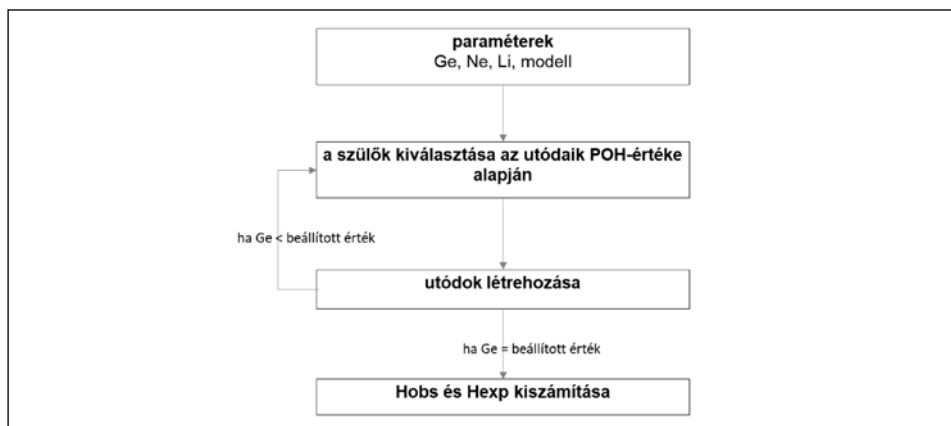
Chr: kromoszóma száma (1); név: marker neve (2); pozíció: a marker helye megabázisban kifejezve (3)

Table 1. The list of the 51 SNP markers used for the simulations

Chr: chromosome number (1); name: marker name (2); position: location of the marker expressed in megabase (3)

(The_pandas_development_team, 2021) könyvtárak használatával. A szülői párok oszlopban a 0, 1 és 2 számjegyek egy adott lókuszon rendre az 1-es allélra nézve homozigóta, a heterozigóta, illetve a 2-es allélra nézve homozigóta genotípust jelölik. A 00, 22, 20, 02 számpárok a homozigóta egyedek párosítását jelölik; a 11-es kód a heterozigóta egyedek párosítását, míg a 10, 01, 12 és 21 egy homozigóta és egy heterozigóta egyed párosítását szemlélteti. POH: Az utód heterozigotizálásának valószínűségét (Probability of the Offspring Heterozygosity) adja meg. ASp: A közös allélek aránya (proportion of shared allele). ASp(0–1): A POH és ASp értékek összehasonlításának megkönnyítése érdekében a 0–1 tartományra konvertáltuk az ASp értékeket.

1. ábra: A POH szelekció folyamatábrája



Ge: a szimulált generációk száma, BP: a tenyészpárok száma, Li: az almonkénti utódok száma, POH: az utódok heterozigóztásának valószínűsége, Asp: a megosztott allélok aránya, Hobs: a megfigyelt heterozigóztás, Hexp: a várható heterozigóztás (1)

Figure 1. The scheme of POH selection.

Ge: the number of simulated generations, BP: the number of breeding pairs, Li: the number of offspring per litter, POH: Probability of Offspring Heterozygosity, Asp: proportion of shared alleles, HOBs: observed heterozygosity, HEXP: expected heterozygosity (1)

2. táblázat: Egy lókuszt POH és Asp értékei a szülői genotípusok függvényében

Szülői párok	POH	ASp ₍₀₋₁₎	ASp
00	0	1	0,5
10 vagy 01	0,5	0,5	0,25
20 vagy 02	1	0	0
11	0,5	1	0,5
12 vagy 21	0,5	0,5	0,25
22	0	1	0,5

Table 2. POH and ASp values of a locus depending on the genotypes of the parents

2.5. A közös allélek arányának (ASp) kiszámítása

A szülők közötti közös allélek arányát (ASp) egy kétallélos lókuszt vonatkozóan az $ASp_{ij} = 0.25 \cdot (\text{közös allélok száma})$ képlettel számítottuk ki. A közös allélek száma (Weir és mtsai, 2006) az i és j egyedek között kettő, ha mindkét szülő ugyanarra az allélra nézve homozigóta (00, 22) (2. táblázat), vagy ha mindkettő heterozigóta (11), és egy, ha az egyik szülő homozigóta, a másik pedig heterozigóta (10, 01, 12, 21). A közös allélok száma nulla az ellentétes allélokra nézve homozigóta egyedek párosítása esetén (20 vagy 02). Több lókuszt figyelembevétele esetén az egyes lókusztok ASp értékeit átlagoltuk. A 2. táblázatban az ASp értékeket 0–1 tartományra konvertáltuk a POH értékekkel való jobb összehasonlíthatóság érdekében. Fontos megjegyezni, hogy a POH és az ASp(0–1) értékek a különböző párosítási típusoknál ellentétes vagy azonos értékeket vesznek fel, és ez alól az egyetlen kivételt a heterozigóta szülők esete képezi (11-es pár,

1. táblázat). A legalacsonyabb A_{Sp} értékekkel rendelkező párokat választottuk ki a következő generáció szüleiként. Minden azonos paraméter beállítás mellett ötven futtatást végeztünk, az előző fejezetben ismertetett könyvtárak felhasználásával.

2.6. Véletlenszerű szelekció

Referenciaként a POH és A_{Sp} szelekciós módszerek mellett véletlenszerű kiválasztást is szimuláltunk. Itt a tenyészpárokat minden generációban véletlenszerűen választottuk ki, az alompárok szülőként való kizárásával, egyéb szelekciós kritérium nélkül. Ötven párhuzamos futtatást végeztünk.

2.7. A HOBS és HEXP kiszámítása

A populáció állapotát a megfigyelt (H_{OBS}) és a várható heterozigóitás (H_{EXP}) méréseivel követtük nyomon. H_{OBS} (megfigyelt heterozigóitás): A vizsgált lókusztok heterozigóta genotípusainak aránya egy adott populációban. Először minden egyedre külön, majd az összes egyed értékének az átlagát határoztuk meg. H_{EXP} (várható heterozigóitás): Annak a valószínűsége, hogy két véletlenszerűen kiválasztott allél különböző. Az értéket minden lókuszra kiszámítottuk az allél-frekvenciák alapján, majd az összes lókuszt átlagát vettük.

2.8. Paraméter feltételek

A kutatás során különböző kísérleti beállításokat teszteltünk. A jobb érthetőség érdekében minden paraméterkombinációt rövidített formában adtuk meg:

M: A használt markerek/SNP-k száma (1, 2, 3, 51).

BP: A tenyészpárok száma (5, 7, 9, 10, 11, 13, 15, 17, 19, 21).

Li: Az almonkénti utódok száma (4).

Ge: A szimulált generációk száma (50, 1000).

Például az M51-BP10-Li4-Ge50 rövidítés azt jelenti, hogy a szimulációban 51 markert, 10 tenyészpárt, 4 utódot almonként és 50 generációt használtunk. Minden kiválasztott szülői pár egyedei csak egyszer vehettek részt a következő generáció kialakításában, illetve a generációk nem fedték egymást.

2.9. Adatok vizualizálása

A 2. ábra és az S1–S4. ábrák esetében a szimulációk tipikus futásait mutatjuk be. A számos ismétlésből és generációból származó fluktuációk csökkentése érdekében a H_{OBS} és H_{EXP} értékeket azonos paraméter feltételek esetén 50 futás átlagaként mutattuk be. Ez a megközelítés az egyedi grafikonvonalak helyett egy reprezentatívabb sávot eredményez a 3., 4. és az S5 kiegészítő ábrán, hatékonyan kisímtva a POH és A_{Sp} szelekciókban lévő ingadozásokat. Az S3. ábra esetében a megfigyelt heterozigóitás átlagolása a következő generációban a Pandas könyvtár exponenciálisan súlyozott mozgóátlag (exponentially weighted moving average) funkciójával történt (*The_pandas_development_team*, 2021) ($H_{OBS_n_smoothed} = (H_{OBS_n} + (1 - \alpha)H_{OBS_n-1} + (1 - \alpha)^2H_{OBS_n-2} + \dots + (1 - \alpha)^NH_{OBS_n-N}) / (1 + (1 - \alpha) + (1 - \alpha)^2 + \dots + (1 - \alpha)^N)$), ahol n az n-edik pozíciónál lévő értékre utal,

a H_{OBS} pedig a megfigyelt heterozigótizáció. Az α a simítási tényező, amelyet a $2/(N+1)$ képlettel számítunk, ahol N az egy periódusban vizsgált adatok száma.

3. Eredmények

3.1. POH szimulációk egy SNP-vel

A POH szelekciós módszerrel végzett szimulációk (M1-BP3-Li4-Ge50) azt mutatták, hogy a genetikai sokféleség fenntartható. A szimulációk egy 0,485-ös H_{OBS} értékű alappopulációból indultak. Mindhárom szimuláció ismétlés legalább egyszer elérte a maximális, 100%-os heterozigótizációt ($H_{OBS}=1,0$). Bár ez a magas érték nem volt tartósan fenntartható, a heterozigótizáció soha nem esett nullára (2. ábra). Ezzel szemben a véletlenszerű kiválasztásos modellek a H_{OBS} érték ingadozását, majd fokozatos csökkenését mutatták, ami végül a genetikai sokféleség teljes elvesztéséhez vezetett. (S1. ábra)

3.2. A görbe ingadozásai az egyéni szintű szelekciós lépésekben

A POH-szelekciós modell által generált oszcilláció magyarázatára az F41-F47 generációkat vizsgáltuk meg részletesen (2. ábra). F41-F42 generáció: A szülői párok a magas POH-értékűek voltak, ami magas heterozigóta utódarányt eredményezett az F42 generációban. F43 generáció: A szimuláció magas H_{OBS} értéket (0,92) produkált, ami meghaladta a várt H_{EXP} értéket (0,67). F44 generáció: Az F43 generáció magas heterozigóta aránya miatt a következő generáció szülői heterozigóta párok (AB x AB) voltak, amelyek POH értéke csak 0,5 lehetett. Emiatt a megfigyelt heterozigótizáció visszaesett 0,08-ra. F45 generáció: Az F44-es generációban megnövekedett a homozigóták aránya (AA, BB), ami lehetőséget adott a POH érték maximalizálására (AA x BB párok kiválasztása, POH=1,0). Ez a párosítás 100%-ban heterozigóta utódokat eredményezett az F46 generációban, így a H_{OBS} és H_{EXP} ismét elérte a maximális 1,0 értéket.

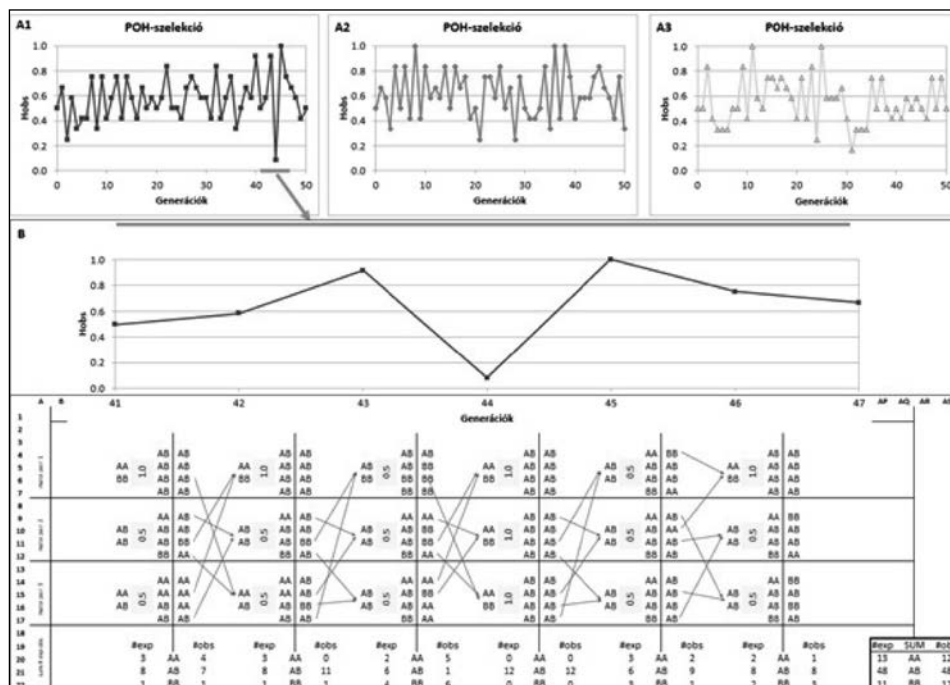
A POH-szelekciós módszerből adódóan a maximális heterozigóta arány ($H_{OBS} = 1,0$) elérése egy teljesen heterozigótákból álló generációt eredményez. Mivel ezen egyedek párosításával (AB x AB) szükségszerűen homozigóták (AA, BB) is születnek, a H_{OBS} csökken a következő generációban. Azonban a homozigóták megjelenése lehetővé teszi a magas POH-értékű párok (AA x BB) kiválasztását a későbbi generációkban, ami újra növeli a H_{OBS} -t, fenntartva a jellegzetes ingadozást.

Az adatok elemzése azt is igazolta, hogy a szimulált genotípusok gyakorisága szorosan megegyezik az elméleti várakozásokkal.

3.3. A szomszédos lókuszok sorsa POH-szelekció nélkül

Rekombináció nélkül a POH-szelekción kívüli lókuszok (azaz a nem figyelembe vett markerek) sorsa két végrete vezetett: egyesek heterozigóták maradtak, míg mások elvesztették a sokféleségüket és homozigótává váltak ($H_{OBS} = 0$). Azonban, ha a szimulációkban figyelembe vettük a rekombinációt (5-45 cM közötti távolságokkal), az összes lókusz heterozigótizációja végül nullára csökkent.

2. ábra: Szimulációk egy SNP-vel



(A1–A3): a Hobs-értékek ábrázolása POH szelekcióban. A vonalak különböző színei a különböző szimulációkat jelölik. (B): Az 1 SNP-vel végzett szimuláció lépései az F41–47 generációkban. A zöld nyíl és a zöld vízszintes sávok az (A1) nagyított részét jelölik. Generáció: az előző populáció kiválasztott páraiból generált utódok további csoportjai. Az (A1) nagyított része alatt az adott generációk szelekciós lépései láthatók egyedszinten. A sárga kiemelés egy adott pár utódainak POH-értékét jelöli. AA, AB és BB: egy lokusz genotípusai. #obs és #exp: az AA, AB és BB egyedek megfigyelt és várható száma. Hobs: megfigyelt heterozigóitás, Hexp: várható heterozigóitás. A Hexp és Hobs értékeket a megfelelő cellák félkövér keretével jelöltük.

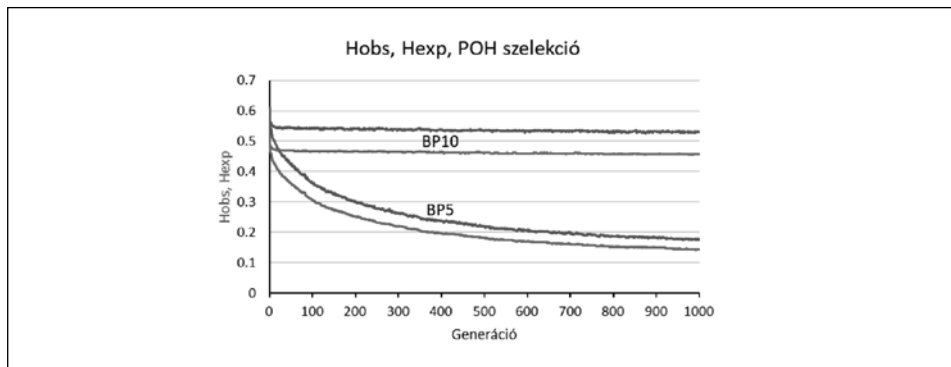
Figure 2: Simulations with one SNP

(A1–A3): plots of Hobs values in POH selection. Different colours of lines represent different simulations. (B): Steps of simulation with 1 SNP at generations F41–47. The green arrow and the green horizontal bars represent the zoomed-in section of (A1). Generation: subsequent pools of offspring generated from the selected pairs of the previous population. Under the enlarged part of (A1), the selection steps for these generations at the individual level are shown. Yellow highlight is the POH value of the offsprings of a given pair. AA, AB, and BB: genotypes of a locus. #obs and #exp: observed and expected number of AA, AB, and BB individuals. Hobs: observed heterozygosity, Hexp: expected heterozygosity. Hexp and Hobs values are outlined by providing bold borderlines of the corresponding cells.

3.4. POH szimulációk két és három SNP-vel

Két SNP-vel (M2) a POH-szelekció hasonlóan ingadozó H_{OBS} -értékeket eredményezett, mint az egy SNP-s modell, de az ingadozás amplitúdója kisebb volt, és a H_{OBS} értékek magasabbak maradtak (a legalacsonyabb érték 0,4 felett volt). Három SNP-vel (M3) az ingadozás tovább csökkent, a H_{OBS} értékek 0,4 és 0,8 között mozogtak (S4. ábra).

3. ábra: POH szelekció 51 SNP-vel, generáció száma 1000



Az alom mérete négy. BP: a tenyészpárok száma (BP = 5 és 10). Generáció: az előző populáció kiválasztott páraiból keletkező utódok csoportjai. A megfigyelt és a várható heterozigóztást (Hobs, Hexp) kék, illetve piros vonalakkal ábrázoltuk. Minden vonal 50 szimuláció értékeinek átlagát mutatja.

Figure 3. POH selection with 51 SNP, generation number 1000

Litter size is four. BP: number of breeding pairs (BP = 5, and 10). Generation: subsequent pools of offspring generated from the selected pairs of the previous population. The observed and expected heterozygosity (Hobs, Hexp) are plotted with blue and red lines, respectively. Each line was obtained by averaging the values of 50 simulations.

3.5. POH szimulációk 51 független SNP-vel (1000 generáción keresztül)

BP = 5: A heterozigózis csökkent ugyan, de nem érte el a nullát ($H_{OBS} = 0,175$). A H_{OBS} továbbra is meghaladta a H_{EXP} értékeket. BP = 10: A legstabilabb eredményt hozta. A H_{OBS} értékek nem csökkentek, sőt, az 1000. generációban is magasabbak voltak, mint a kezdeti érték (0,531 vs. 0,485). A H_{OBS} értékek minden generációban meghaladták a H_{EXP} értékeket (3. ábra)

3.6. A POH és az ASp módszer összehasonlítása

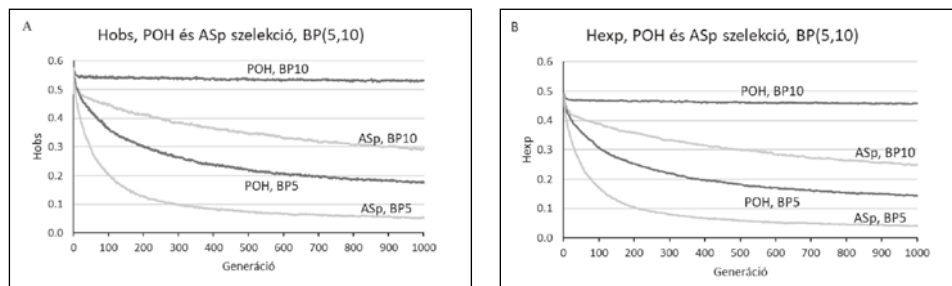
BP = 5: 1000 generáció után a POH 3,3-szor magasabb HOBs értéket és 3,3-szor magasabb HEXP értéket eredményezett, mint az ASp. Az ASp-módszer drasztikus csökkenést mutatott, ami a diverzitás elvesztéséhez vezetett. BP = 10: A POH-módszer 1,80-szor magasabb HOBs értéket és 1,83-szor magasabb HEXP értéket tartott fenn, mint az ASp (4. ábra).

A H_{OBS} és H_{EXP} értékek csökkenése a POH esetében csak 9 tenyészpárnál vált láthatóvá, míg az ASp-módszernél már 15 tenyészpárnál is megfigyelhető volt (S5. ábra).

4. Megbeszélés

Modellkísérletünk célja a heterozigóztás valószínűségén alapuló (POH) szelekció működésének értékelése és összehasonlítása volt a szülők minimális számú közös alléljain alapuló szelekciós módszerrel. A modellünk a beltenyésztés elkerülésének egy extrém esetét szimulálja, amelyben a genetikai előrehaladást – így a

4. ábra: POH (kék vonal) és ASp (narancssárga vonal) szelekció 5 és 10 szaporodópár esetén. generáció száma 1000



Az alomlétszám négy. Generáció: az előző populáció kiválasztott párjaiból származó utódok további csoportjai. Az (A, B) részek ugyanazon szimulációk megfigyelt és várható heterozigóztását (Hobs, Hexp) mutatják. Minden vonal 50 szimuláció értékeinek átlagát mutatja.

Figure 4. POH (blue line) and ASp (orange line) selection in the case of breeding pairs equal to 5 and 10. Generation number is 1000. Litter size is four. Generation: subsequent pools of offspring generated from the selected pairs of the previous population. Parts (A,B) are showing the observed and expected heterozygosity (Hobs, Hexp) of the same simulations, respectively. Each line was obtained by averaging the values of 50 simulations.

fenotípusos értéket, a kvantitatív tulajdonságok lókuszeit és a genotípus-környezet interakciókat – nem vettük figyelembe. Fontos megjegyezni, hogy a rendkívül lecsökkentett, 51 SNP-ből álló markerkészlet csupán bemutató eszközként szolgált; elsődleges funkciója az volt, hogy ezzel lehetővé vált a párosításokból származó almok egyszerűsített szimulációja.

Bár a számítások kiindulási populációját egy kutyafajta adta, a modell általános érvényű. A különböző élőlények eltérő evolúciós története természetesen egyedi kapcsoltsági mintázatokhoz vezet, és a kutyapopulációknak is megvannak a saját genetikai jellegzetességeik. Mivel azonban a POH-szelekciót tiszta formájában kívántuk vizsgálni, a modellből – több más tényező mellett – a kapcsoltsági egyensúlyhiányt (LD) is kizártuk. Ennek következtében a vizsgálat ezen szakaszában a bázispopuláció bármely más diploid élőlény lehetett volna.

A POH-megközelítés megbízható működését a 2. ábra szemlélteti. A szelekció ingadozó, „cikkcakkos” jellege akkor volt a legszembetűnőbb, amikor csupán egyetlen markert alkalmaztunk; ez a beállítás tette lehetővé, hogy a megfigyelt heterozigóztás (H_{OBS}) elérje az 1,0-s maximális értéket. További markerek bevonásával a $H_{OBS}=1,0$ érték elérése már lehetetlenné vált (lásd a 3.4. és 3.5. szakaszt). A görbék szélsőértékek közötti ritmikus, trendszerű ingadozása a modell belső, szabályszerű működésére utal. Az 1, 2 és 3 SNP-vel végzett kísérletek igazolták, hogy a POH-szelekció képes megőrizni a populáció genetikai sokféleségét a szelektált lókuszon. Ugyanakkor, ahogy az várható volt, a szelekcióban nem érintett egyéb lókuszek elveszíthetik heterozigóta jellegüket (S3. ábra) (Gomez-Romano és mtsai, 2013; Liu és mtsai, 2014; Meuwissen és mtsai, 2020; Roughsedge és mtsai, 2008), ami alátámasztja egy sűrűbb markerkészlet szükségességét.

A markerek számának 51-re növelésekor a hosszabb (>50 cM) kromoszómán a proximális és disztális régiókból egyaránt választottunk markereket, míg a

rövidebb (<50 cM) kromoszómákon csak a centrális területekről. Ezzel a megközelítéssel alacsony genomi lefedettséget értünk el anélkül, hogy genomszintű rekombinációkat vagy haplotípus blokkokat kellett volna szimulálnunk, ami sűrűbb lefedettség esetén elkerülhetetlen lenne. Ez a markerkészlet egy olyan minimális genomi panelnek tekinthető, amely alkalmas a POH-szelekció hatékonyságának demonstrálására. Ahhoz viszont, hogy a tenyésztési gyakorlatba át lehessen ültetni e módszert lényegesen sűrűbb markerkészletre van szükség.

Az 51 markerből álló készlet használata során a heterozigóztatás amplitúdója jelentősen összeszűkült, ami összhangban van az M1, M2 és M3 modellekben korábban megfigyelt tendenciával. Összefoglalva, eredményeink azt mutatják, hogy a POH-szelekciós módszerrel már tíz tenyészpárral is fenntartható a genetikai diverzitás, ami reményt ad a kevés egyedből álló, veszélyeztetett populációk túlélésére is. A POH-szelekció hosszú távon képes megőrizni a genetikai sokféleséget, amennyiben a tenyészpárok száma (BP) ≥ 10 és a nőtényenkénti almok száma (Li) = 4.

A minimális közös allélszámon alapuló szelekció (Weir és mtsai, 2006) és a POH-szelekció összehasonlítása alapján mindkét módszer jól teljesített, ha a szülői párok száma nagyobb vagy egyenlő volt tizenöttnél (BP >15). A valószínűségi értékeken alapuló POH-szelekció előnyösebbnek bizonyult, ha a tenyészpárok száma az $5 \leq BP \leq 15$ tartományba esett, mivel ebben az esetben is képes volt hosszú távon fenntartani a magas diverzitási szintet. Jelen tanulmányunk a POH-szelekció teljesítményének bemutatására fókuszált független markerekkel, ami lehetővé tette a módszer tipikus jellemzőinek meghatározását az ASp-szelekcióhoz viszonyítva. A modell kiterjeszthető további genetikai markerek bevonásával, valamint olyan tényezők szimulálásával, mint a mutáció, rekombináció, kapcsoltsági egyensúlyhiány és haplotípusok (Fogg és mtsai, 2024; Gorjanc és mtsai, 2018).

5. Alkalmazhatóság

Az állattenyésztésben a párosításra szánt egyedek kiválasztása kulcsfontosságú döntés. A termelésközpontú célok mellett a beltenyésztés elkerülése és a genetikai sokféleség megőrzése is elengedhetetlen szempont, különösen a kis létszámú és veszélyeztetett populációk esetében. A genomika korában az egyedek teljes genomjára vonatkozó polimorfizmus adatok hatékonyan támogathatják ezeket a döntéseket, segítve a termelési célok és a populáció genetikai egészsége közötti egyensúly megteremtését (de Cara és mtsai, 2011; de Cara és mtsai, 2013).

Az itt bemutatott POH-szelekciós módszer SNP-információt használ a maximális heterozigótás fenntartására az egymást követő generációk során. A maximális heterozigótáson alapuló szelekció azonban óvatosságot igényel. Egy fajta története során előfordulhattak olyan események, amelyek során „idegen vér” került az állományba, vagyis a törzskönyvezett egyedek között lehetnek más fajtáktól származó ősökkel rendelkezők. Az ilyen egyedek a szelekció során véletlenül a legjobb tenyészállatok közé kerülhetnek (Varga és mtsai, 2022). A POH-szelekciót ezért kizárólag olyan egyedeken szabad alkalmazni, amelyek esetében a fajtához tartozás genomikai vizsgálattal igazolt (Varga és mtsai, 2022; Wilmot és Gengler 2025). Ez az előszűrés növeli a POH-szelekció megbízhatóságát, összhangban a tenyésztői közösségek szigorú elvárásaival.

Amennyiben a szelekció egyetlen célja a genetikai sokféleség fenntartása és növelése, a POH-szelekció tökéletesen illeszkedik a konzervációs tenyésztés célkitűzéseire. A módszer gyakorlati alkalmazása azonban sokkal sűrűbb markertérképet igényel, mivel – ahogy azt jelen cikk és korábbi tanulmányok is kimutatták – a nem szelektált lókuszokon heterozigóitizálásának elvesztése következhet be (Gomez-Romano és mtsai, 2013; Liu és mtsai, 2014; Meuwissen és mtsai, 2020; Roughsedge és mtsai, 2008).

Azokban a fajokban, ahol a tenyésztési struktúra decentralizált, és egy fajta jövője több érdekelt féltől (pl. tenyésztők, klubok, állami szervek) függ, a POH-szelekció iránymutatásként szolgálhat az átfogó tenyésztési stratégiához. A kutyafajták menedzselése kiváló példa a modell gyakorlati alkalmazására. Míg az egyes tenyésztők saját szelekciós preferenciákkal rendelkeznek, a tenyésztői klubok vagy állami szervezetek a heterozigóitizálás fenntartását részesíthetik előnyben, különösen a kis populációjú, veszélyeztetett fajtáknál.

Ezek a szervezetek pénzügyi támogatást nyújthatnak a POH-módszerrel javasolt párosításokhoz, természetvédelmi céljaik szerint rangsorolva azokat. Ez lehetővé teszi a tenyésztők számára, hogy saját preferenciáik alapján döntsenek, vagy elfogadják a POH-szelekció által kínált, személyre szabott ajánlásokat. Ily módon a konzerváció iránt elkötelezett szervezetek jelentősen befolyásolhatják egy adott fajta megőrzési stratégiáját a fennálló szelekciós kereteken belül (Kristensen és mtsai, 2015; Wainwright és mtsai, 2019).

6. Következtetések

Vizsgálatunk bizonyítja, hogy a POH-szelekció értékes eszköz a genetikai sokféleség megőrzésére, különösen olyan kis vagy veszélyeztetett populációkban, ahol mindössze tíz tenyészpár áll rendelkezésre. Bár a modell hatékonyságának bemutatásához elegendő volt egy minimális markerkészlet, a tenyésztési gyakorlatban való alkalmazáshoz lényegesen sűrűbb panel szükséges a nem szelektált lókuszokon bekövetkező heterozigóitizálás veszteség elkerülése érdekében. A minimális közös allélszámon alapuló szelekcióval összehasonlítva a POH-szelekció előnyösebbnek tűnik a nagyon kis tenyészpár számmal rendelkező populációk esetében. A módszer sikeres alkalmazásához célszerű előzetesen genomikai fajtaazonossági vizsgálatot végezni a fajtabesorolás megbízható megerősítése érdekében. A POH-szelekció hatékony eszközként szolgálhat a konzervációs tenyésztési programokban, lehetővé téve a tenyésztői szervezetek számára a párosítási döntések irányítását és támogatását.

7. Kiegészítő anyagok

A következő kiegészítő információk letölthetők a következő weboldalról: <https://www.mdpi.com/article/10.3390/ani15152217/s1>

S1 ábra: Megfigyelt heterozigóitizációk (Hobs) a generációkban POH (A) és véletlenszerű kiválasztás (B) esetén. A markerek száma egy, a tenyészpárok száma három. Az A rész az 2. ábra (A1–A3) alapján készült. Generáció: az előző populáció kiválasztott páraiból származó utódok egymást követő csoportjai. A különböző színek különböző szimulációkat jelölnek.

S2 ábra: a 2. ábra Excel formátumban. Szimulációk egy SNP-vel. A1–A3: a POH-szelekcióban mért Hobs-értékek ábrázolása, B: szimuláció lépései 1 SNP-vel az F41–47 generációkban.

Hobs: megfigyelt heterozigótizás. Generáció: az előző populáció kiválasztott párjaitól származó utódok egymást követő csoportjai. Az A1 nagyított részén láthatók az egyes generációk szelekciós lépései egyéni szinten. A sárga kiemelés az adott pár utódainak POH értéke. AA, AB és BB: egy lókusztípusai. #obs és #exp: megfigyelt és várható szám AA, AB és BB egyedek. Hobs: megfigyelt heterozigóta, Hexp: várható heterozigóta. A Hexp és Hobs értékeket a megfelelő cellák vastag szegélye jelöli.

S3 ábra: POH-szelekció egy SNP (M0) és kilenc szomszédos lókuszt (M1–M9) esetében 5-10-15-20-25-30-35-40-45 cM távolságokkal rekombináció nélkül (A) és távolságfüggő rekombinációval (B). Generáció: az előző populáció kiválasztott párjaiból származó utódok egymást követő csoportjai. A különböző színek a szimulációban a különböző markereket (M0–M9) jelölik; A különböző színek a szimulációkat jelölik.

S4 ábra: POH-szimulációk két (A) és három (B) SNP-vel. BP: tenyészpárok száma. Generáció: az előző populáció kiválasztott párjaiból létrehozott utódok egymást követő csoportjai. Az A és B szakaszban a különböző színek a különböző szimulációkat jelölik.

S5 ábra: Megfigyelt és várható heterozigóta (Hobs és Hexp) a POH és ASp szelekciókban különböző számú tenyészpár esetén. BP: tenyészpárok száma. Generáció: az előző populáció kiválasztott párjaitól származó utódok következő csoportjai. A különböző színek a különböző számú tenyészpárral végzett szimulációkat jelölik. Minden vonalat 50 szimuláció értékének átlagolásával kaptunk.

8. Köszönetnyilvánítás

Köszönjük a lehetőséget, melyet a Kormányzati Informatikai Fejlesztési Ügynökség által üzemeltetett Komondor biztosított.

9. Felhasznált irodalom

- de Cara, M.A. – Fernandez, J. – Toro, M. A. – Villanueva, B. (2011): Using genome-wide information to minimize the loss of diversity in conservation programmes. *J. Anim. Breed. Genet.*, 128. 456–464. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2011.00971.x>
- de Cara, M. A. – Villanueva, B. – Toro, M. A. – Fernandez, J. (2013): Using genomic tools to maintain diversity and fitness in conservation programmes. *Mol. Ecol.*, 22. 6091–6099. <https://doi.org/10.1111/mec.12560>
- Fernandez, J. – Caballero, A. (2001): A comparison of management strategies for conservation with regard to population fitness. *Conserv. Genet.*, 2. 121–131. <https://doi.org/10.1023/A:1011830703723>
- Fernandez, J. – Toro, M. A. – Caballero, A. (2004): Managing individuals' contributions to maximize the allelic diversity maintained in small, conserved populations. *Conserv. Biol.*, 18. 1358–1367. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2004.00341.x>
- Fernandez, J. – Villanueva, B. – Pong-Wong, R. – Toro, M. A. (2005): Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programs. *Genetics*, 170. 1313–1321. <https://doi.org/10.1534/genetics.104.037325>

- Fogg, J. – Ortiz, J. – Pocrnić, I. – Hall, J. A. J. – Gorjanc, G. (2024): Robust optimal contribution selection. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2412.02888>
- Gebregiwerigis, G. T. – Sorensen, A. C. – Henryon, M. – Meuwissen, T. (2020): Controlling coancestry and thereby future inbreeding by optimum-contribution selection using alternative genomic-relationship Matrices. *Front Genet.*, 11. 345.
- Gomez-Romano, F. – Villanueva, B. – de Cara, M. A. – Fernandez, J. (2013): Maintaining genetic diversity using molecular coancestry: the effect of marker density and effective population size. *Genet. Sel. Evol.*, 45. 38. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-45-38>
- Gomez-Romano, F. – Villanueva, B. – Fernandez, J. – Woolliams, J. A. – Pong-Wong, R. (2016): The use of genomic coancestry matrices in the optimisation of contributions to maintain genetic diversity at specific regions of the genome. *Genet. Sel. Evol.*, 48. 2. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0172-y>
- Gorjanc, G. – Gaynor, R. C. – Hickey, J. M. (2018): Optimal cross selection for long-term genetic gain in two-part programs with rapid recurrent genomic selection. *Theor. Appl. Genet.*, 131. 1953–1966. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3125-3>
- Gutierrez, J. P. – Royo, L. J. – Alvarez, I. – Goyache, F. (2005): MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J. Hered.*, 96. 718–721. <https://doi.org/10.1093/jhered/esi118>
- Harris, C. R. – Millman, K. J. – van der Walt, S. J. – Gommers, R. – Virtanen, P. – Cournapeau, D. – Wieser, E. – Taylor, J. – Berg, S. – Smith, N. J. – és mtsai (2020): Array programming with NumPy. *Nature*, 585. 357–362. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2649-2>
- Ivy, J. A. – Lacy, R. C. (2012): A comparison of strategies for selecting breeding pairs to maximize genetic diversity retention in managed populations. *J. Hered.*, 103. 186–196. <https://doi.org/10.1093/jhered/esr129>
- Kristensen, T. N. – Hoffmann, A. A. – Pertoldi, C. – Stronen, A. V. (2015): What can livestock breeders learn from conservation genetics and vice versa? *Front. Genet.*, 6. 38. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00038>
- Liu, H. – Sorensen, A. C. – Meuwissen, T. H. – Berg, P. (2014): Allele frequency changes due to hitchhiking in genomic selection programs. *Genet. Sel. Evol.*, 46. 8. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-46-8>
- Meuwissen, T. H. E. – Sonesson, A. K. – Gebregiwerigis, G. – Woolliams, J. A. (2020): Management of Genetic Diversity in the Era of Genomics. *Front. Genet.*, 11. 880. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00880>
- Morales-Gonzalez, E. – Fernandez, J. – Pong-Wong, R. – Toro, M. A. – Villanueva, B. (2021): Changes in allele frequencies when different genomic coancestry matrices are used for maintaining genetic diversity. *Genes*, 12. 673. <https://doi.org/10.3390/genes12050673>
- Morales-González, E. – Saura, M. – Fernández, A. – Fernández, J. – Pong-Wong, R. – Cabaleiro, S. – Martínez, P. – Martín-García, A. – Villanueva, B. (2020): Evaluating different genomic coancestry matrices for managing genetic variability in turbot. *Aquaculture*, 520. 734985. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.734985>
- Nei, M. (1973): Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 70. 3321–3323. <https://doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321>
- Python Software Foundation. Python 3.9.7. <https://www.python.org/downloads/release/python-397/>
- Roughsedge, T. – Pong-Wong, R. – Woolliams, J. A. – Villanueva, B. (2008): Restricting coancestry and inbreeding at a specific position on the genome by using optimized selection. *Genet. Res.*, 90. 199–208. <https://doi.org/10.1017/S0016672307009214>
- The_pandas_development_team. pandas-dev/pandas: Pandas. <https://zenodo.org/records/5501881>
- Toro, M. A. – Fernández, J. – Caballero, A. (2009): Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Liv. Sci.*, 120. 174–195. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.07.003>

- Varga, L. – Edvine, E. M. – Hudak, P. – Anton, I. – Palinkas-Bodzsar, N. – Zsolnai, A. (2022): Balancing at the borderline of a breed: A case study of the Hungarian Short-Haired Vizsla dog breed, definition of the breed profile using simple SNP-based methods. *Genes*, 13. 2022. <https://doi.org/10.3390/genes13112022>
- Wainwright, W. – Vosough Ahmadi, B. – Mcvittie, A. – Simm, G. – Moran, D. (2019): Prioritising support for cost effective rare breed conservation using multi-criteria decision analysis. *Front. Ecol. Evol.*, 7. 110. <https://doi.org/10.3389/fevo.2019.00110>
- Weir, B. S. – Anderson, A. D. – Hepler, A. B. (2006): Genetic relatedness analysis: modern data and new challenges. *Nat. Rev. Genet.*, 7. 771-780. <https://doi.org/10.1038/nrg1960>
- Wilmot, H. – Gengler, N. (2025): Good practice for assignment of breeds and populations - a review. *Front. Anim. Sci.*, 6. 1508081. <https://doi.org/10.3389/fanim.2025.1508081>
- Wong, A. K. – Ruhe, A. L. – Dumont, B. L. – Robertson, K. R. – Guerrero, G. – Shull, S. M. – Ziegler, J. S. – Millon, L. – Broman, K. W. – Payseur, B. A. – és mtsai (2010): A comprehensive linkage map of the dog genome. *Genetics*, 184. 595–605. <https://doi.org/10.1534/genetics.109.106831>
- Wright, S. (1921): Systems of Mating. *Genetics*, 6. 111–178. <https://doi.org/10.1093/genetics/6.2.111>
- Érkezett: 2025. november

Szerzők címe: Zsolnai, A.

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvár Campus
 Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Kaposvár Campus
 H-7400 Kaposvár, Guba Sándor u. 40.
 *levelező szerző, e-mail: attila.zsolnai@gmail.com

Szalai, G.

Department of Biomedical Sciences, Burrell College of Osteopathic Medicine
 3501 Arrowhead Drive, Las Cruces, NM 88001, USA

Curik, I.

Department of Animal Science, University of Zagreb Faculty of Agriculture
 Svetošimunska Cesta 25, 10000 Zagreb, Croatia

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.

Hudák, P.

Nemzeti Biodiverzitási és Génmegőrzési Központ, Haszonállat-génmegőrzési
 Intézet
 National Centre for Biodiversity and Gene Conservation, Institute for Farm
 Animal Gene Conservation
 H-2100 Gödöllő, Isaszegi út 200.

Varga, L.

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Molekuláris Genetika és Nemesítés
 Csoport, Genetika és Genomika Tanszék, Genetika és Biotechnológia Intézet,
 Szent István Campus
 Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Institute of Genetics and
 Biotechnology, Szent István Campus
 2100 Gödöllő, Páter Károly u. 1.

Tenyészértékbecslési módszerek összehasonlítása azonos környezeti feltételek mellett holstein-fríz tehének tejtermelési tulajdonságaira

Comparison of different breeding value estimation methods for milk production traits of Holstein-Friesian cows under identical environmental conditions

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

ÖSSZEFOGLALÁS

A vizsgálatban 1616549 holstein-fríz nőivarú egyed genotípusát elemeztük a genetikai érték ($BV_{\text{GENOMIKAI}}$) genomikai becsléséhez. A genotipizálás az EuroGenomics MD v3.0 chipkészlettel, akkreditált Illumina laboratóriumban történt. Emellett a nemzetközi és hazai referencia-populációk adatai alapján, hagyományos BLUP módszerrel is elvégeztük a tenyészérték-becslést egyedi állatokra (BV_{BLUP}) és származási adatok alapján ($BV_{\text{PEDIGRÉ}}$). Az összehasonlítás validálásához egyetlen telepről származó, azonos környezeti feltételek között nevelt és tartott, első laktációs 190 tehén teljesítményadatait használtuk fel. A fenotípusos adatok és a három különböző becslési modell eredményei közötti kapcsolatot korreláció- és regresszióanalízissel vizsgáltuk. A 305 napos standard laktáció átlagtermelése 10910,5 kg tej, 397,86 kg tejzsír és 365,33 kg tejfehérje volt. Az összehasonlító elemzések alapján a legnagyobb pontosságot a hagyományos BLUP tenyészérték-becslés (BV_{BLUP}) mutatta, ezt követte a genomikai becslés ($BV_{\text{GENOMIKAI}}$), míg a legkevésbé megbízhatónak a származási alapú becslés ($BV_{\text{PEDIGRÉ}}$) bizonyult ($R^2 = 0,37\text{--}0,48; 0,09\text{--}0,23; \text{illetve } 0,02\text{--}0,06$).
Kulcsszavak: holstein-fríz, genomikai tenyészérték, BLUP tenyészérték, pedigré tenyészérték

Summary

Objective: This study compared the phenotypic performance and breeding values (BV) of Holstein-Friesian cows using three BLUP (best linear unbiased prediction) estimation methods: pedigree (BV_{PEDIGREE}), traditional (BV_{BLUP}) and genomically enhanced (BV_{GENOMIC}) to validate the different estimation models.

Methods: 1,616,549 Holstein-Friesian females were genotyped for genomic evaluation of genetic merit (BV_{GENOMIC}). Genotyping was performed using the EuroGenomics MD v3.0 chipset on the Illumina microarray scanner platform operated by an accredited Illumina laboratory. In addition, international and national reference populations were used for traditional BLUP breeding value (BV) estimation for both individuals (BV_{BLUP}) and parents (BV_{PEDIGREE}). A single-step BLUP animal model was used for this estimation. A sample of 190 first lactation progeny cows from a single herd, reared and kept under consistent environmental conditions, was used to validate the three types of BV estimation methods. Correlation and regression analysis were used to study the association between the phenotypic performance and the results of three different estimation models.

Results: The average production of the 305-day standard lactation was 10,910.5 kg milk, 397.86 kg butterfat and 365.33 kg protein. Comparative analyses showed that BV_{BLUP} had the highest accuracy, followed by BV_{GENOMIC} , while BV_{PEDIGREE} was the least reliable, $R^2 = 0.37$ to $0.48; 0.09$ to $0.23; 0.02$ to 0.06 , respectively. Significant associations were found at a high level ($p < 0.01$), except for the pedigree breeding value for butterfat production. All regression coefficient (b) values were positive, with the highest observed for BV_{BLUP} ($b = 0.12\text{--}0.21$), followed by BV_{GENOMIC} ($b = 0.10\text{--}0.15$), and the lowest for BV_{PEDIGREE} ($b = 0.04\text{--}0.07$). The data clearly demonstrate that the highest determination ($R^2 = 0.37\text{--}0.48$) for each phenotypic trait was achieved by BV_{BLUP} , with BV_{GENOMIC} showing a lower determination ($R^2 = 0.09\text{--}0.23$), and BV_{PEDIGREE} the least ($R^2 = 0.02\text{--}0.06$). Among the production traits, milk and butterfat yields were more strongly determined by breeding values than milk protein yield. Slope values ($b = 0.17\text{--}0.21$) were positive in each case, being highest for BV_{BLUP} , lower for BV_{GENOMIC} ($0.10\text{--}0.15$), and lowest for BV_{PEDIGREE} ($0.04\text{--}0.07$).

Conclusions: This study highlights the varying degrees of effectiveness of different breeding value estimation methods in a controlled environmental setting. The results provide practical guidance for the introduction of genomic selection.

Keywords: Holstein-Friesian, genomically, BLUP and pedigree breeding value

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

A tenyésztértéket (BV) a tenyészállat genetikai potenciáljaként határozzák meg, amelyet ivadékaire képes átörökíteni. A BV különféle adatforrások alapján becsülhető: magának az állatnak a teljesítménye, a vele genetikailag rokon oldalági rokonok eredményei, valamint az ivadékok termelési mutatói alapján. Ez a módszer torzítatlannak tekinthető, mivel az adott állatra vonatkozó későbbi becslésekbe fokozatosan egyre több adat épül be. A későbbi becslések az adott állatra vonatkozóan egyre több információt integrálnak. A BLUP különböző változatai napjainkra széles körben alkalmazott, fejlett statisztikai modellekké váltak, amelyek lehetővé teszik a populáció valamennyi egyedének értékelését. Ezt követően kifejlesztették a genomikai tenyésztértébecslést (BV_{GENOMIKAI}), amely a genomikai adatokat és a DNS-ből származó SNP- (egy pontos nukleotid-polimorfizmus) információkat is beépíti a modellbe. Ez a módszer egyrészt az egyed saját SNP-adataira, másrészt az SNP-információ és a teljesítmény közötti kapcsolatra épül, amelyet a referencia-populáció BLUP-adataiból származtatnak és deregresszálnak. *Wiggans és mtsai* (2017) a genomikai szelekció tejelő szarvasmarha-tenyésztésre gyakorolt hatásait vizsgálták, és rámutattak, hogy az SNP-genotipizálás lehetővé tette a gyorsabb genetikai előrehaladást a generációs intervallum csökkentése révén, mivel már fiatal állatok és embriók is genotipizálhatók. Két fő módszert – a Bayes-féle és a BLUP-alapú megközelítést – tanulmányoztak és alkalmaztak széles körben. *Echeverri és mtsai* (2014) megállapították, hogy a BLUP, MBLUP és Bayes C módszerekkel becsült tenyésztértékek a holstein-fríz fajtában eltérő nagyságrendű értékeket eredményeztek, ugyanakkor az állatok rangsorolása szempontjából nem mutattak lényeges különbségeket. *Abaci és mtsai* (2016) kimutatták, hogy a legszorosabb korreláció a BLUP és a Bayes Cpi, míg a leggyengébb a BLUP és a Bayes A között volt. Összetettséjük ellenére a Bayes-alapú módszerek a gyakorlatban kevésbé elterjedtek, mint a BLUP-módszerek, amint arra *Wang és mtsai* (2014) is felhívták a figyelmet.

Koivula és mtsai (2012) különböző tenyésztértébecslési módszereket hasonlítottak össze, és megállapították, hogy az SNP-BLUP és a G-BLUP azonos validációs megbízhatóságot eredményezett, míg a H-BLUP (H-mátrixon alapuló legjobb lineáris torzítatlan becslés) némileg nagyobb megbízhatóságot adott, ami csekély előnyt jelez a H-BLUP alkalmazása mellett a genomikai értékelésben. *Lee és mtsai* (2020) kimutatták, hogy a genomikai tenyésztértébecsléssel (GEBV) kapott értékek megbízhatósága átlagosan 9%-kal haladta meg a hagyományos becsült tenyésztértékeket (EBV): a növekedés 7% volt a vizsgált tehének, és körülbelül 4% a tenyész bikák esetében. *Herrera és mtsai* (2021) a Fülöp-szigeteki tejhasznú bivalyoknál értékelték a tenyésztérték-becslések pontosságát a genomikai legjobb lineáris torzítatlan becslés (GBLUP) és az egylépcsős genomikai BLUP (ssGBLUP) módszerek alkalmazásával, és ezeket a származási alapú BLUP-pal (pBLUP) hasonlították össze. Eredményeik szerint a genomikai módszerek pontosabb predikciókat adtak, mint a pBLUP. *Massender és mtsai* (2022) két kecskefajta esetében vizsgálták a genomikai és a származási alapú tenyésztértékek validációs pontosságát. Az alpesi fajtában kis mértékű javulást tapasztaltak a genomikai becslés javára, míg a szánneni fajtában ez a javulás nem volt kimutatható, ami valószínűleg a validációs kísérlet korlátozott kialakításának tudható be. *Abdel-*

Shafy és mtsai (2020) 90 ezres marker-sűrűségű genotipizáló panelt alkalmaztak, és 0,61-es előrejelzési pontosságot értek el, amely a jelenlegi feltételek mellett megfelelőnek tekinthető. *Zhang és mtsai.* (2022) a származási alapú BLUP, a GBLUP és az ssGBLUP módszereket hasonlították össze, és megállapították, hogy az EBV-k megbízhatósága javítható a genomikai tenyésztékek (GEBV) bevonásával.

Hayes és mtsai (2009) a GBLUP módszert alkalmazták egy holstein-fríz referencia-populáción, és megállapították, hogy a kapott és a várható megbízhatósági értékek általában jól korreláltak, ugyanakkor a várható megbízhatóságok átlagosan mintegy 8%-kal felülbecsülték a tényleges értékeket a különböző tulajdonságok esetében. *Echeverri és mtsai* (2014) megfigyelték, hogy a különböző módszerekkel becsült tenyésztékek közötti Spearman-féle rangkorrelációs együtthatók 0,5 felett voltak. Eredményeik azt mutatták, hogy bár a BLUP, a módosított BLUP (MBLUP) és a Bayes C módszerek között a tenyésztékek nagyságrendje eltért, az állatok BV-alapú rangsorolása nem különbözött szignifikánsan. A módszertani eltérések ellenére az egyes állatokhoz rendelt relatív genetikai értékek konzisztensen alakultak. *Cesarani és mtsai* 2021-ben beszámoltak arról, hogy a genomikai információk bevonása növelheti a tenyésztékbecsülés pontosságát és gyorsíthatja a genetikai előrehaladást a tejelő képesség tekintetében az olasz szimentáli szarvasmarha-állományban. *Aguilar és mtsai* (2010) négy genetikai elemzési módszert hasonlítottak össze az Egyesült Államok holstein állományaiiban: kizárólag származási adatokon alapuló, kombinált származási és genomikai (egylépcsős), teljes adatbázison alapuló származási, valamint többlépcsős megközelítéseket. Az egylépcsős módszer, amely egyesíti a származási és a genomikai információkat, a többlépcsős eljárásokhoz hasonló pontosságú és torzításmentes genomikai predikciókat eredményezett, és jól alkalmazkodott a különböző populációs szerkezetekhez. Ez a megközelítés várhatóan egyre előnyösebbé válik, ahogy egyre több állatot választanak elő genotípusuk alapján.

Fessenden és mtsai (2020) hangsúlyozták a szelekciós indexek jelentőségét a tenyésztési programokban, különösen az állatok genetikai potenciáljának gazdasági érték szempontjából történő előrejelzésében. Tanulmányuk retrospektív módon vizsgálta egy olyan szelekciós index hatékonyságát, amely genomikai információval kiegészített becsült tenyésztékeket (genomically-enhanced predicted transmitting abilities) tartalmazott, hogy felmérje annak képességét az élettéljesítményen alapuló profit előrejelzésére az amerikai holstein állományban. A szerzők megállapítása szerint a szelekciós indexek alapvető eszközei a tenyésztési programoknak. Már az 1940-es években bevezették őket annak érdekében, hogy kiegyensúlyozott genetikai előrehaladást érjenek el a termelékenység és gazdasági eredményt befolyásoló tulajdonságok között – ahogyan azt *Hazel* (1943) klasszikus munkája is leírta. Ezek az indexek több tulajdonság genetikai értékeit egyetlen összetett értékke kombinálják, lehetővé téve az állatok rangsorolását és a tenyésztési döntések megalapozását. Általában a szelekciós indexek az összesített gazdasági tenyésztéket becsülik. A kereskedelmi genomikai tesztek gyakran tartalmaznak ilyen szelekciós indexeket, így a tehenészetek számára lehetővé teszik az üszők stratégiai selejtezését és tenyésztésbe állítását. *Lourenco és mtsai* (2015) kimutatták, hogy a genomikai adatok felhasználása az állattenyésztésben – különösen a tejelő szarvasmarhák

esetében – növeli a becsült tenyésztértékek (EBV) pontosságát, mivel pontosabb képet ad a genetikai kapcsolatok és a kapcsoltsági kiegyensúlyozatlansága (LD), illetve a mennyiségi tulajdonságokat meghatározó lókuszok (QTL) közötti összefüggésekről. Azt is megjegyezték, hogy bár a nőivarú genotípusok hozzáadása egy főként him egyedekből álló referenciapopulációhoz csak csekély javulást eredményez a fiatal tenyészbika-jelöltek értékelésének megbízhatóságában, a nőivarú egyedek genotipizálása mégis értékes a telepen belüli szelekció és az elit tehenek azonosítása szempontjából. A genomikai szelekció tehát lehetővé teszi a korai életkorban történő kiválasztást és a genetikai előrehaladás felgyorsítását, különösen a nagy szelekciós intenzitású tenyésztési vonalakban.

A genomikai tenyésztértébecslést és szelekciót a szarvasmarha-tenyésztésben már több éve alkalmazzák, azonban az alkalmazott módszerek folyamatos ellenőrzése nemcsak tudományos, hanem gyakorlati szempontból is előnyös lehet. Bár számos tanulmány foglalkozik a témával, még mindig kevés olyan kutatás érhető el, amely különböző tenyésztértébecslési módszereket egységes környezeti feltételek mellett rendszeresen hasonlítana össze és értékelné. Emellett alig találhatók olyan publikált eredmények, amelyek azonos telepen tartott, nagy számú tehen adatain alapulnának, pedig ezek különösen értékes információkat nyújthatnának a gyakorlati alkalmazás számára.

Vizsgálatunk célja az volt, hogy három különböző módszer – a származási adatokon (szülők tenyésztértékén) alapuló ($BV_{PEDIGRÉ}$), a hagyományos BLUP (BV_{BLUP}) és a genomikai adatokkal kiegészített BLUP ($BV_{GENOMIKAI}$) – alkalmazásával becsült tenyésztértékeket hasonlítsunk össze a holstein-fríz tehenek legfontosabb termelési tulajdonságai (tej-, zsír- és fehérjetermelés) tekintetében Magyarországon. A három tenyésztértébecslési módszer pontosságát, megbízhatóságát és gyakorlati alkalmazhatóságát első laktációs, azonos korú (születési idő középértéke ± 3 hónap), ugyanabban a tejtermelő gazdaságban nevelt és egységes környezeti feltételek között tartott tehenek adatai alapján értékeltük.

A tanulmány újdonsága abban rejlik, hogy a tenyésztértékeket valós termelési adatokkal közvetlenül összevetve értékeli a különböző becslési módszereket egységes környezeti feltételek mellett, ezáltal új ismereteket nyújtva a genomikai szelekció gyakorlati alkalmazásához a holstein-fríz szarvasmarha-tenyésztésben. A kiindulási alapunk az volt, hogy az azonos környezetben tapasztalt fenotípusos tejestrőménykülönbség elsősorban genetikai eredetű. Arra voltunk kíváncsiak, hogy ezt a genetikai különbséget az egyes tenyésztértébecslési módszerek mennyire tükrözik vissza.

2. Anyag és módszer

A vizsgálat alapját 1616549 holstein-fríz nőivarú egyed tenyésztértékadatai képezték, amelyekből kiválasztott 190 első laktációs tehen genotípusos és fenotípusos eredményeivel validáltunk.

2.1. A vizsgált populáció adatbázisa és a becsült tulajdonságok

A tenyésztértébecslési rendszerben Magyarország különböző tejtermelő tehenészetekben tartott holstein-fríz nőivarú egyed 1616549 tenyésztértékével

dolgoztunk. Az átlagos tejtermelésellenőrzött tehénlétszám 453 törzskönyvezett tehén, amely a világ egyik legkoncentráltabb állományának mutatószáma. Az általános tartástechnológia pihenőboxos, szabad tartású istállórendszer nyitott pihenőkarámmal. A fejés többnyire fejőházban történik, egyes gazdaságokban pedig robotfejési rendszerrel.

Az állatok TMR-alapú (Total Mixed Ration – teljes takarmánykeverékes) takarmányt kapnak az év minden napján. Az adagok főként kukoricaszilázsából vagy más gabonafélék szilázsából, valamint gabona- és fehérjekoncentrátumokból állnak, amelyeket ásványi anyagokkal és vitaminokkal egészítenek ki. A napi takarmányadag összetételét a tehének tejtermelése, laktációs szakasza vagy szárazonállási időszaka alapján határozzák meg.

A vizsgálat idején összesen 23 561 nőivarú holstein-fríz egyedet genotipizáltunk (többségében üszöket, kisebb részben teheneket). A kutatási célú adatelemzéshez az állatokat telepenkénti alcsoportokra (szubpopulációkra) bontva rendeztük. Az adatbázist úgy szűrtük, hogy csak azok az egyedeket választottuk ki, amelyek esetében származási alapon becsült BLUP-tenyésztérték ($BV_{PEDIGRÉ}$) vagyis szülői tenyésztértékek és genomikai információval kiegészített tenyésztérték (Genomically Enhanced Breeding Value: GEV , $BV_{GENOMIKAI}$) is adott telepen, azonos környezeti feltételek mellett álltak rendelkezésünkre. A különböző tenyésztértékek validálására felhasznált 190 első laktációs tehén ugyanabban az évben, 2018 márciusa és szeptembere (június $\pm$ 3 hónap) között született. Az állatokat azonos állományban nevelték és ugyanazon a telepen tartották, az ország egyik legnagyobb nagyüzemi holstein tehenészetében, mintegy 1000 fejőstehénnel, amelyek mindegyike szerepel a magyar holstein-fríz fajta törzskönyvi nyilvántartásában és hivatalos tejtermelésellenőrzés alatt áll, valamint hivatalos küllemi bírálattal is rendelkeztek, amely teljesítményadatok a hagyományos tehén tenyésztértékek meghatározásához elengedhetetlenek voltak.

Ez a kontrollált tartási és takarmányozási rendszer alapvető volt a környezeti hatások minimalizálásához, biztosítva, hogy a termelési tulajdonságok és a genetikai értékelések elsősorban a genetikai különbségeket tükrözzék. A teljes adathalmazból azon egyedeket válogattuk ki, amelyektől korai életszakaszukban biológiai mintát is gyűjtöttünk és elvégeztük az örökítőanyag SNP elemzését, a genotipizálást. A 190 tehén az ellést követően megkezdte első laktációját, és 305 nap elteltével a tejtermelési és küllemi bírálati adatok rendelkezésre álltak. A mért termelési tulajdonságok a következők voltak: 305 napos tejtermelés (MLK, kg), zsírtermelés (FAT, kg), fehérjetermelés (PRO, kg). Minden egyed esetében háromféle tenyésztérték állt rendelkezésre: származási alapú tenyésztérték ($BV_{PEDIGRÉ}$), hagyományos, saját teljesítményen alapuló BLUP tenyésztérték (BV_{BLUP}), valamint genomikai információval kiegészített BLUP-tenyésztérték ($BV_{GENOMIKAI}$). A termelési és tenyésztérték-adatok feldolgozása *Stoop* és *mtsai* (2107.) módszere szerint történt.

2.2. A tenyésztértékbecslési módszerek

Az említett háromféle tenyésztértékbecslési módszer részletes ismertetése az alábbiakban olvasható. A származási alapú tenyésztérték ($BV_{PEDIGRÉ}$) számítása a hagyományos BLUP-tenyésztértékek (BV_{BLUP}) alapján történt, az anya és az apa értékeinek egyszerű számtani átlagaként, az alábbi képlet szerint:

$$BV_{PEDIGRÉ} = \frac{BV_{BLUP_d} + BV_{BLUP_s}}{2}$$

(Ahol: $BV_{PEDIGRÉ}$ = az adott egyed származási alapú tenyésztértéke, BV_{BLUP_d} = az anya (dam) BLUP-alapú tenyésztértéke, BV_{BLUP_s} = az apa (sire) BLUP-alapú tenyésztértéke.)

A BV_{BLUP} esetében a BLUP-modell alkalmazásával két mátrixot hoztunk létre. Az egyik az adatbázis-mátrix, a másik pedig a származási mátrix volt. A rokonokat tartalmazó származási mátrix magában foglalta a teljes és féltestvérek, apák, anyák és nagyszülők származási adatait.

A BLUP-modellek az anyai genetikai hatásokat és az anyai állandó környezeti hatásokat véletlen hatásként tartalmazták. A modellek az alábbi formában kerültek felépítésre:

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

(Ahol: y = a megfigyelések vektora, b = a fix hatások vektora, a = az állatok véletlen genetikai hatásainak vektora, pe = az állandó környezeti hatások véletlen vektora, e = a véletlen reziduális hatások vektora, X , Z és W = az incidensmátrixok, amelyek a rekordokat rendre a fix, az állati és az állandó környezeti véletlen hatásokhoz rendelik hozzá.)

A modellben fix hatásokként szerepeltek az állomány, az év, az évszak, a laktációs sorszám és az életkor. A véletlen hatások között olyan genetikai és környezeti tényezők szerepeltek, amelyek egyedhez kötöttek, de nem tulajdoníthatók a fix hatásoknak.

A $BV_{GENOMIKAI}$ értékeket a következőképpen becsültük: a genomikai tenyésztérték ($BV_{GENOMIKAI}$) SNP-hatásait a BV_{BLUP} és annak megbízhatósága, valamint az egyed genotípusa alapján számítottuk. A deregresszált tenyésztértékeket (de-regressed proof, DRP), amelyek a BV_{BLUP} -ból származtak, *Van Raden és mtsai* (2009) módszere szerint használtuk fel a direkt genomikai tenyésztértékek (DGV) meghatározására.

A deregresszált tenyésztértéket (DRP) a következő képlettel számítottuk:

$$DRP = PA + (EBV - PA) \times \frac{EDC_{parents} + progeny}{EDC_{progeny}}$$

(Ahol: DRP = deregresszált tenyésztérték (de-regressed proof), PA = szülői átlag (parent average), EBV = becsült tenyésztérték (estimated breeding value), $EDC_{parents}$ = a szülőkre vonatkozó effektív adatmennyiség (effective daughter contribution), $EDC_{progeny}$ = az utódokra vonatkozó effektív adatmennyiség.)

A DGV (direct genomic value) a *Meuwissen és Goddard* (2004) által kidolgozott Bayes-féle több-QTL-es modellre épül, amelyben a genom teljes hosszában elhelyezkedő sűrű SNP-markerek hatásait közvetlenül illesztik, haplotípusok vagy származási azonossági valószínűségek (identical-by-descent) használata nélkül.

Noha a módszer több tulajdonság egyidejű elemzésére is alkalmazható, a rutinszerű genomikai értékelések jellemzően egy tulajdonságra vonatkozó elemzések ($m = 1$). Több tulajdonság (m) esetén a modell az alábbi formában írható fel:

$$y_i = \mu + u_i + \sum_{j=1}^{40947} z_{ij} q_j v_j + e_i$$

(Ahol: y_i = az i -edik bika fenotípusainak (deregresszált tenyésztértékeinek) vektora, μ = a fix hatások (tulajdonság-átlagok) vektora, u_i = az i -edik bika véletlen poligénus hatásainak vektora, q_j = az SNP-jelölőhöz (SNP j) tartozó, nem skálázott véletlen hatások vektora, amely az 0, 1 vagy 2 allélértéket veheti fel (ahol 0 az ismeretlen genotípusnak felel meg), v_j = az SNP j -hez tartozó véletlen skálázó vektor, z_{ij} = az i -edik bika és az SNP j kapcsolódását leíró tervezővektor; ennek értékei a genotípus szerint: [0 2 0] homozigóta (AA), [0 1 1] heterozigóta (AB), [0 0 2] homozigóta (BB), [2 0 0] nem genotipizált (00) esetben, e_i = az i -edik bika reziduális (maradék) hatásainak vektora.)

2.3. Korreláció- és regresszióanalízis

A termelési tulajdonságokra vonatkozó adatok normalitásának értékeléséhez a Kolmogorov–Smirnov-próbát alkalmaztuk, míg a varianciák homogenitásának vizsgálatára a Levene-tesztet használtuk. Az említett tulajdonságokra többtényezős varianciaanalízist (ANOVA) végeztünk. A különböző tenyésztértékek (BV-k) között Pearson-féle korrelációs együtthatókat (r_g) számítottunk, továbbá a BV-k és a fenotípusos értékek között is meghatároztuk a korrelációkat (r_{gp}). Emellett a különböző tenyésztértékek közötti Spearman-féle rangkorrelációs együtthatókat (r_s) is kiszámítottuk. A lineáris regressziót a fenotípusos tulajdonságok és a tenyésztértékek közötti kapcsolatok értékelésére alkalmaztuk Turney (2024) módszere alapján. A statisztikai elemzések során Seo és mtsai. (2018) által leírt eljárásokat követtük. A fenotípusos adatok és a becsült tenyésztértékek (EBV-k) a korrelációk számítása előtt z-score standardizáláson estek át.

2.4. Felhasznált szoftverek

Az adatok előkészítése Microsoft Excel 2019 és Microsoft Word 2019 programokkal történt. Az adatbázis statisztikai értékelését a SPSS 27.0 verziójú statisztikai szoftvercsomag segítségével végeztük.

3. Eredmények

A vizsgált populáció tejtermelési mutatói (tej-, tejszír, tejfehérje mennyiség) kedvezőnek bizonyultak, amint azt az 1. táblázat is mutatja. A 190 tehénből álló csoport termelési tulajdonságai viszonylag homogén képet mutattak, amit a 15% alatti variációs együttható (CV%) is alátámaszt.

A 2. táblázat adatai jelentős eltérést mutatnak a különböző tenyésztértékek minimum- és maximumértékei között; ugyanakkor az átlagértékekhez viszonyított standard hibák (SE) viszonylag alacsonyok, 5% alatt maradtak.

Minden esetben a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ értékei magasabbak voltak, mint a másik két tenyésztérték-bebecslési típus (BV_{BLUP} és $BV_{\text{GENOMIKAI}}$) esetében. Ez az eltérés annak tudható be, hogy a tenyésztértékbecslés alapját képező bázis öt évenkénti,

1. táblázat: A vizsgált populáció fenotípusos statisztikai mutatói

Tulajdonság/jellemző (1)	Tej (2) (kg)	Tejzsír (3) (kg)	Tejfehérje (4) (kg)
N	190	190	190
Átlag (5)	10911	397,86	365,33
SD	1454	45,24	39,8
CV%	13,32	11,37	10,90
SE	105,46	3,28	2,89
Minimum	6505	260	196
Maximum	13781	511	451

Table 1.: The basic statistics of the sampled cows

trait (1); 305 day milk yield (2); milk fat yield (3); milk protein yield (4); mean (5)

2. táblázat: A vizsgált tenyésztértékek statisztikai mutatói

Tulajdonság / Tenyésztérték (1)	N	Átlag (2)	SE	Min	Max
Tej (kg) (3)					
- BV _{BLUP}	190	739,16	31,55	-397	1 779
- BV _{GENOMIKAI}	190	718,11	32,31	-357	2 052
- BV _{PEDIGRÉ}	170	1379,57	29,98	-186	2 354
Tejzsír (kg) (4)					
- BV _{BLUP}	190	34,47	1,00	0	65
- BV _{GENOMIKAI}	190	33,44	1,24	-24	75
- BV _{PEDIGRÉ}	170	55,58	0,97	22	87
Tejfehérje (kg) (5)					
- BV _{BLUP}	190	27,01	0,78	-2	56
- BV _{GENOMIKAI}	190	26,05	0,99	-18	66
- BV _{PEDIGRÉ}	170	49,33	0,91	6	78

BV_{BLUP} = hagyományos BLUP egyedmodell (6); BV_{GENOMIKAI} = genomikai információval kiegészített BLUP egyedmodell (7); BV_{PEDIGRÉ} = származási adatokon alapuló BLUP modell (8)

Table 2: Basic statistics of the analyzed breeding values

trait / breeding value (1); mean (2); 305 day milk yield (3); 305 day milk fat yield (4); 305 day milk protein yield (5); BV_{BLUP} = traditional BLUP animal model (6); BV_{GENOMIC} = genomically enhanced BLUP animal model (7); BV_{PEDIGREE} = pedigree BLUP model (8)

lépcsőzetes frissítése miatt különbség alakul ki a szülői és az ivadékgeneráció között.

Az 3. táblázat összefoglalja a tenyésztértékek (BV-k) és a fenotípusos teljesítmények közötti korrelációs együtthatókat, valamint a három különböző módszerrel becsült tenyésztértékek egymás közötti összefüggéseit.

A korrelációs együtthatók értékei minden esetben pozitívak voltak, és többségük statisztikailag szignifikánsnak bizonyult. Amint a táblázat mutatja, a BV_{BLUP} szorosabb kapcsolatot mutatott a fenotípusos teljesítményekkel ($r_{gp} = 0,61-0,70$), mint a BV_{GENOMIKAI} ($r_{gp} = 0,31-0,48$). A leggyengébb összefüggés a genotípus és a fenotípus között a BV_{PEDIGRÉ} esetében volt megfigyelhető ($r_{gp} = 0,15-0,24$).

3. táblázat: Fenotípusos (r_{gp}), genetikai (r_g) és rangkorrelációk (r_{rank}) a tenyésztértékek és a fenotípusos tulajdonságok között

Korrelációk (r) (1)	BV _{BLUP} (2)	BV _{GENOMIKAI} (3)	BV _{PEDIGRÉ} (4)
Tejtermelés (5)	$r_{gp} = 0,70$; $p < 0,01$	$r_{gp} = 0,48$; $p < 0,01$	$r_{gp} = 0,24$; $p < 0,01$
BV _{BLUP}		$r_g = 0,67$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,65$; $p < 0,01$	$r_g = 0,66$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,50$; $p < 0,01$
BV _{GENOMIKAI}			$r_g = 0,53$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,40$; $p < 0,01$
Tejzsír termelés (6)	$r_{gp} = 0,69$; $p < 0,01$	$r_{gp} = 0,32$; $p < 0,01$	$r_{gp} = 0,15$; NS
BV _{BLUP}		$r_g = 0,67$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,65$; $p < 0,01$	$r_g = 0,56$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,57$; $p < 0,01$
BV _{GENOMIKAI}			$r_g = 0,43$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,41$; $p < 0,01$
Tejfehérje termelés (7)	$r_{gp} = 0,61$; $p < 0,01$	$r_{gp} = 0,31$; $p < 0,01$	$r_{gp} = 0,15$; $p < 0,05$
BV _{BLUP}		$r_g = 0,66$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,37$; $p < 0,01$	$r_g = 0,60$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,12$; NS
BV _{GENOMIKAI}			$r_g = 0,56$; $p < 0,01$ $r_{rank} = 0,56$; $p < 0,01$

BV_{BLUP} = hagyományos BLUP egyedmodell (2); BV_{GENOMIKAI} = genomikai információval kiegészített BLUP egyedmodell (3); BV_{PEDIGRÉ} = származási adatokon alapuló BLUP modell (4)

Table 3.: Phenotypic (r_{gp}), genetic (r_g) and rank (r_{rank}) correlations between breeding values and phenotypic traits

correlations (1); BV_{BLUP} = traditional BLUP animal model (2); BV_{GENOMIC} = genomically enhanced BLUP animal model (3); BV_{PEDIGREE} = pedigree BLUP model (4); milk yield (5); milk fat yield (6); milk protein yield (7)

A BV_{GENOMIKAI} és a BV_{BLUP} között közepes–erős genetikai korreláció állt fenn ($r_g = 0,66–0,67$), míg a BV_{BLUP} és a BV_{PEDIGRÉ} között szintén közepes–erős kapcsolat volt tapasztalható ($r_g = 0,56–0,66$). A BV_{GENOMIKAI} és a BV_{PEDIGRÉ} közötti összefüggés valamivel gyengébb, de továbbra is közepes vagy erős mértékű volt ($r_g = 0,43–0,56$).

A BV_{BLUP} és a BV_{Genomic} közötti rangkorrelációs értékek ($r_g = 0,66–0,67$) erős kapcsolatot jeleznek. A BV_{BLUP} és a BV_{PEDIGRÉ}, valamint a BV_{GENOMIKAI} és a BV_{PEDIGRÉ} közötti korrelációs együtthatók ($r_g = 0,12–0,57$) szintén mérsékelt kapcsolatot mutattak, átlagosan $r_g = 0,40–0,56$ értékkel.

A tenyésztértékek és a fenotípusos tulajdonságok közötti regresszióanalízis eredményeit a 4. táblázat foglalja össze. A vizsgálatok túlnyomó részében magas szintű ($p < 0,01$) szignifikáns kapcsolat volt kimutatható, kivéve a BV_{PEDIGRÉ} és a zsírtermelés (FAT) közötti összefüggést. Minden regressziós együttható (b) pozitív volt, a legmagasabb értékeket a BV_{BLUP} esetében kaptuk ($b = 0,17–0,21$), ezt követte a BV_{GENOMIKAI} ($b = 0,10–0,15$), míg a legalacsonyabb értékeket a BV_{PEDIGRÉ} esetében figyeltük meg ($b = 0,04–0,07$).

Az adatok egyértelműen azt mutatták, hogy az egyes fenotípusos tulajdonságok esetében a legnagyobb determinációs együttható ($R^2 = 0,37–0,48$) a BV_{BLUP}-nál volt, míg a BV_{GENOMIKAI} alacsonyabb ($R^2 = 0,09–0,23$), a BV_{PEDIGRÉ} pedig a legalacsonyabb ($R^2 = 0,02–0,06$) meghatározottságot mutatta. A termelési tu-

4. táblázat: A regresszióanalízis eredményei

Tenyésztérték (Y) (1)	Tul. (X) (2)	Merekség (3)			Tengelymetszet (4)			Illeszkedés (5)	
		b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
BV _{BLUP}	MLK	0,21	0,02	<0,01	-1,529,56	172,66	<0,01	0,48	<0,01
BV _{GENOMIKAI}	MLK	0,15	0,02	<0,01	-879,32	216,02	<0,01	0,23	<0,01
BV _{PEDIGRÉ}	MLK	0,07	0,02	<0,01	665,15	229,32	<0,01	0,06	<0,01
BV _{BLUP}	FAT	0,21	0,02	<0,01	-48,80	6,51	<0,01	0,47	<0,01
BV _{GENOMIKAI}	FAT	0,12	0,03	<0,01	-14,20	10,47	<0,01	0,10	<0,01
BV _{PEDIGRÉ}	FAT	0,04	0,02	NS	38,83	8,66	<0,01	0,02	NS
BV _{BLUP}	PRO	0,17	0,02	<0,01	-33,12	5,75	<0,01	0,37	<0,01
BV _{GENOMIKAI}	PRO	0,10	0,02	<0,01	-12,12	8,73	<0,01	0,09	<0,01
BV _{PEDIGRÉ}	PRO	0,05	0,02	<0,05	32,06	8,77	<0,01	0,02	<0,05

BV_{BLUP} = hagyományos BLUP egyedmodell (6); BV_{GENOMIKAI} = genomikai információval kiegészített BLUP egyedmodell (7); BV_{PEDIGRÉ} = származási adatokon alapuló BLUP modell (8); MLK = 305 napos tejtermelés (9); tejsír termelés (10); tejfehérje termelés (11)

Table 4. Regression analysis results.

breeding value (1); trait (2); slope (3); intercept (4); fitting (5); BV_{BLUP} = traditional BLUP animal model (6); BV_{GENOMIC} = genomically enhanced BLUP animal model (7); BV_{PEDIGREE} = pedigree BLUP model (8); MLK = 305-day milk production (9); FAT = 305-day fat production (10); PRO = 305-day protein production (11)

lajdonságok közül a tejtermelés és a zsírttermelés erősebb kapcsolatban állt a tenyésztértékekkel, mint a fehérjetermelés (. A merekségi értékek ($b = 0,17\text{--}0,21$) minden esetben pozitívak voltak: legmagasabb a BV_{BLUP}, alacsonyabb a BV_{GENOMIKAI}, és legalacsonyabb a BV_{PEDIGRÉ} esetében.

Mind a korrelációs, mind a regressziós eredmények alapján a legmegbízhatóbb módszernek a BV_{BLUP} bizonyult, ezt követte a BV_{GENOMIKAI}, míg az azonos környezeti feltételek között a BV_{PEDIGRÉ} módszer mutatta a legkisebb megbízhatóságot.

4. Megbeszélés

A tenyésztértébecslés számos kihívást rejt magában, mint például a genetikai hatások pontos megjelenítése, a környezeti hatások minimalizálása, valamint az egyes tulajdonságok öröklődhetőségének növelése a becslés pontosságának javítása érdekében. A becslések megbízhatóságának növelésére két alapvető stratégia alkalmazható: egyrészt a rokon egyedek számának növelése, akiknek adatai hozzájárulnak az értékeléshez, másrészt a környezeti hatások lehető legnagyobb mértékű csökkentése.

A nagy léptékű genetikai értékelések, amelyek a BLUP-technikákra épülnek, lehetővé teszik az adatok kezelését több állományból, akár országos vagy nemzetközi szinten is. A genomikai információval kiegészített becslési módszerek pedig pontosabb genotípus-meghatározást tesznek lehetővé, és egyúttal lehetőséget adnak a tenyésztértékek korábbi életkorban történő becslésére. *Scheffers és mtsai* (2012) kiemelték, hogy a genomikai szelekció a tejhasznú szarvasmarhákban jelentősen gyorsítja a genetikai előrehaladást azáltal, hogy javítja a fiatal állatok

genetikai előrejelzéseinek pontosságát, rövidíti a generációs intervallumot, és növeli a szelekciós intenzitást. E fejlesztések eredményeként a gazdaságilag fontos tulajdonságokban elérhető genetikai előrehaladás gyakorlatilag megkétszereződött. A tenyésztők ma már rutinszerűen alkalmazzák a genomikai információkkal kiegészített tenyészértékeket (GEBV) a továbbtenyésztésre szánt állatok kiválasztásához, míg a mesterséges termékenyítő vállalkozások (állomások) a genomikai vizsgálatok segítségével azonosítják az elit bikákat és teheneket. Ez a megközelítés a modern tejhasznú szarvasmarha-tenyésztés szerves részévé vált, és várhatóan a jövőben is meghatározó szerepet tölt majd be az ágazat fejlődésében. Štrbac és mtsai (2023) hat egyváltozós és két többváltozós BLUP-modellt értékelték a holstein-fajta tenyészértékbecslésére, a numerikus rokonsági mátrix (NRM) és a genomikai rokonsági mátrix (GRM) különböző kombinációit vizsgálva. Eredményeik szerint az NRM és GRM kombinációja az egyváltozós elemzésben nagyobb pontosságot eredményezett, mint az NRM önmagában, míg a többváltozós, ismételt méréseket tartalmazó modellek minden egyed esetében a legpontosabb becslést biztosították. A genotipizált állatok esetében az ssGBLUPP-módszer adta a legpontosabb tenyészérték-becsléseket. A szerzők javaslata szerint célszerű a többváltozós, ismételt méréses megközelítésekre áttérni, amíg stabil referencia-populáció nem áll rendelkezésre.

Modellvizsgálatunkban, amelyben különböző tenyészértékbecslési módszereket hasonlítottunk össze, törekedtünk arra, hogy a környezeti hatások tejtermelési teljesítményre gyakorolt befolyását minimálisra csökkentsük. Eredményeink több esetben összhangban voltak az irodalomban közölt adatokkal, néhány esetben azonban enyhe eltéréseket tapasztaltunk. A vizsgálat során következetesen pozitív korrelációkat figyeltünk meg mind a különböző tenyészértékek között, mind pedig a fenotípusos teljesítmények és a tenyészértékek között. Ez az eredmény részben megegyezik, részben eltér *Echeverri és mtsai* (2014) megállapításaitól, akik szerint a különböző módszerekkel számított tenyészértékek közötti Spearman-féle korrelációs együtthatók meghaladták a 0,5-öt, míg a lineáris regressziós együtthatók -2,10 és 1,58 között változtak. A genotípus és a fenotípus közötti korrelációs együtthatók, amelyeket a BV_{BLUP} jelzett, magas fokú genetikai meghatározottságot mutattak ($r_{gp} = 0,61-0,71$), amit a magas determinációs együttható értékek ($R^2 = 0,37-0,48$) is megerősítenek. A $BV_{GENOMIKAI}$ közepes-magas genetikai meghatározottságot mutatott ($r_{gp} = 0,31-0,62$, $R^2 = 0,09-0,38$), bár valamivel alacsonyabbat, mint a BV_{BLUP} esetében. A $BV_{PEDIGRÉ}$ mutatta a legalacsonyabb korrelációs ($r_{gp} = 0,15-0,29$) és determinációs együtthatókat ($R^2 = 0,02-0,08$), ami arra utal, hogy e modell gyengébb előrejelző képességgel bír a fenotípusos tulajdonságok tekintetében a másik két módszerhez képest.

A korrelációs és determinációs együtthatókat a pontosság és megbízhatóság mutatóiként értelmezve megállapítható, hogy vizsgálatunk eredményei szerint a BV_{BLUP} bizonyult a legpontosabb és legmegbízhatóbb módszernek, ezt követte a $BV_{GENOMIKAI}$, míg a $BV_{PEDIGRÉ}$ mutatta a legalacsonyabb megbízhatóságot. Eredményeink összhangban állnak *Echeverri és mtsai*, valamint *Abaci és mtsai* (2016) megállapításaival, akik szerint a BLUP, MBLUP és Bayes C módszerekkel becsült tenyészértékek között különbségek mutatkoztak a becsült értékek nagyságrendjében. Hasonlóképpen, eredményeink részben egybevágnak *Herrera és mtsai* (2021) adataival is, akik kimutatták, hogy a genomikai módszerek – a genomikai

BLUP (GBLUP) és az egylépéses genomikus BLUP (ssGBLUP) – pontosabb becsléseket adnak, mint a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$, átlagos pontosságuk pedig 0,24 és 0,29, szemben a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ 0,21 és 0,22 értékeivel. Ugyanakkor eredményeink eltérnek Koivula és mtsai (2012), Lee és mtsai (2020), valamint Cesarani és mtsai (2021) megfigyeléseitől, akik a $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ módszer megbízhatóságának növekedését tapasztalták a BV_{BLUP} -hoz képest.

Eredményeink továbbá kismértékben eltérnek Zhang és mtsai (2020) megállapításaitól, akik a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$, a GBLUP és az ssGBLUP módszereket hasonlították össze, és azt tapasztalták, hogy a becsült tenyésztérbecslések megbízhatósága 0,9%-ról 3,6%-ra javítható, míg a genotipizált populáció esetében a $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ megbízhatósága elérheti a 83%-ot. A saját eredményeink és az irodalomban közöltek közötti eltérés valószínűleg a vizsgálatunkban szereplő állomány sajátos körülményeiből adódik, ahol az állatok minimális környezeti hatásoknak voltak kitéve. Ez a csökkent környezeti variabilitás mérsékelhette a $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ módszerek előnyét a BV_{BLUP} -hoz képest. Az a megfigyelés, miszerint a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ értékei következetesen magasabbak a másik két tenyésztérbecslés-típushoz (BV_{BLUP} és $BV_{\text{GENOMIKAI}}$) képest, miközben a BV_{BLUP} mutatja a legszorosabb korrelációt, az alábbi tényezőkkel magyarázható:

A $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ leegyszerűsített számítása: A $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ kizárólag a szülői tenyésztérbecslések átlagán alapul, anélkül hogy figyelembe venné a további genetikai vagy környezeti tényezőket. Ez a módszer nem használja fel az egyedre jellemző fenotípusos vagy genotípusos adatokat, ami felfelé torzított becslést eredményezhet, különösen abban az esetben, ha a szülők tenyésztérbecslései maguk is túlbecsültek.

A fenotípusos adatok bevonása a BV_{BLUP} modellbe: A BV_{BLUP} beépíti a fenotípusos teljesítményadatokat, miközben korrigálja a környezeti hatásokat, ezáltal egyedre szabottabb genetikai értékbecslést biztosít. E tényezők integrálása növeli a becslés pontosságát és megbízhatóságát, ami magyarázhatja, hogy miért mutat a BV_{BLUP} szorosabb korrelációt a tényleges termelési eredményekkel.

A genomikai információ hatása a $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ esetében: A $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ a SNP-adatok felhasználásával javítja a becslés pontosságát, ugyanakkor annak megbízhatósága erősen függ a referenciapopuláció méretétől és szerkezetétől. Ha a referenciaállomány kicsi vagy nem reprezentatív, a genomikai előrejelzés pontossága csökkenhet, ami gyengébb korrelációhoz vezethet a BV_{BLUP} -hoz képest.

A $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ becslések nagyobb változékonysága: Mivel a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ nem tartalmaz egyedre vonatkozó korrekciókat, a becsült értékek nagyobb szórást és nagyobb ingadozást mutathatnak, mint a BV_{BLUP} vagy a $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ esetében. Ez a módszertani egyszerűsítés magyarázhatja, hogy a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ értékei rendszerint magasabbak, ugyanakkor gyengébb összefüggést mutatnak a tényleges fenotípusos teljesítménnyel.

Egységes környezeti feltételek között, amint azt a vizsgálat is jelezte, a BV_{BLUP} módszer valószínűleg pontosabban ragadja meg a genetikai hatások hozzájárulását az egyes tulajdonságokhoz, mivel fenotípusos adatokra támaszkodik, ezáltal szorosabb korrelációkat eredményez a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ és a $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ módszerekhez képest. Reményeink szerint a tenyésztérbecslések eredményeinek integrálása a nemesítési stratégiákba hozzájárulhat a gazdaságok hatékonyságának és

jövedelmezőségének növeléséhez, egyben bemutatva a jelen tanulmányban validált genetikai értékelési eljárások gyakorlati hasznosságát és jelentőségét.

5. Következtetések

A vizsgálat jelentős különbségeket tárt fel a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$, BV_{BLUP} és $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ módszerekkel becsült tenyésztékek pontosságában és megbízhatóságában, azonos környezeti feltételek mellett, Magyarországon végzett elemzés alapján. A legmagasabb megbízhatóságot a BV_{BLUP} mutatta, ezt követte a $BV_{\text{GENOMIKAI}}$, míg a $BV_{\text{PEDIGRÉ}}$ bizonyult a legkevésbé megbízhatónak. Eredményeink nem csökkentik a $BV_{\text{GENOMIKAI}}$ módszer jelentőségét és gyakorlati értékét, hiszen az időmegtakarítást és a korai előrejelzési lehetőséget biztosít olyan tulajdonságokra, mint a menedzsmentképesség, élettartam és élettéljesítmény. A genomikai tenyésztékek segítségével a gazdálkodók optimalizálhatják az állomány méretét, és csökkenthetik a fenntartási költségeket. Ugyanakkor a BV_{BLUP} módszer kiegészítő ellenőrzési eszközként is szolgálhat, amely biztosíthatja a genetikai értékelések stabilitását és robusztusságát, amennyiben annak alkalmazása lehetséges. A kutatás eredményei rávilágítanak arra, hogy a tenyésztési stratégiákat a környezeti és populációs sajátosságokhoz célszerű igazítani, ezáltal növelve a tenyésztékbecslési módszerek pontosságát és gyakorlati alkalmazhatóságát a tejelő tehének szelekciójában. Mindezek mellett a jövőben érdemes lenne a számításokat nagyobb adatbázison, ismételten, különböző matematikai megközelítések (például transzformált adatok) alkalmazásával elvégezni, mivel egy nagyobb mintán végzett elemzés lehetőséget adna további következtetések levonására és a módszerek finomítására.

6. Felhasznált irodalom

- Abaci, S. H. – Önder, H. – Spurlock, D. M. (2016): Determining the relationships between genomic and phenotypic breeding values. *Animal Science, Specific Papers, Series D. LIX*, Online 2285. <https://animalsciencejournal.usamv.ro/index.php/scientific-papers/past-issues?id=347>
- Abdallah, J. M. – McDaniel, B. T. (2000): Genetic parameters and trends of milk, fat, days open, and body weight after calving in North Carolina experimental herds. *J. Dairy Sci.*, 83. 1364–1370. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(00\)75004-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(00)75004-1)
- Abdel-Shafy, H. – Awad, M. A. A. – El-Regalaty, H. – Ismael, A. – El-Din El-Assal, S. – Abou-Bakr, S. (2020): A single-step genomic evaluation for milk production in Egyptian buffalo. *Liv. Sci.*, 234. 103977. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.103977>
- Bourdon, R. M. (2000): *Understanding animal breeding*. Prentice-Hall International, Upper Saddle River, NJ, USA.
- Calus, M. P. L. – Meuwissen, T. H. E. – de Roos, A. P. W. – Veerkamp, R. F. (2008): Accuracy of genomic selection using different methods to define haplotypes. *Genetics*, 178. 553–561. <https://doi.org/10.1534/genetics.107.080838>
- Cesarani, A. – Garcia, J. – Hidalgo, L. – Degano, D. – Vicario, N. P. – Macciotta, P. – Lourenco, D. (2021): Genomic information allows for more accurate breeding values for milkability in dual-purpose Italian Simmental cattle. *J. Dairy Sci.*, 104. 5719–5727. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19838>
- Dematawewa C. M. B. – Berger P. J. (1998): Genetic and phenotypic parameters for 305-day yield, fertility and survival in Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 81. 2700–2709. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(98\)75827-8](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)75827-8)

- Erfani-Asl, Z. – Hashemiand, A. – Farhadia, M. (2015): Estimates of repeatability and heritability of productive trait in Holstein dairy cattle. *Iranian J. Appl. Anim. Sci.*, 5. 827-832.
- Echeverri, J. – Zambran, J. C. – Herrera, A. L. (2014): Genomic evaluation of Holstein cattle in Antioquia (Colombia): *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 27. 306-314.
- Hayes, B. J. – Bowman, P. J. – Chamberlain, A. C. – Verbyla, K. – Goddard, M. E. (2009): Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. *Genet. Sel. Evol.*, 41. 51. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-51>
- Herrera, J. R. V. – Flores, E. B. – Duijvesteijn, N. – Moghaddar, N. – van der Werf, J. H. (2021): Accuracy of genomic prediction for milk production traits in Philippine dairy buffaloes: *Liv. Gen.*, 12. 682576. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.682576>
- Koivula, M. – Strandén, I. – Su, G. – Mäntysaari, E. A. (2012): Different methods to calculate genomic predictions–Comparisons of BLUP at the single nucleotide polymorphism level (SNP-BLUP), BLUP at the individual level (G-BLUP), and the one-step approach (H-BLUP). *J. Dairy Sci.*, 95. 4065–4073. <http://dx.doi.org/10.3168/jds.2011-4874>
- Lee, Y. M. – Dang, C. G. – Alam, M. Z. – Kim, Y. S. – Cho, K. H. – Park, K. D. – Kim J. J. (2020): The effectiveness of genomic selection for milk production traits of Holstein dairy cattle. *Asian-Austral. J. Anim. Sci.*, 33. 382–389. <https://doi.org/10.5713/ajas.19.0546>
- Massender, E. – Brito, L. F. – Maignel, L. – Oliveira, H. R. – Jafarikia, M. – Baes, C. F. – Sullivan, B. – F. S. (2022): Single-step genomic evaluation of milk production traits in Canadian Alpine and Saanen dairy goats. *J. Dairy Sci.*, 105. 2393–2407. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20558>
- Meuwissen, T. H. E. – Goddard, M. E. (2004): Mapping multiple QTL using linkage disequilibrium and linkage analysis information and multitrait data. *Genet. Sel. Evol.* 36. 261–279. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-36-3-261>
- Roman, R. M. – Wilcox, C. J. – Martin, F. G. (2000): Estimates of repeatability and heritability of productive and reproductive traits in a herd of Jersey cattle. *J. Genet. Mol. Biol.*, 23. 113–119. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572000000100021>
- Scheffers, J. M. – Weigel, K. A. (2012): Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. *Anim. Front.*, 2. 4–9. <https://doi.org/10.2527/af.2011-0032>
- Seo, S. – Jeon, S. – Ha, J. K. (2018): Guidelines for experimental design and statistical analyses in animal studies submitted for publication in the Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. *Asian-Austral. J. Anim. Sci.*, 31. 1381–1386. <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0468>
- Stoop, W. M. – Eding, H. – Schrooten, C. (2017): Method of genomic breeding value estimation, specified for Hungarian data. Proposal for the National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders, Working document.
- Štrbac, L. – Pracner, D. – Šaran, M. – Jankovic, D. – Trivunovic, S. – Ivkovic, M. – Tarjan, L. – Dedovic, N. (2023): Mathematical modelling and software tools for breeding value estimation based on phenotypic, pedigree and genomic information of Holstein Friesian cattle in Serbia. *Animals*, 13. 597. <https://doi.org/10.3390/ani13040597>
- Teimurian, M. – Aslmeninejad, A. A. – Tahmuraspor, M. (2011): Estimation of genetic parameters for production traits of Holstein cattle. *Iranian J. Anim. Sci.*, 3. 179–184.
- Turney, S. (2023). Coefficient of Determination (R^2) - Calculation & Interpretation. Scribbr. <https://www.scribbr.com/statistics/coefficient-of-determination/>
- Van Raden, P. M. – VanTassell, C. P. – Wiggans, G. R. – Sonstegard, T. S. – Schnabel R. D. Taylor J. F. – Schenkel, F. S. (2009): Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *J. Dairy Sci.*, 92. 16–24. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1514>
- Wang, C. – Ding, X. – Liu, J. – Yin, Z. – Zhang, Q. (2014): Bayesian methods for genomic breeding value estimation. *Yi Chuan*, 36. 111–118. <https://doi.org/10.3724/sp.j.1005.2014.00111>
- Wiggans, G. R. – Cole, J. B. – Hubbard, S. M. – Sonstegard, T. S. (2017): Genomic selection in dairy cattle: The USDA Experience. *Annu. Rev. Anim. Biosci.*, 5. 309–327. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-021815-111422>

Zhang, J. – Wang, J. – Li, Q. – Wang, Q. – Wen, J. – Zhao, G. (2020): Comparison of the efficiency of BLUP and GBLUP in genomic prediction of immune traits in chickens. *Animals*, 10. 419. <https://doi.org/10.3390/ani10030419>

Érkezett: 2025. október

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

Authors' address: Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete,
National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders
H-1134 Budapest, Lőportár u. 16., Magyarország
*levelező szerző, e-mail: bognar@holstein.hu

Szabó, F.
Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi
Kar, Állattudományi Tanszék
Department of Animal Sciences, Albert Kázmér Faculty of Agriculture and Food
Sciences, Széchenyi István University
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

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.

A folyadékfázisú fermentáció (LSF) hatása a búzadara–korpa–szójadara abrakkeverék bendőbeli lebonthatóságára szarvasmarhában (*in sacco* vizsgálat)
Effect of liquid-state fermentation on the ruminal degradability of a wheat meal–wheatbran–soybean meal concentrate in cattle: an *in sacco* study

BANA Bernadett – NAGY Tamara Erika – TAKÁCS Georgina – ALPÁR Botond –
TÓTH Tamás – ZSÉDELY Eszter

ÖSSZEFOGLALÁS

A vizsgálat célja a fermentált (F) és nem fermentált (C) búzadara-, korpa- és szójadara-keverékek bendőbeli lebonthatóságának értékelése volt, különös tekintettel a szárazanyag-, valamint a nyersfehérje-, nyersrost- és neutrális detergens rost (NDF-)tartalomra. A kísérletet két bendőkanüllel ellátott holstein-fríz tehénnel végezték, és az *in sacco* lebonthatósági vizsgálatokat mindkét takarmánykeverékkel kétszer ismételték meg 2, 4, 8, 16, 24 és 48 órás inkubációs időkkal. Az eredmények azt mutatták, hogy a szárazanyag tényleges bendőbeli lebonthatósága 8%/óra kiáramlási sebesség mellett szignifikánsan ($p < 0,05$) nagyobb volt a fermentált keverék esetében (F: 25,68% vs. C: 22,90%). A gyorsan lebomló frakció a szárazanyagban (F: 13,94% vs. C: 7,66%) és a nyersfehérjében (F: 19,48% vs. C: 7,90%) szintén szignifikánsan ($p < 0,05$) nagyobb volt a fermentált takarmányban. Az NDF esetében a 48 órás inkubációt követően a fermentált keverék bendőbeli lebonthatósága nagyobb volt (F: 41,99% vs. C: 36,48%). Összességében az adatok azt jelzik, hogy a fermentálás javítja a szárazanyag, a nyersfehérje és az NDF bendőbeli lebonthatóságát a nem fermentált búzadara–korpa–szójadara keverékhez viszonyítva.

Kulcsszavak: fermentált takarmány, abrakkeverék, bendőbeli lebonthatóság, *in sacco* módszer, kérődző takarmányozás

SUMMARY

Objective: To evaluate the effect of fermentation on the rumen degradability of a concentrate mixture composed of wheat meal, wheatbran and soybean meal in cattle, with a focus on dry matter (DM), crude protein (CP), crude fibre (CF), and neutral detergent fibre (NDF) degradation kinetics.

Methods: Two rumen-cannulated Holstein–Friesian cows were used in an *in sacco* (nylon bag) experiment. Fermented (F) and unfermented (C) concentrate mixtures were incubated in the rumen for 2, 4, 8, 16, 24, and 48 hours. Rumen degradability of DM, CP, CF and NDF were estimated using the Ørskov–McDonald (1979) model, and effective degradability (ED) values were calculated at rumen outflow rates of 1%, 5%, and 8% per hour.

Results: Fermentation significantly increased the rapidly degradable fraction (a) of DM (13.94% vs. 7.66%) and CP (19.48% vs. 7.90%), while the slowly degradable fraction (b) and its degradation rate (c) remained comparable between treatments. The ED values at 5% and 8%/h passage rates were significantly higher ($p < 0.05$) for the fermented feed: 25.68% vs. 22.90% (DM), 30.84% vs. 23.82% (CP), and 25.22% vs. 14.78% (NDF).

Conclusion: Liquid-state fermentation enhanced ruminal degradability and nutrient utilization efficiency of the wheat–soybean–bran mixture. The improved degradation of both soluble and structural fractions indicates better rumen fermentation and energy–protein synchronization, supporting the development of sustainable and resource-efficient feeding strategies in dairy production.

Keywords: fermented feed, concentrate mixture, rumen degradability, *in sacco* method, ruminant nutrition.

1. Bevezetés

A takarmányellátás fenntarthatósága napjaink egyik legnagyobb kihívása. A növekvő népesség, a csökkenő mezőgazdasági területek és a klímaváltozás következtében a takarmány-alapanyagok iránti igény nő, miközben a rendelkezésre álló erőforrások korlátozottak (Makkar, 2016). A takarmányozás költségei így egyre nagyobb terhet rónak az állattenyésztésre, különösen a kisebb gazdaságokra, és komolyan befolyásolják az állattartás jövedelmezőségét (FAO, 2013). A fenntartható megoldások keresése az utóbbi években az alternatív, alacsony költségű és helyben elérhető takarmányforrások irányába terelődött. Az élelmiszeripari és mezőgazdasági melléktermékek, amelyek emberi fogyasztásra nem alkalmasak, ugyanakkor értékes táplálóanyagokat tartalmaznak és egyben ígéretes alapanyagokat jelentenek (Makkar és mtsai, 2014). Ezek hasznosítása csökkenti a takarmánynövényekért folytatott versenyt, a környezeti terhelést, valamint elősegíti az erőforrások körforgásos felhasználását (Salami és mtsai, 2019).

A modern feldolgozóipar melléktermékei – mint a fermentációs maradékok, a gabona- és olajmag-feldolgozás, illetve a gyümölcs- és zöldségipar hulladékai – új lehetőséget kínálnak a gazdasági haszonállatok takarmányozásában (Martins és mtsai, 2020). Ezen melléktermékek felhasználása a gazdasági haszonállatok takarmányozásában nemcsak a hulladék mennyiségét csökkenti, hanem érték-növelt, fenntartható takarmányok előállítását is lehetővé teszi (Gebremedhin és mtsai, 2022). Éppen ezért a fermentált takarmányok kutatása napjainkban egyre nagyobb figyelmet kap (Sirohi és mtsai, 2001).

A fermentált takarmányok előállításában két fő technológia terjedt el: a szilárdfázisú (SSF) és a folyadékfázisú fermentáció (LSF/SmF). A két módszer elsősorban a szubsztrát halmazállapotában és a folyamat szabályozhatóságában különbözik. Az SSF során a mikroorganizmusok alacsony nedvességtartalmú, szilárd hordozón fejlődnek, ami kedvez a mezőgazdasági melléktermékek – például korpa, szójadara – hasznosításának (Couto és Sanromán, 2006). Előnye a kis víz- és energia-igény, valamint a magas termékkoncentráció, hátránya viszont a hőmérséklet- és nedvességszabályozás nehézsége (Subramaniam és Vimala, 2012). A SmF ezzel szemben folyékony közegben zajlik, ahol a mikroorganizmusok lebegve vagy részecskékhez tapadva nőnek. Fő előnye a könnyen szabályozható környezet és az ipari méretekben való megvalósíthatóság, hátránya azonban a jelentős víz- és energiafelhasználás (Couto és Sanromán, 2006; Subramaniam és Vimala, 2012).

Az abrakkomponensek fermentációja az utóbbi években kiemelt kutatási területté vált, mivel számos takarmányalapanyag tápláléértékét és biológiai hasznosulását javíthatja. A fermentált szójadara esetében a fehérjék részleges hidrolízise következtében a takarmány peptidekben és szabad aminosavakban gazdagabbá válik, miközben csökken az antinutritív anyagok mennyisége (Hong és mtsai, 2004; Liu és mtsai, 2007; Rezazadeh és mtsai, 2019). Ennek eredményeként a fermentált szójadara a hagyományos változatnál értékesebb fehérjeforrásnak tekinthető, mivel elősegíti a bendőmikrobák aktivitását és a táplálóanyagok hasznosulását (Boguhn és mtsai, 2008). Hasonló előnyök figyelhetők meg más fehérjehordozók esetében is. A kukoricaglutén-liszt fermentációja a nagyméretű fehérjemolekulákat kisebb peptidekké alakítja, ezáltal növelve a tápláléértéket és a vízdoldhatóságot (Neumann és mtsai, 2010; Zhuang és mtsai, 2013). Az Európában széles körben

használt repcedara szintén ígéretes alapanyag, mivel nagy fehérjetartalma mellett antinutritív komponenseket – többek között glükoszínolátokat és fitinsavat – tartalmazhat, amelyek fermentációval jelentősen csökkenthetők, így az emészthetőség és a biztonságos felhasználhatóság is javul (Bayat és mtsai, 2021; Goiri és mtsai, 2021; Song és mtsai, 2022; Gao és mtsai, 2023). A fermentált abrakkeverékek, például a búza–korpa

alapú kombinációk, különösen kedvező hatásúak lehetnek a kérődzők abrakkomponenseinek előkészítésében, mivel egyszerre biztosítanak gyorsan fermentálható szénhidrátokat és jól hasznosuló fehérjeforrásokat (Wongnen és mtsai, 2009; Kim és mtsai, 2012).

Vizsgálatunk célja annak megállapítása volt, hogy a búza–korpa–szójadara keverék folyékony fázisú (LSF)-fermentálása hogyan befolyásolja a táplálóanyagok bendőbeli lebonthatóságát holstein–fríz szarvasmarhák esetében.

2. Anyag és módszer

2.1. Bendőbeli lebomlás (in sacco) vizsgálatok

2.1.1. Kísérleti állatok

A kísérletet két, holstein–fríz fajtájú szarvasmarhával végeztük. Az állatok bendőjének dorzális zsákjába – a vizsgálatokat megelőzően – Bar Diamond típusú szilikonkanül került. A műtétek elvégzését előzetesen engedélyeztették (engedély szám: 691-01/00965-2/2018 – szarvasmarha).

A bendőbeli lebomlási (*in sacco*) vizsgálatban az 1. táblázatban bemutatott összetételű és táplálóanyag-tartalmú kontroll és fermentált takarmány bendőbeli lebonthatóságának vizsgálatára került sor. Az *in sacco* vizsgálatot mindkét takarmánnyal két ismétlésben végeztük el.

A kísérleti kezeléshez készített fermentum szárazanyagtartalma 26% volt. Ezen belül 14,3% volt a búzadara aránya, 10,4% a szójadaráé és 1,3% a korpáé. A folyékony közegű modellfermentálást (az ún. LSF technológia alapján) az Agrofeed Kft. szalkszentmártoni fermentáló üzemében végezték el. Oltókultúráként az ADDCON EUROPE GmbH (Bitterfeld-Wolfen, Németország) által gyártott, és a Dr. FERM Kft. (Budapest, Magyarország) által forgalmazott, „RS-L Health” nevű, kereskedelmi forgalomban lévő premixet választottuk. Az oltóanyag összetétele: *Lactobacillus plantarum* (DSM 3676) 5×10^7 CFU/g, *Lactobacillus plantarum* (DSM 3677) 5×10^7 CFU/g, *Enterococcus faecium* (DSM 22502) 1×10^8 CFU/g.

A kísérlet során etetett takarmányadag összetételét és táplálóanyag-tartalmát a 2. táblázat tartalmazza.

2.1.2. A módszer elve

A bendőbeli lebonthatóság meghatározására széles körben elfogadott és alkalmazott módszer a Mehrez és Orskov (1977) által javasolt *in situ* (helyben) vagy más néven *in sacco* (zsákban) technika, melyre európai szinten is született egységesített metodikai irányelv. A hazai takarmányok lebonthatóságának becslését is jórészt e módszer segítségével állapították meg az elmúlt évtizedekben. Az eljárás alapja, hogy a takarmányt különböző ideig porózus zacskókban inkubálják a bendőkanüllel ellátott állatok bendőjében és azt vizsgálják, hogy az eltelt idő

1. táblázat: A vizsgált takarmányok összetétele és táplálóanyag-tartalma

Összetétel (%) (3)	Kontroll (1)	Fermentált (2)
Búzadara (4)	25,8	-
Korpa (5)	2,7	-
Szójadara (6)	18,7	-
Csutkaliszt (7)	52,8	25
Fermentum (fermentált búza- korpa-szójadara) (8)	-	75
Összesen (9)	100	100
A takarmányadag táplálóanyag tartalma (számított adatok) (10)		
Száranyag (g/kg takarmány) (11)	874,2	393,4
Nyersfehérje (g/kg sz.a.) (12)	290,1	144,6
Nyerssír (g/kg sz.a.) (13)	28,7	13,5
Nyersrost (g/kg sz.a.) (14)	49,8	222,6
Nyershamu (g/kg sz.a.) (15)	39,9	49,3
NDF (g/kg sz.a.) (16)	563,4	582,0
ADF (g/kg sz.a.) (17)	282,1	292,4
N.m.k.a. (g/kg sz.a.) (18)	591,5	570,0
Ca (g/kg sz.a.) (19)	0,6	3,8
P (g/kg sz.a.) (20)	3,9	11,7

Table 1: Composition and nutrient content of the tested feeds

Control (1); Fermented (2); Composition (3); Wheat meal (4); Wheatbran (5); Soybean meal (6); Corncob meal (7); Fermentum (fermented wheat–soybean meal–bran) (8); Total (9); Nutrient content of the diet (g/kg feed) (10); Dry matter (11); Crude protein (12); Ether extract (13); Crude fibre (14); Crude ash (15); NDF, neutral detergent fiber (16); ADF, acid detergent fiber (17); Nitrogen free extract (18); Calcium (19); Phosphorus (20)

függvényében mennyi a még lebontatlan fehérje mennyisége a zacskókban. Az eredményeket az *Orskov-McDonald modell* alapján értékelik. A módszer alkalmas a potenciálisan lebontható táplálóanyag mennyiségének mérésére, a lebontás sebességének meghatározására és ezek alapján a bendőből való kiáramlási sebesség figyelembevételével kiszámítható az adott táplálóanyag aktuális lebontása (ED) a bendőben. A lebontási értékeket hazánkban 8%/óra bendőből való kiáramlási sebességre adják meg.

2.1.3. Az *in sacco* eljárás kivitelezése

A vizsgálat során használt zacskó (bag) anyaga poliészter volt, porozitása 30-50 μ . A bendőbe helyezett mintákon kívül egy úgynevezett 0 órás mintát is alkalmaztunk, amelyben a takarmányt bendőbeli inkubáció nélkül, kizárólag csapvízzel öblítettük át. Ez azért fontos, mert megmutatja a vízben való kioldódást, ami nem a mikrobiális bontás következtében megy végbe. A vizsgálatokat két ismétlésben végeztük; zsákonként 5 g takarmányt mértünk be.

A takarmány szárazanyag-, nyersfehérje-, nyersrost- és neutrális detergens rost- (NDF) tartalmának lebonthatóságát 2, 4, 8, 16, 24 és 48 órás inkubációs idők alkalmazásával határoztuk meg. Az inkubációs idő letelte után a zsákokat folyó csapvíz alatt alaposan leöblítettük, hogy eltávolítsuk a zacskóra tapadt bendőtár-

2. táblázat: Az in sacco kísérlet során etetett takarmányadag összetétele és táplálóanyag-tartalma

Összetétel (1)	
Réti széna (kg) (2)	8
Abrakkeverék (kg) (3)	3
melyből	
Kukorica (4)	93,5%
Extrahált napraforgó (5)	4,0%
Takarmánymész (6)	1,5%
Só (7)	0,5%
Növendékmárha vitamin és mikroelem premix (8)	0,5%
A takarmányadag táplálóanyag-, illetve energiatartalma (számított értékek) (9)	
Szárazanyag (%) (10)	89
NEm (MJ/kg sz.a.) (11)	47,9
NEg (MJ/kg sz.a.) (12)	26,3
NEI (MJ/kg sz.a.) (13)	53,5
MFE (g/kg sz.a.) (14)	720,9
MFN (g/kg sz.a.) (15)	487,8
Ca (g/kg sz.a.)	23,9
P (g/kg sz.a.)	20,9

Table 2: Composition and nutrient content of the diet used during the in sacco experiment

Composition (1); Meadow hay (kg) (2); Concentrate mixture (kg) (3); Corn (4); Extracted sunflower meal (5); Feed limestone (6); Salt (7); Growing cattle vitamin and microelement premix (8); Nutrient and energy content of the diet (calculated values) (9); Dry matter (%) (10); NEm (MJ/kg DM) (11); NEg (MJ/kg DM) (12); NEI (MJ/kg DM) (13); MFE (g/kg DM) (14); MFN (g/kg DM) (15)

talmat. Ezt követően a zacskó 55 °C-on 24 órán át szárítottuk, majd visszamértük; így a maradék szárazanyag mennyiségét kiszámítottuk. A szárított mintákból meghatároztuk a nyersfehérje-, nyersrost- és NDF-tartalmat.

Az adott inkubációs idő függvényében a lebomlott nyersfehérje mennyiségének kiszámítására az alábbi képletet alkalmaztuk:

$$\text{Lebomlott fehérje} = 100 \times \frac{\text{zacskóba betett fehérjemennyiség} - \text{takarmánymaradékban lévő fehérjemennyiség}}{\text{zacskóba betett fehérjemennyiség}}$$

A többi táplálóanyag lebonthatóságát hasonló módon számítottuk ki: a képletben a nyersfehérje helyére az adott komponens (nyersrost vagy neutrális detergens rost, NDF) értékét helyettesítettük. Ezt követően az eltérő inkubációs időpontokban mért fehérje-lebonthatósági adatokból a *Ørskov-McDonald* (1979) modell alkalmazásával határoztuk meg a fehérjefrakciókat illetve az egyéb táplálóanyagok lebonthatóságát.

A matematikai modell: $P = a + b^{1-\exp(-ct)}$ ahol:

- P = fehérjelebonthatóság
- a = gyorsan lebomló fehérjehányad
- b = lassan lebomló fehérjehányad

- c = a lassan lebomló fehérje bontási sebessége óránként
- t = inkubációs idő

Az *Orskov-McDonald* féle modell paraméterei alapján számolható ki a takarmányfehérje aktuális lebonthatósága, figyelembe véve a takarmányozási szintet, illetve a bendőtartalom kiáramlási sebességét. Az aktuális fehérjelebonthatóság képlete a következő: (EPD = aktuális fehérjelebonthatóság):

$$EPD = a + \frac{b \times c}{(c+k)}$$

a , b , c mint fent, k = a bendőtartalom kiáramlási sebessége, óránként, melyet a hazai fehérjeértékelési rendszerben 8%-nak tekintünk.

Mivel a zacskók porozításánál (30-50 μ) kisebb takarmányrészecskék távozása is növeli a mért fehérje-lebonthatóságot, a hazai értékelési rendszerben a takarmányfehérje lebonthatóságát a fenti képlettel meghatározott lebonthatóság 95%-ának tekintjük.

2.2. Kémiai összetétel vizsgálata

A kísérletben vizsgált takarmányok eredeti és *in sacco* vizsgálat utáni összetételét a *Magyar Takarmánykódexben* (1990) szereplő módszerekkel vizsgáltuk az alábbiak szerint.

A *nedvességtartalom* meghatározása MSZ ISO 6469:2001 szabvány szerint történt. A mintát 105 °C-os szárítószekrényben súlyállandóságig (4 óra) szárítjuk, a szárítási tömegvesztesség a minta nedvességtartalma.

A *nyershamu-tartalom* meghatározása MSZ ISO 5984:1992 szabvány szerint történt. A mintát 550 °C-on hamvasztjuk. A hamvasztási tömegvesztesség az így keletkezett minta hamutartalma.

A *nyersfehérje-tartalom* meghatározására DUMAS-féle égetéssel működő rapid N Cube (Elementar Analysensysteme GmbH, Németország) nitrogén meghatározó analizátort használtuk. A mérést minden minta esetében 3 párhuzamos méréssel végeztük. A száraz mintákból analitikai mérlegen ónfóliából elkészített tölcsérbe $100 \pm 0,001$ mg mennyiséget kell mérni, majd ezekből kapszulákat készíteni. A kapszulákat egy erre kialakított préselővel meg is kell erősíteni. Az elkészült kapszulákat elhelyezzük a műszer mintatartó részében, majd a szekvencia megírását követően elindítható a mérés. A mérés lényege, hogy a kapszulákat magas hőmérsékleten, nagyjából 900 °C-on oxidálja a műszer, majd feltárja. A keletkezett gázok egy katalizátorba jutnak, majd a tökéletes égés során a nehezen oxidálható kémiai kötések is felbomlanak. A tökéletes égés során nitrogén-oxidok keletkeznek, melyek nitrogénné redukálódva a detektorba jutnak és elektromos jelet adnak. Az előzetes kalibráció segítségével a N-tartalom mérhető és számolható. A műszer %-ban fejezi ki az elégetett kapszulák nitrogén térfogatát, melyből a minta fehérje tartalma %-ban számolható a következőképpen:

$$\text{Fehérje (\%)} = N \times 6,25 \text{ (ahol } N = \text{ az elégetett N-térfogatrész)}$$

Mivel a nyersfehérjék N-tartalma átlagosan 16% körül mozog, így a bemért $100 \pm 0,001$ mg 16%-a is 6,25-tel szorzandó (Sváb, 2008).

A *nyerszsír-tartalom* meghatározását a 44/2003 (IV.26.) FVM rendelet 10. számú melléklet XI. módszerével, Soxhlet-extrakcióval végeztük, melyhez a mintát hexánnal extraháltuk, azaz így nyertük ki belőle a zsírokat.

A *nyersrost-tartalmat* a 44/2003 (IV.26.) FVM rendelet 10. számú melléklet XII. módszere (MSZ 6830-7) szerint határoztuk meg. A mintát forró híg kénsavval majd káliumhidroxid oldattal kezeltük. A maradék mosás és szárítás utáni 550 °C-on történő elhamvasztása után a súlyvesztéséből határoztuk meg a nyersrost-tartalmat.

Az *NDF*-, az *ADF*- valamint az *ADL*-tartalom meghatározásához a Magyar Takarmánykódex 1990. II. 8.2. fejezetében ismertetett módszereket alkalmaztuk. Az *NDF* meghatározása során a mintát semleges detergens oldattal főzik, szűrik, mossák, szárítják majd hamvasztják. A hamvasztási veszteség tömege a neutrális detergens rost. Az *ADF*-tartalom meghatározásakor a mintát sav detergens oldattal kezelik majd szintén szűrés, mosás, szárítás után hamvasztják. A hamvasztási veszteség tömege a sav detergens rost. A sav detergens lignin (*ADL*) mérésekor a mintát először sav detergens oldattal főzik, majd a cellulóz eltávolításához 72 %-os kénsav oldattal hidegen extrahálják. Ismét szűrés, mosás és szárítás után lemérik a sav detergens lignin (*ADL*) mennyiségét.

2.3. Statisztikai értékelés

A statisztikai analízisek elvégzéséhez az SPSS 26.0. (IBM, Armonk, NY) programot használtuk. A vizsgált paraméterek esetében a számtani átlagot, az átlagok standard hibáját (SEM) a kezeléseknél (kontroll, fermentált) kiszámítottuk. Az adatok eloszlásának normalitását a Kolmogorov-Smirnov teszttel ellenőriztük. A kezelések számának megfelelően (kontroll, kísérleti) a két csoportot az adatok eloszlásától függően kétmintás t-próbával vagy Man-Whitney teszttel értékeltük. A választott szignifikancia szint valamennyi esetben min. $p \leq 0,05$ volt.

3. Eredmények

3.1. A szárazanyag lebonthatóság eredményei

Az *in sacco* vizsgálatok eredményeit először a szárazanyagra vonatkoztatva értékeltük. A kapott adatokat a 3. táblázat szemlélteti. Ezek alapján megállapítható, hogy a szárazanyag lebomlása a kontroll takarmányban nagyobb mértékű volt a 4, 8, 16, 24 és 48 órás inkubációkat követően. A különbség a 2 kezelés között 4-6% között változott, a kontroll mintában mértük nagyobb értékeket. A 2 órás inkubációs időnél közel azonos volt a lebomlás mértéke.

Orskov-McDonald féle modell segítségével meg tudtuk határozni a gyorsan (a-frakció) és lassan (b-frakció) lebomló szárazanyag hányad arányát, valamint a lassan lebomló rész óránkénti bontási sebességét (c-frakció). Az eredményeket a 4. táblázat mutatja be.

Vizsgálatunk szerint a gyorsan lebomló (a) frakció a szárazanyagban szignifikánsan nagyobb volt (13,94%) a fermentált takarmány esetében, mint a kontrollban (7,66%). Ugyanakkor a lassan lebomló (b) frakció aránya nem tért el érdemben, viszont a lebomlási sebessége (c) a fermentált kezelésben szignifikánsan alacsonyabb volt. Az eredmények alapján arra következtethetünk, hogy a búza-szója-

3. táblázat: A különböző inkubációs időkben mért szárazanyag lebomlás alakulása

Inkubációs idő (óra) (1)	Lebomlott szárazanyag (%) (2)	
	Kontroll (3)	Fermentált (4)
2	8,10	7,80
4	15,34	10,45
8	20,12	16,15
16	20,59	17,06
24	29,97	23,93
48	39,66	35,73

Table 3: Changes in dry matter degradability at different incubation times

Incubation times (hours) (1); Degraded dry matter (%) (2); Control (3); Fermented (4)

korpa keverék fermentálása növelte a gyorsan lebomló szárazanyag-résarányt, miközben a (b) frakció lebomlási sebessége a kontrollérték mintegy 55%-ára csökkent; ennek következtében a szárazanyag-összetevők teljes lebomlásának üteme a fermentált mintában alacsonyabb volt (3. táblázat).

A tényleges bendőbeli lebonthatóságot (ED) 1, 5 és 8%/óra kiáramlási sebességnél is kiszámítottuk (Nocek és Tamminga, 1991) (4. táblázat). Szignifikáns különbség a két csoport között az 5 és 8%/óra kiáramlási sebességnél mutatkozott. A hazai takarmányozási gyakorlat szempontjából irányadónak tekintett 8%/óra mellett a kontroll ED értéke 22,90% volt, míg a fermentált takarmányé 25,68%, ami szignifikánsan nagyobbnak bizonyult. Eredményeink összességében azt jelzik, hogy az abrakkomponensek fermentálása intenzív és mérsékelt intenzív etetési viszonyok mellett is növeli a szárazanyag tényleges bendőbeli lebonthatóságát.

4. táblázat: Az Orskov-McDonald modell szárazanyagra vonatkozó eredményei

Szárazanyag (1)	Kontroll (átlag) (2)	Fermentált (átlag) (3)	SEM (4)	p érték (5)
a=gyorsan lebomló hányad (% szá) (6)	^b 7,66	^a 13,94	0,012	<0,001
b=lassan lebomló hányad (% szá) (7)	39,20	46,32	0,025	0,168
c = a lassan lebomló rész bontási sebessége óránként (% h ⁻¹) (8)	0,053a	0,029b	0,006	0,020
ED-1 (%) (9)	40,28	47,47	1,600	0,080
ED-5 (%) (9)	^b 27,37	^a 30,16	0,678	0,023
ED-8 (%) (9)	^b 22,90	^a 25,68	0,683	0,026

⁹ED-1/5/8= tényleges bendőbeli lebomlás 1, 5 vagy 8%-os óránkénti bendőbeli kiáramlási sebességgel számolva

^{a,b}azonos soron belül a különböző betűvel jelölt értékek minimum $p < 0,05$ szinten szignifikánsan különböznek

⁴SEM: az átlag standard hibája

Table 4: Results of the Orskov-McDonald model for dry matter

^{a,b}: Within a row, means with different superscripts differ significantly at $p < 0.05$

Dry matter (1); Control (mean) (2); Fermented (mean) (3); SEM = (Standard error of the mean) (4); p-value (5); a = rapidly degradable fraction (% DM) (6); b = slowly degradable fraction (% DM) (7); c = degradation rate of the slowly degradable fraction per hour (% h⁻¹) (8); ED-1/5/8 = Effective degradability calculated at 1%, 5%, or 8% per hour ruminal outflow rate (9)

Eredményeinkkel összhangban Kim és mtsai (2012) *in vitro* kísérletükben igazolták, hogy a fermentált összetevőket tartalmazó teljes takarmánykeverék (TMR) szárazanyag-lebomlása 3, 6, 9 és 12 órás inkubációt követően szignifikánsan nagyobb volt, mint a fermentálatlan kontrollé. A fermentáció vizsgálatukban 50:50 arányú búza- és rizskorpa-keveréken történt.

Wongnen és mtsai (2009) tejelő teheneknél hasonlították össze a fermentált és a nem fermentált TMR etetésének hatását a teljesítményre. Eredményeik alapján a fermentálás jó megoldás lehet a TMR minőségének javítására, ugyanakkor a szárazanyag-emészthetőséget nem befolyásolta.

Megfigyeléseink összhangban állnak Zhang és mtsai (2020) megállapításaival is: fermentált lucernaszéna–nedves CGF–kukoricaszár keverék esetén nagyobb gyorsan lebomló szárazanyag-résarányt (a-frakció) és nagyobb bendőbeli lebonthatóságot mértek a fermentálatlan keverékhez és a lucernaszénához képest tejelő teheneken. A fermentált keveréket fogyasztó tehenek tejtermelése szignifikánsan növekedett a másik két kezeléssel szemben, ami arra utal, hogy a szárazanyag jobb hasznosulása a termelési eredményekben is megjelenik.

3.2. A nyersfehérje lebonthatóság eredményei

Az *in sacco* vizsgálat jó lehetőséget kínál arra, hogy az egyes táplálóanyagok bendőbeli lebomlásának ütemét figyelemmel kísérjük a különböző inkubációs időkben mért adatok alapján. A kérődzők számára az egyik legfontosabb táplálóanyag a nyersfehérje. Az 5. táblázat adatai szerint a 2 órás inkubációs idő kivételével a többi vizsgált időpontban a fermentált kísérleti takarmány nyersfehérje-tartalmának bendőbeli lebonthatósága átlagosan 4-5%-kal kisebb volt, mint a kontroll takarmányé.

Az Orskov-McDonald féle modell eredményei (6. táblázat) azt mutatják, hogy a szárazanyaghoz hasonlóan a gyorsan lebomló fehérjehányad (a-frakció) is szignifikánsan nagyobb volt a fermentált takarmányban (19,48% vs. 7,90%). Ez az összes fehérje nagyobb részét kitevő lassan lebomló hányad (b-frakció) értékeinél azonban nem volt tapasztalható, valamint a lassan lebomló hányad óránkénti bontási sebességénél (c-frakció) sem. A kisebb bontási sebesség eredményezte, hogy a nyersfehérje lebomlás minden inkubációs időben kisebb volt a kontrollhoz képest (5. táblázat).

5. táblázat: A különböző inkubációs időkben mért nyersfehérje lebomlás alakulása

Inkubációs idő (óra) (1)	Lebomlott fehérje (RDP, %) (2)	
	Kontroll (3)	Fermentált (4)
2	7,89	8,38
4	14,94	10,45
8	20,45	15,76
16	23,65	16,61
24	27,77	22,99
48	39,17	34,69

Table 5: Changes in crude protein degradability at different incubation times

Incubation times (hours) (1); Degraded protein (RDP, %) (2); Control (3); Fermented (4)

6. táblázat: Az Orskov-McDonald modell nyersfehérjére vonatkozó eredményei

	Kontroll (átlag) (1)	Fermentált (átlag) (2)	SEM (3)	p érték (4)
a=gyorsan lebomló hányad (% sza) (5)	^b 7,90	^a 19,48	0,022	<0,001
b=lassan lebomló hányad (% sza) (6)	40,71	39,64	0,016	0,763
c = a lassan lebomló rész bontási sebessége óránként (% h ⁻¹) (7)	0,056	0,033	0,007	0,130
EPD-1 (%) (8)	^b 41,73	^a 49,52	1,744	0,008
EPD-5 (%) (8)	^b 28,41	^a 34,93	1,282	<0,001
EPD-8 (%) (8)	^b 23,82	^a 30,84	1,369	<0,001

^aEPD-1/5/8= tényleges bendőbeli lebomlás 1, 5 vagy 8%-os óránkénti bendőbeli kiáramlási sebességgel számolva

^{a,b}azonos soron belül a különböző betűvel jelölt értékeke minimum p<0,05 szinten szignifikánsan különböznek

³SEM: az átlag standard hibája

Table 6: Results of the Orskov–McDonald model for crude protein

^{a,b}: Within a row, means with different superscripts differ significantly at p < 0.05

Control (mean) (1); Fermented (mean) (2); SEM = (Standard error of the mean (3); p-value (4); a = rapidly degradable fraction (% DM) (5); b = slowly degradable fraction (% DM) (6); c = degradation rate of the slowly degradable fraction per hour (% h⁻¹) (7); EPD-1/5/8 = Effective ruminal degradability calculated at 1%, 5%, or 8% per hour ruminal outflow rate (8)

Ugyanakkor a tényleges bendőbeli fehérje lebonthatósági (EPD) értékek vizsgálata alapján azt találtuk, hogy 1, 5 és 8%/óra bendőbeli kiáramlási sebességnél is szignifikáns különbség mutatkozott a két kezelés között. A fermentált takarmány EPD-je átlagosan 7,11 százalékponttal volt nagyobb. A hazai gyakorlat szempontjából irányadónak tekintett 8%/óra kiáramlás mellett a kontrollcsoport 23,82%-os értékével szemben a fermentált kezelés 30,84%-ot mutatott. Következésképpen intenzív és mérsékelt intenzív etetési rendszerekben is, a fermentált búza–korpa-szójadara keverék fehérjéjének tényleges bendőbeli lebonthatósága nagyobb, mint a fermentálatlan abrakkeveréké.

Wongnen és mtsai (2009) megfigyelése szerint a TMR fermentálása nem befolyásolta a bendőben képződő ammónia-N mennyiségét, ami arra utal, hogy a tejelő tehenekkel végzett vizsgálatban nem gyakorolt számottevő hatást a fehérje bendőbeli lebonthatóságára. Ugyanakkor Zhang és mtsai (2020) tejelő tehenekkel végzett vizsgálatukban arról számoltak be, hogy a fermentálás növelte a gyorsan lebomló (a) és csökkentette a lassan lebomló (b) fehérjefrakció arányát. A fermentált keverék fehérjéjének lebomlási együtthatója (dg=degradabilitás) szignifikánsan magasabb volt, ennek megfelelően az UDP (bendőben le nem bomló fehérje) részaránya csökkent, mind a fermentálatlan keverékhez, mind a lucernaszénához viszonyítva. A fermentált TMR etetése növelte az ammónia-N koncentrációját, csökkentette a bélsár N-tartalmát, csökkent az N-retenció, és növekedett a vizelet és a tej karbamid-eredetű N-tartalma. Gazdasági szempontból a fermentált TMR etetése kedvezőbb takarmányozási költségekkel járt.

3.3. A nyersrost lebonthatóság eredményei

A nyersrost lebonthatósága kicsit változatosabb képet mutat, mint amit a nyers-fehérje vagy a szárazanyag esetében láttunk (7. táblázat). Az első 24 órában a fermentált takarmány rosttartalmának nagyobb hányada bomlott le, mint a kontrollnak. Ez feltehetően annak tulajdonítható, hogy a fermentálással részben feltárt rostfrakciók további mikrobiális bontása már gyorsabb ütemben zajlott a bendőben.

7. táblázat: A különböző inkubációs időkben mért nyersrost lebomlás alakulása

Inkubációs idők (óra) (1)	Lebomlott nyersrost (%) (2)	
	Kontroll (3)	Fermentált (4)
2	8,06	17,39
4	15,47	19,93
8	20,28	25,40
16	21,00	26,27
24	30,22	32,85
48	39,25	34,09

Table 7: Changes in crude fibre degradability at different incubation times

Incubation times (hours) (1); Degraded crude fibre (%) (2); Control (3); Fermented (4)

Az Orskov-McDonald modell számításai szerint a gyorsan lebomló frakció (a) tekintetében nem volt különbség (8. táblázat), ugyanakkor a lassan lebomló frakció (b) a kontroll mintában szignifikánsan nagyobb volt. A lassan lebomló rész óránkénti bontási sebességében (c) nem találtunk statisztikailag igazolható eltérést, de a fermentált mintánál nagyobb értéket kaptunk.

A tényleges bendőbeli lebonthatóság 1%-os kiáramlási sebességnél azonos volt a kontroll és a kísérleti kezeléskor, de 5 és 8%-nál már a fermentált takarmánynál szignifikánsan nagyobb (31,81 és 28,17%, sorrendben) értéket kaptunk, mint a kontroll csoportban (27,00 és 22,37%, sorrendben).

Ebből arra következtethetünk, hogy a fermentálás kedvezően befolyásolja a takarmány nyersrost-tartalmának bendőbeli lebonthatóságát intenzív és kevésbé intenzív takarmányozás mellett is.

3.4. A neutrális detergens rost (NDF) lebonthatóság eredményei

A nyersrost lebonthatóságán kívül arra is kíváncsiak voltunk, hogy a cellulózt és hemicellulózt magában foglaló NDF lebonthatósága hogyan alakul.

Itt is azt mutatták az *in sacco* vizsgálat eredményei (9. táblázat), hogy a fermentált takarmány NDF tartalmának bendőbeli lebonthatósága minden inkubációs időpontban nagyobb volt a kontroll takarmányhoz képest. Ennek köszönhetően az NDF 41,99%-a bomlott le 48 óra alatt a fermentált takarmányból, míg a kontroll takarmánynál ez csak 36,48% volt.

A gyorsan lebomló hányadban találtunk is szignifikáns különbséget a fermentált

8. táblázat: Az Orskov-McDonald modell nyersrostra vonatkozó eredményei

	Kontroll (átlag) (1)	Fermentált (átlag) (2)	SEM (3)	p érték (4)
a=gyorsan lebomló hányad (% sza) (5)	7,14	9,84	0,01	0,094
b=lassan lebomló hányad (% sza) (6)	^a 41,36	^b 34,32	0,18	0,042
c = a lassan lebomló rész bontási sebessége óránként (% h ⁻¹) (7)	0,05	0,11	0,02	0,150
EPD-1 (%) (8)	40,98	40,48	0,96	0,816
EPD-5 (%) (8)	^b 27,00	^a 31,81	1,00	0,002
EPD-8 (%) (8)	^b 22,37	^a 28,17	1,21	0,002

^aEPD-1/5/8= tényleges bendőbeli lebomlás 1, 5 vagy 8%-os óránkénti bendőbeli kiáramlási sebességgel számolva

^{a,b}azonos soron belül a különböző betűvel jelölt értékeke minimum p<0,05 szinten szignifikánsan különböznek

³SEM: az átlag standard hibája

Table 8: Results of the Orskov–McDonald model for crude fibre

^{a,b}: Within a row, means with different superscripts differ significantly at p < 0.05

Control (mean) (1); Fermented (mean) (2); SEM = (Standard error of the mean (3); p-value (4); a = rapidly degradable fraction (% DM) (5); b = slowly degradable fraction (% DM) (6); c = degradation rate of the slowly degradable fraction per hour (% h⁻¹) (7); ED-1/5/8 = Effective degradability calculated at 1%, 5%, or 8% per hour ruminal outflow rate (8)

9. táblázat: A különböző inkubációs időkben mért neutrális detergens rost (NDF) lebomlás alakulása

Inkubációs idők (óra) (1)	Lebomlott nyersrost (%) (2)	
	Kontroll (3)	Fermentált (4)
2	9,77	17,65
4	11,49	19,64
8	13,33	25,86
16	14,58	28,31
24	23,86	37,97
48	36,48	41,99

Table 9: Changes in neutral detergent fibre (NDF) degradability at different incubation times
Incubation times (hours) (1); Degraded crude fibre (%) (2); Control (3); Fermented (4)

takarmány javára (10. táblázat). Ugyanakkor a lassan lebomló hányadban nem volt igazolható eltérés, illetve ennek bontási sebességében sem, habár a fermentált keverékben mértünk nagyobb bontási sebességet.

A tényleges bendőbeli lebomlás (ED) mindhárom vizsgált kiáramlási sebesség (1, 5 és 8%) esetében a fermentált takarmányban volt lényegesen nagyobb (45,81; 30,04 és 25,22%, sorrendben), és a különbség statisztikailag is igazolható volt. A gyakorlat számára fontos 8%-os bendőbeli kiáramlási sebességnél 10,44%-kal volt nagyobb az NDF lebomlása, ami kedvező hatásnak tekinthető.

Megállapításunk egyezik Zhang és mtsai (2020) eredményeivel, akik azt találták, hogy a fermentálás növeli mind az NDF-, mind az ADF-tartalom bendőbeli lebomlását tejelő teheneknél. Ugyanakkor más kutatók (Wongnen és mtsai, 2009) korábbi

10. táblázat: Az Orskov-McDonald modell nyersfehérjére vonatkozó eredményei

Szárazanyag (1)	Kontroll (átlag) (2)	Fermentált (átlag) (3)	SEM (4)	p érték (5)
Neutrális detergens rost (NDF) (6)				
a=gyorsan lebomló hányad (% szá) (7)	^b 6,01	^a 9,90	0,008	0,003
b=lassan lebomló hányad (% szá) (8)	49,64	45,60	0,037	0,626
c = a lassan lebomló rész bontási sebessége óránként (% h ⁻¹) (9)	0,018	0,047	0,008	0,076
EPD-1 (%) (10)	^b 36,84	^a 45,81	2,176	0,023
EPD-5 (%) (10)	^b 18,60	^a 30,04	2,181	<0,001
EPD-8 (%) (10)	^b 14,78	^a 25,22	2,009	<0,001

¹⁰EPD-1/5/8= tényleges bendőbeli lebomlás 1, 5 vagy 8%-os óránkénti bendőbeli kiáramlási sebességgel számolva

^{a,b}azonos soron belül a különböző betűvel jelölt értékeke minimum $p < 0,05$ szinten szignifikánsan különböznek

⁴SEM: az átlag standard hibája

Table 10: Results of the Orskov-McDonald model for crude protein

^{a,b}: Within a row, means with different superscripts differ significantly at $p < 0.05$

Dry material (1); Control (mean) (2); Fermented (mean) (3); SEM = (Standard error of the mean (4); p-value (5); Neutral detergent fibre (6); a = rapidly degradable fraction (% DM) (7); b = slowly degradable fraction (% DM) (8); c = degradation rate of the slowly degradable fraction per hour (% h⁻¹) (9); ED-1/5/8 = Effective degradability calculated at 1%, 5%, or 8% per hour ruminal outflow rate (10)

vizsgálatban azt tapasztalták, hogy a fermentált TMR NDF emészthetősége nem különbözött a fermentálás nélküli TMR NDF emészthetőségétől. Ugyanezt találták az ADF vizsgálatok is.

4. Következtetések és javaslatok

Kutatásunk célja az volt, hogy a folyadékfázisú fermentációval (LSF) előállított búzadara-korpa-szójadara abrakkeverék bendőbeli lebonthatóságát értékeljük és összehasonlítsuk a fermentálás nélküli kontrollal. Az *in sacco* eredmények alapján a fermentálás javította a táplálóanyagok bendőbeli lebomlását: a szárazanyag, a nyersfehérje és az NDF esetében nőtt a gyorsan lebomló (a) frakció aránya, míg a tényleges bendőbeli lebonthatóság (ED/EPD) 8%/óra kiáramlási sebességnél szignifikánsan emelkedett. A lassan lebomló (b) frakció és annak lebomlási üteme (c) érdemi eltérést többnyire nem mutatott, ami arra utal, hogy a fermentálás elsősorban a gyorsan lebomló frakció részarányát növeli, míg a strukturális komponensek lebomlása kevésbé változik. Ebből következően a fermentált takarmány táplálóanyagai gyorsabban és hatékonyabban váltak hozzáférhetővé a bendőmikrobák számára, potenciálisan javítva az energia- és táplálóanyag-hasznosulást. A nyersfehérje esetében az EPD valamennyi vizsgált kiáramlási sebességnél magasabb volt, ami a bendőbeli feltáródás ütemének kedvezőbb szinkronizációjára utal.

A gyakorlati alkalmazás szempontjából javasoljuk a fermentált abrakkeverékek fokozatos bevezetését a tejelő tehenek takarmányadagjaiba, a keverék táplálóanyag-összetételének és fermentációs stabilitásának figyelembevételével. Indokolt

a bnedőbéli fehérje–energia szinkron biztosítása, valamint a bendőfermentációs paraméterek (pl. pH, illó zsírsavak, ammónia) monitorozása, hogy a mikrobiális fehérjeszintézis hatékonysága optimalizálható legyen. További, jól kontrollált *in vivo* kísérleteket tartunk szükségesnek a fermentált takarmányok tejtermelésre és -összetételre gyakorolt hatásának, a bendőfermentáció dinamikájának, valamint a környezeti terhelés (pl. metán- és ammónia-kibocsátás) változásának vizsgálatára. Gazdasági elemzésekkel célszerű kiegészíteni a kutatásokat, a költség-haszon arány és a fehérje-önellátás javításának számszerűsítésére.

5. Felhasznált irodalom

- Bayat, H. – Cheng, F. – Dehghanizadeh, M. – Brewer, C. E. (2021): Recovery of nitrogen from low-cost plant feedstocks used for bioenergy: A review of availability and process order. *Energy Fuels*, 35. 14361–14381. <https://doi.org/10.1021/acs.energyfuels.1c02140>
- Boguhn, J. – Kluth, H. – Bulang, M. – Engelhard, T. – Spilke, J. – Rodehutschord, M. (2008): Effects of using thermally treated lupins instead of soybean meal and rapeseed meal in total mixed rations on *in vitro* microbial yield and performance of dairy cows. *J. Anim. Physio. Anim. Nutr.*, 92. 694–704. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0396.2007.00767.x>
- Couto, S. R. – Sanromán, M. A. (2006): Application of solid-state fermentation to food industry - A review. *J. Food Engin.*, 76. 291–302. <https://doi.org/10.1016/j.jfoodeng.2005.05.022>
- FAO (2013): Tackling climate change through livestock: A global assessment of emissions and mitigation opportunities. Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Gao, M. – Cieslak, A. – Huang, H. – Gogulski, M. – Petric, D. – Ruska, D. – Patra, A. K. – El-Sherbiny, M. – Szumacher-Strabel, M. (2023): Effects of raw and fermented rapeseed cake on ruminal fermentation, methane emission, and milk production in lactating dairy cows. *Anim. Feed Sci. Techn.*, 300. 7–17. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2023.115644>
- Gebremedhin, K. G. – Ghebrehiwot, H. M. – Tesfay, T. H. (2022): Agro-industrial by-products as animal feed resources in developing countries: A review. *Anim. Nutr.*, 8. 1–10. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2021.08.002>
- Goiri, I. – Zubiria, I. – Lavín, J. L. – Benhissi, H. – Atxaerandio, R. – Ruiz, R. – García-Rodríguez, A. (2021): Evaluating the inclusion of cold-pressed rapeseed cake in the concentrate for dairy cows upon ruminal biohydrogenation process, ruminal microbial community and milk production and acceptability. *Animals*, 11. 2553. <https://doi.org/10.3390/ani11092553>
- Hong, K. J. – Lee, C. H. – Kim, S. W. (2004): *Aspergillus oryzae* GB-107 fermentation improves nutritional quality of food soybeans and feed soybean meals. *J. Med. Food*, 7. 430–435. <https://doi.org/10.1089/jmf.2004.7.430>
- Kim, S. H. – Alam, M. J. – Gu, M. J. – Park, K. W. – Jeon, C. O. – Ha, J. K. – Cho, K. K. – Lee, S. S. (2012): Effect of total mixed ration with fermented feed on ruminal *in vitro* fermentation, growth performance and blood characteristics of Hanwoo steers. *Asian-Australasian J. Anim. Sci.*, 25. 213–223. <https://doi.org/10.5713/ajas.2011.11201>
- Makkar, H. P. S. (2016): Smart feeding strategies for sustainable animal production. *Anim. Prod. Sci.*, 56. 1787–1798. <https://doi.org/10.1071/AN15265>
- Makkar, H. P. S. – Tran, G. – Heuzé, V. – Ankers, P. (2014): State-of-the-art on use of insects as animal feed. *Anim. Feed Sci. Techn.*, 197. 1–33. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2014.07.008>
- Martins, S. – Mussatto, S. I. – Martínez-Avila, G. – Montañez-Saenz, J. – Aguilar, C. N. – Teixeira, J. A. (2020). Bioactive phenolic compounds: Production and extraction by solid-state fermentation - A review. *Biotech. Adv.*, 32. 365–376. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2013.10.008>
- Neumann, P. E. – Walker, C. E. – Wang, H. L. (1984): Fermentation of corn gluten meal with *Aspergillus oryzae* and *Rhizopus oligosporus*. *J. Food Sci.*, 49. 1200–1201. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2621.1984.tb10429.x>

- Nocek, J. E. – Tamminga, S. (1991): Site of digestion of starch in the gastrointestinal tract of dairy cows and its effect on milk yield and composition. *J. Dairy Sci.*, 74. 3598–3629. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(91\)78552-4](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(91)78552-4)
- Rezazadeh, F. – Kowsar, R. – Rafiee, H. – Riasi, A. (2019): Fermentation of soybean meal improves growth performance and immune response of abruptly weaned Holstein calves during cold weather. *Anim. Feed Sci. Techn.*, 254. 114206. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2019.114206>
- Salami, S. A. – Guinguina, A. – Agboola, J. O. – Omede, A. A. – Agbonlahor, E. M. – Tayyab, U. (2019). Insect meal: A future source of protein feed for pigs? *Anim. Feed Sci. Techn.*, 251. 1–10. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2019.02.006>
- Sirohi, S. K. – Malik, R. – Walli, T. K. (2001): Development and evaluation of protected fat in wheat straw-based total mixed ration. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 14. 1405–1408. <https://doi.org/10.5713/ajas.2001.1405>
- Song, Y. – Sun, L. – Zhang, S. – Fan, K. – Wang, H. – Shi, Y. – Ding, Z. (2022). Enzymes and microorganisms jointly promote the fermentation of rapeseed cake. *Front. Nutr.*, 9. 989410. <https://doi.org/10.3389/fnut.2022.989410>
- Subramaniam, R. – Vimala, R. (2012): Solid state and submerged fermentation for the production of bioactive substances: A comparative study. *Int. J. Sci. Nat.*, 3. 480–486.
- Sváb, M. (2008): A takarmányok kémiai összetétele. Nemzeti Szakképzési és Felnőttképzési Intézet.
- Wongnen, C. – Wachirapakorn, C. – Patipan, C. – Panpong, D. – Kongwhea, K. – Namsaen, N. – Gunun, P. – Yuangklang, C. (2009): Effects of fermented total mixed ration and cracked cottonseed on milk yield and composition in dairy cows. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 22. 1625–1632. <https://doi.org/10.5713/ajas.2009.80668>
- Zhang, G. – Li, Y. – Fang, X. – Cai, Y. – Zhang, Y. (2020): Lactation performance, nitrogen utilization, and profitability in dairy cows fed fermented TMR containing wet corn gluten feed and corn stover replacing a portion of alfalfa hay. *Anim. Feed Sci. Techn.*, 269. 114687. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2020.114687>
- Zhuang, H. – Tang, N. – Yuan, Y. (2013): Purification and identification of antioxidant peptides from corn gluten meal. *J. Func. Foods*, 5. 1810–1821. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2013.08.013>

Érkezett: 2025. október

Szerzők címe: Bana, B.* – Takács, G. – Tóth, T. – Zsédely, E.
Széchenyi István Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar
Authors' address: Széchenyi István University Faculty of Agricultural and Food Sciences
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.
*levelező szerző, e-mail: bana.bernadett@sze.hu

Nagy, T. E.
Dunakiliti Agár Zrt.
Dunakiliti Agricultural Ltd
H-9225 Dunakiliti, Kossuth Lajos u. 88.

Alpár, B.
Agrofeed Kft.
Agrofeed Ltd
H-9021 Győr, Dunakapu tér 10

Holstein-fríz tehenek néhány tőgy küllemi tulajdonságának öröklődhetősége, trendje és kapcsolata a tejtermeléssel

Population genetic parameters and trends in milk production and udder traits in Holstein-Friesian cows

KÖRÖSI Zsolt Jenő - BENE Szabolcs - BOGNÁR László – SZABÓ Ferenc

ÖSSZEFOGLALÁS

A tanulmány célja néhány fontos tőgy tulajdonság öröklődhetőségi (h^2) értékeinek becslése, ezek egymás közötti, valamint a termelési tulajdonságokkal való kapcsolatának feltárása, továbbá a fenotípusos és genetikai trendek vizsgálata volt egy tízéves időszak alatt, viszonylag nagy tejtermelésű Holstein-fríz tehenek körében. Összesen 15 032 tehén adatait elemeztük hat magyarországi állományból, az első laktáció 305 napjára vonatkozóan, tejtermelés (MY), zsírmennyiség (FY) és fehérjetermelés (PY) alapján. Emellett a bíralt tőgytulajdonságokat is értékeltük, lineáris, 1–9-es skálán: elülső tőgyfél illesztés (FU), hátulsó tőgyfél magasság (RUH), függesztés (CL), tőgymélység (UD), elülső bimbó helyeződés (FTP) és tőgyállomány (UT) szempontjából. Az adatok elemzéséhez REML és BLUP egylépcsős egyedmodellet, valamint lineáris regressziós modellet alkalmaztunk. A tehenek termelési eredményei megfelelőnek bizonyultak: az átlagos laktációs teljesítmény 10 179,4 kg tej, 380,3 kg zsír és 333,1 kg fehérje volt. A tőgy tulajdonságok pontszámai (5,4–6,1) enyhén meghaladták az 1–9-es skála középértékét. A tej-, zsír- és fehérjehozam öröklődhetősége 0,30 és 0,35 között, míg a tőgytulajdonságoké 0,22 és 0,41 között alakult. A termelési és tőgytulajdonság jellemzői közötti fenotípusos (r_p) és genetikai (r_g) korrelációk lazák voltak (-0,33 és +0,15 között). A tőgytulajdonságok közötti kapcsolatok többsége szintén laza volt, de közepes szorosságú pozitív kapcsolatot találtunk az FU és UD ($r_p = 0,42$; $r_g = 0,50$ vagy 0,57), valamint az FU és UT ($r_p = 0,36$; $r_g = 0,33$ vagy 0,35) között. Míg a tejtermelés genetikai trendje növekedést mutatott ($b = 2,2$ –16,5), addig a vizsgált tőgytulajdonságok esetében nem volt kimutatható változás az idő előrehaladtával ($b = 0,00$ –0,03). Tekintettel arra, hogy a tőgytulajdonságok pontszámai kissé meghaladták az átlagot, és hogy ezek a tulajdonságok szerepelnek a szelekciós indexben, indokoltnak tartjuk a tőgytulajdonságok bírálatának és annak szelekciós indexbe történő beillesztésének újragondolását. **Kulcsszavak:** elülső tőgyfél illesztés, hátulsó tőgyfél magasság, tőgymélység, tőgyállomány, függesztés, bimbóhelyeződés

SUMMARY

Objective: This study aimed to evaluate the heritability (h^2) estimates of some important udder conformation traits, their relationship to each other and with production, and their phenotypic and genetic trends over a 10-year period in relatively high-yielding Holstein-Friesian cows.

Methods: A total of 15,032 cows from six herds in Hungary were tested for milk (MY), butterfat (FY), and protein (PY) production yields over 305 days in first lactation. In addition, their udder conformation was scored for udder attachment (FU), rear udder height (RUH), central ligament (CL), udder depth (UD), front teat placement (FTP), and udder texture (UT) on a 1–9 linear udder score scale. REML and BLUP single-step animal model and linear regression model were used for data analysis and estimation.

Results: The production traits of the cows were quite reasonable, with 10,179.4 kg milk, 380.3 kg fat, and 333.1 kg protein in a standard lactation of 305 days. The scores of the udder conformation traits (5.4 to 6.1) were slightly above the mean of 5 on a linear scale of 1–9. The h^2 for MY, FY, and PY were obtained from 0.30 to 0.35, while those for udder traits were from 0.22 to 0.41. Phenotypic (r_p) and genetic (r_g) correlations for the relationship between production and udder conformation were weak or negligible (ranged from -0.33 to +0.15). Most of the associations between different udder traits were generally weak, but moderate positive correlations were observed between FU and UD ($r_p = 0.42$, $r_g = 0.50$ or 0.57), and between FU and UT ($r_p = 0.36$, $r_g = 0.33$ or 0.35). There were increasing genetic trends in the milk production ($b = 2.2$ to 16.5), but the studied udder conformation traits did not change over time ($b = 0.00$ to 0.03).

Conclusions: In our study, despite an increase in milk yield over the studied period, udder conformation traits did not change. Therefore, considering that udder conformation scores were

slightly above average and that udder traits were included in the selection index, we believe that it may be necessary to reconsider the udder conformation scoring system and its inclusion in the selection index.

Keywords: udder attachment, height, depth, texture, central ligament, teat placement

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

A holstein-fríz (HF) fajta, amely a 19. században Észak-Amerikában alakult ki holland eredetű állományokból, napjainkra kétségtelenül a világ legismertebb és legelterjedtebb tejhasznú szarvasmarha fajtájává vált (*Elischer, 2014*). Magyarországon az 1970-es évektől kezdve tenyésztjük, és azóta egyedszámban is a legnagyobb populációt képviselő fajta lett. A HF fajta fő rendeltetése a nagy tejtermelés, így a számos egyéb követelmény mellett a megfelelő tőgyalakulás is kulcsfontosságú a hatékony tejtermeléshez. Ugyanakkor, mivel a HF tehén tőgye jelentős hatással van az állat egészségi állapotára és hasznos élettartamára, ezért a tőgyalakulással szemben szigorú követelményeket támasztanak (*Write, 1978; Shanks és mtsai, 1983; Holloway és mtsai, 2017*).

A tehén tőgyével szembeni elvárások és a tőgyértékelés kritériumai jelentősen változtak a tejhozamok növekedésével és a fejési módszerek fejlődésével párhuzamosan (*Holloway és mtsai, 2017; De Konig és mtsai, 2011; Neijenhuis és mtsai, 2025; Hovinen és mtsai, 2011*). Korábban a kézi fejés során a tőgyalakulás kevésbé volt fontos. Azonban a különböző gépi fejési módszerek bevezetésével a tehén-ember viszony, valamint a tőgy követelményei is átalakultak (*Holloway és mtsai, 2017*). Ennek következtében a tőgyértékelés kritériumait folyamatosan frissíteni szükséges. Továbbá, az automata fejőrendszerek, azaz a fejőrobotok egyre szélesebb körű elterjedése új kihívásokat jelent a tejhasznú tehenek tőgytulajdonságai tekintetében, és megköveteli a tőgyértékelés felülvizsgálatát, modernizálását (*De Konig és mtsai, 2011; Neijenhuis és mtsai, 2025; Hovinen és mtsai, 2011*).

A korábbi kutatások és gyakorlati tapasztalatok alapján megállapítható, hogy az új fejéstechnológiák alkalmazása, a tejhozam folyamatos növekedése, valamint a termelési körülmények változásai tovább növelhetik a tőgygel szembeni elvárások szigorúságát. A technológiai változások és a tejhozam folyamatos növekedése a különböző tőgytulajdonságok egymáshoz viszonyított fenotípusos és genetikai összefüggéseit is módosíthatják, valamint a tejhozammal való kapcsolatukat is (*Kőrösi és mtsai, 2024; Bognár és Szabó, 2023*). Ezért célszerű a tehén tőgyének pontozási rendszerét, genetikai paramétereit, valamint ezen tulajdonságok szelekció során történő változásait folyamatosan újragondolni és értékelni. Mindez elengedhetetlen a tőgytulajdonságok pontozási rendszerének korszerűsítéséhez és a modern elvárásokhoz, valamint szelekciós rendszerekhez való alkalmazkodáshoz.

A tőgyalakulásra irányuló szelekció kedvezőtlen hatásokkal is járhat, mivel a tőgy tulajdonságai összefüggnek az állat egészségével, élettartamával és tejtermelésével (*Shanks és mtsai, 1983*). Emiatt e kapcsolatok és a genetikai meghatározottság rendszeres nyomon követése elengedhetetlen az esetleges kedvezőtlen következmények elkerülése érdekében. Számos kutatás számolt be a tőgyalakulás

és az egészségi állapot közötti összefüggésekről (Haas és mtsai, 2007; Calström és mtsai, 2016). Több publikáció mutatott ki kapcsolatot a tőgyalakulás és a tehének élettartama között. Ennek magyarázata, hogy kedvezőtlen tőgyalakulás esetén a tejtermelés csökkenhet, a tőgygyulladás (masztitisz) kockázata pedig növekedhet, ami korai selejtezést és rövidebb hasznos élettartamot eredményez (Short és mtsai, 1992; Khmelnychyí és mtsai, 2022).

Egyes tőgytulajdonságok és a tejtermelés között kimutatható kapcsolat áll fenn (Buchanan és mtsai, 1993; Khan és Khan, 2016). A tejelválasztás és a tejhozam a tőgy rugalmasságától, vérellátottságától és mirigyes állományának szerkezetétől függ, melyek szoros kapcsolatban állnak a tőgy méretével és formájával (Buchanan és mtsai, 1993). A tőgybetegségek is összefüggnek a tejhozammal (White és mtsai, 1975; Buchanan és mtsai, 1993; Darmon, 2000). A mély tőgy gyakoribb masztitises megbetegedésekkel társul, ami alacsonyabb tejtermelést eredményez. A nagyobb tejhozamú tehének jellemzően nagyobb tőgygel rendelkeznek (Khan és Khan, 2016).

White és Vinson (1975) pozitív korrelációt mutattak ki egyes tőgyméretek és a tejtermelés között. Buchanan és mtsai (1993) és Damron (2000) laza fenotípusos és genetikai kapcsolatokról számoltak be a tőgytulajdonságok és a tejtermelés között. Khan és Khan (2016) szoros, pozitív genetikai összefüggést tapasztaltak a különböző tőgyméretek között; ugyanakkor a 305 napos tejtermelés és a tőgyhossz, tőgyszélesség, tőgymélység (UD), valamint tőgy körméret között csak laza vagy közepes korrelációt találtak. Tilki és mtsai (2005) szerint a 305 napos tejhozam pozitív korrelációban állt az elülső és hátulsó bimbók közötti távolsággal, valamint a fejés előtt bírált tőgypontszámokkal. Megállapításuk szerint a bimbó- és tőgyméretek, valamint a tőgybírálati pontszámokkal jellemzett tőgyalakulás jelentős hatással vannak a tejtermelésre. Deng és mtsai (2012) szintén hasonlóan laza vagy közepes korrelációt találtak a tejtermelés és a tőgy körméret, hosszúság, elülső és hátulsó tőgymélység, valamint a tőgykapacitás között. Saleh és mtsai (2023) szoros, pozitív genetikai kapcsolatot állapítottak meg a tőgyszélesség és a teljes tejtermelés, valamint a tejtermelés egyenletessége között. Ugyanakkor szoros, negatív genetikai korrelációt találtak a hátulsó tőgyfél szélesség és a laktáció csúcshozama, valamint hossza között, illetve a hátulsó bimbók közötti távolság és a tejtermelés egyenletessége között. Mederios és mtsai (2024) szerint a legszorosabb genetikai korrelációkat az elülső és hátulsó bimbótávolság, a tőgymélység és az elülső-hátulsó tőgyfél-távolság, valamint ez utóbbi és az elülső bimbótávolság között kapták.

Mivel a tejtermelés és a tőgyalakulás közötti kapcsolat a szakirodalomban nem egyértelmű, sőt, ellentmondások tapasztalhatók, e kapcsolat állományszintű vizsgálata különösen indokolt. Emellett elengedhetetlen a különböző tőgytulajdonságok genetikai meghatározottságának pontos ismerete a szelekciós szempontok optimalizálása érdekében.

A szakirodalom szerint a legfontosabb tőgy- és tejtermelési tulajdonságok öröklődhetőségi értékei (h^2) alacsonyak vagy közepesek, és hasonlóak egymáshoz, vagy kissé alacsonyabbak a tőgytulajdonságok esetében (Taylor és mtsai, 2001; Kőrösi és mtsai, 2024). Mederios és mtsai (2024) közepes és magas, míg Khan és Khan (2016) több tőgytulajdonságot jól öröklődőnek találtak. Ezért a tejtermelésre és a tőgyalakulásra irányuló egyidejű szelekció sikere nemcsak a tulajdonság-

csoportok öröklődhetőségi értékeitől, hanem azok egymás közötti kapcsolatától is függ (Guinan és mtsai, 2024). A különböző források eltérő öröklődhetőségi értékekről adnak meg a tőgytulajdonságokra vonatkozóan, ezért álláspontunk szerint ezen a területen is szükség van ezek folyamatos újraértékelésre.

A tejhozam növekedésével a tőgyalakulás is különböző mértékben változhat az idő előrehaladtával. Theron és Mostert (2004) dél-afrikai HF állományban végzett vizsgálata szerint a tőgytulajdonságok többsége pozitív genetikai trendet mutatott, kivéve a bimbóhosszúságot, valamint a tőgymélység (UD) esetében, ahol csak enyhén pozitív irányú volt a változás. Ez az eredmény ellentmond annak a megfigyelésnek, hogy az UD genetikai trendje jelentős mértékű emelkedést mutat, míg az elülső bimbó irányultság és a hátulsó tőgyfél magasság (RUH) csökkenő genetikai irányt követ. Ugyanakkor az elülső bimbóhelyeződés (FTP) és a hátulsó bimbóhelyeződés emelkedő tendenciát mutatott, amely megegyezik Dube és mtsai (2008) eredményeivel. E tulajdonságok genetikai trendjei vélhetően a tejhozamra irányuló szelekció eredményeként alakultak ki. Ezért megbízhatóbb megközelítés lehet az ivadéknemzedékek tulajdonságainak folyamatos nyomom követése, majd az eredmények alapján a tőgy- és tejtermelési tulajdonságok generációkon átívelő értékelése elengedhetetlen. Ismael és mtsai (2022) eredményei szerint a tőgyjellemzők többsége emelkedő genetikai trendet mutat, kivéve az elülső tőgyfél illesztést (FU).

A fenti szakirodalmi források azt is alátámasztják, hogy a tőgybírálati szempontok rendszeres felülvizsgálata kiemelten fontos. Több kutató hangsúlyozza, hogy a tehenek tőgyének morfológiai értékelése és pontozása alapvető fontosságú (Atkins és mtsai, 2008; Getu és Misganaw, 2015; Nazar és mtsai, 2022; Beard és mtsai, 2019). Ugyanakkor a korszerű, teljes genomra kiterjedő vizsgálatok (GWAS) is rendelkezésre állnak, amelyek szerint számos gén szolgálhat értékes információval a tőgytulajdonságok genetikai hátteréről (Gutiérrez-Reinoso és mtsai, 2023; Dominguez-Castano, 2024), ennek ellenére a hagyományos tőgypontozási rendszer továbbra is megőrzi jelentőségét (Tribout és mtsai, 2020). Figyelembe véve a szakirodalomban tapasztalható eltéréseket és ellentmondásokat, valamint azt, hogy a tőgyalakulás a populációtól és fajtától is függ, a genetikai értékelés folyamatos végzése fejlesztési szempontból alapvető feladat.

hazánkban a jelenleg alkalmazott, a World Holstein Friesian Federation (WHFF, 2024) útmutatásait követő bírálati rendszerben összesen 21 lineáris tulajdonságot értékelnek, ebből 10 a tőgyre vonatkozik: elülső tőgyfél illesztés (FU), elülső bimbóhelyeződés (FTP), elülső bimbó hossz, tőgymélység (UD), hátulsó tőgyfél magasság (RUH), függesztés (CL), hátulsó bimbóhelyeződés, hátulsó tőgyfél szélesség, tőgyállomány (UT) és a fő bírálati tulajdonságként kiadott tőgypontszám. A szelekciós indexbe – a termelési és funkcionális tulajdonságok mellett – négy tőgytulajdonság is bekerült, ezek: függesztés (CL), elülső bimbó helyeződés (FTP), tőgymélység (UD), valamint a bimbó helyeződés, mint a tőgykompozit-index elemei (HFTE, 2024).

A fent említett eltérések és szakirodalmi ellentmondások alapján jelen tanulmány célja a legfontosabb tőgytulajdonságok – FU, RUH, CL, UD, FTP és UT – öröklődhetőségi értékeinek, egymással és a tejtermelési tulajdonságokkal való kapcsolatának, valamint fenotípusos és genetikai trendjeiknek vizsgálata 10 éves időszakra vonatkozóan, viszonylag magas tejhozamú HF tehenek esetében.

A kutatás várható eredményei hozzájárulhatnak a tõgybírálati rendszer fejlesztéséhez, valamint a tõgytulajdonságok szelekciós programban való szerepének újrarendeléséhez a holstein-fríz fajta esetében.

2. Anyag és módszer

2.1 Tehénpopuláció, tartástechnológia, adatok és vizsgált tulajdonságok

A vizsgálat során összesen 15032 holstein-fríz tehén adatait használtuk fel. Az állomány 6 hazai telepről származott, és 666 tenyészbika valamint 11787 tehén ivadékait foglalta magába, amelyek 2008 és 2018 között születtek Magyarországon (1. táblázat).

A teheneket kötetlen tartásban helyezték el, amelyben közös pihenőter, vagy pihenőbox is rendelkezésre állt. Az állatok fejését fejőházban vagy automata fejőrendszerrel végezték. A takarmányozás TMR (komplett takarmányadag) rendszer szerint történt. A TMR alapját kukoricaszilázs vagy egyéb silózott takarmánynövények képezték, amelyeket fehérje-, ásványi anyag- és vitaminkészítményekkel egészítettek ki. A napi takarmányadagokat a tehén napi tejtermelése, kondíciója és laktációs állapota alapján állították össze. Az állatok fenotípusos teljesítményadatait a Holstein-fríz Tenyésztők Egyesületének adatbázisából nyertük. A termelési tulajdonságokat a tehenek első laktációjának 305 napos sztenderd laktációja alapján értékeltük az INTERBULL előírásai szerint (INTERBULL 2001). Ezek a következők voltak: tejtermelés (MY), tejsírtermelés (FY), tejfehérje termelés (PY).

1. táblázat: Vizsgálati alapadatok

Alapadat (1)	Érték (2)
A vizsgált tehenek születési éve (3)	2008–2018
Tehén születési évszaka (hónap) (4)	
- tél (december + január + február) (5)	3207
- tavasz (március + április + május) (6)	6680
- nyár (június + július + augusztus) (7)	3711
- ősz (szeptember + október + november) (8)	1434
Tenyészetek száma (9)	6
Tehenek száma (10)	15032
Vizsgált bikák száma (tehenek apja) (11)	666
Bikák születési éve (12)	1997–2015
Átlagos utódcsoporthoz mérete bikánként (13)	22,57
Vizsgált anyák száma (tehenek anyja) (14)	11787
Anyák születési éve (15)	1996–2017

Table 1: Structure of the evaluated Holstein-Friesian herds in the database

starting parameters (1); value (2); period of testing according to cow year born (3); birth season (month) of cow (4); winter (December + January + February) (5); spring (March + April + May) (6); summer (June + July + August) (7); autumn (September + October + November) (8); number of herds (9); number of cows (10); number of sires tested (sire of cow) (11); birth year of sires (12); average female progeny (cow) per sire (13); number of dams tested (dam of cow) (14); birth date of dams (15)

Csak olyan tehének adatait vontuk be az elemzésbe, amelyek tejtermelése 5 000 és 18000 kg között alakult. A teljes állomány tőgyalakulását az alábbi hat lineáris tőgytulajdonságot alapul véve értékeltük: elülső tőgyfél illesztés (FU), hátulsó tőgyfél magasság (RUH), tőgyfüggesztés (CL), tőgymélység (UD), elülső bimbóhelyeződés (FTP), tőgyállomány (UT). A korábban ismertetett tíz tőgytulajdonságból ezen hat kiválasztása több szakirodalmi forrás (*Medeiros és mtsai*, 2024, *Buchanan és mtsai*, 1993, *Tilki és mtsai*, 2005, *Deng és mtsai*, 2012) alapján történt, mivel ezek befolyásolják leginkább a tejtermelést.

A pontozást minden esetben ugyanaz a bírálati szakember végezte, 1-től 9-ig terjedő lineáris skálán a HFTE küllemi bírálati szabályzata alapján (*HFTE*, 2024; *WHFF*, 2024).

2.2. Statisztikai módszerek

Vizsgálatunk során a fenotípusos adatok mellett célunk volt, hogy az egyes állatok minden egyes tulajdonságára vonatkozóan megismerjük azok genetikai képességét, azaz tenyésztértékét (BV) is. Az állatokra vonatkozó vizsgált tulajdonságok tenyésztértékét a BLUP egyedmodell (*Best Linear Unbiased Prediction*) segítségével, fix és véletlen hatások figyelembevételével becsültük. Mivel a BLUP eljáráshoz szükség van a varianciakomponensek ismeretére, ezek meghatározása a REML (*Restricted Maximum Likelihood*) módszerrel történt.

Amikor az egyes állatokra vonatkozóan minden tulajdonság esetében rendelkezésre állt a tenyésztérték, lehetőség nyílt a genetikai variancia becslésére is. A fenotípusos adatok alapján lehetőség nyílt a fenotípusos korrelációk és fenotípusos trendek vizsgálatára, míg a tenyésztértékek alapján a genetikai variancia, genetikai korrelációk, valamint a genetikai trendek elemzésére került sor. A genetikai variancia és az kovariancia ismeretében pedig kiszámítható volt a vizsgált tulajdonságok öröklődhetősége (h^2).

2.3. Leíró statisztikai elemzés

A modellalapú számításokat megelőzően meghatároztuk a vizsgált tulajdonságok leíró statisztikai mutatóit (átlag, szórás stb.). Ezeket az értékeket egyszerű leíró matematikai módszerekkel számítottuk ki az SPSS 27.0 (*IBM*, 2020) szoftver *Descriptive Statistics* moduljának alkalmazásával.

2.4. Varianciakomponensek becslése REML módszerrel

Az elemzett tulajdonságok varianciakomponenseinek és genetikai paramétereinek becslésére a maximum likelihood alapú REML módszert alkalmaztuk a DFREML 3.0 (*Meyer*, 1998) szoftver segítségével. Hasonlóan *Djedovic és mtsai* (2023) munkájához, a vizsgált tulajdonságokra gyakorolt fix hatások vizsgálatát lépésenkénti módszerrel végeztük el, így csak a statisztikailag szignifikáns hatásokat vontuk be a modellekbe. A következő tényezőket kezeltük fix hatásként: állomány (telep), a tehén születési éve, a születési évszak, valamint az életkor a küllemi bírálatkor, illetve az első elléskori életkor és a termelési tulajdonságok esetén. Az egyed (tehén) pedig véletlen hatásként került a modellekbe. A küllemi

bírálat időpontjában a tehenek életkora alapján négy csoportot hoztunk létre: 24,0–27,0, 27,1–30,0, 30,1–33,0 és 33,1–36,0 hónap. Ugyancsak négy csoportba soroltuk a teheneket első ellésük életkora alapján: 20,0–23,0, 23,1–25,0, 25,1–27,0 és 27,1–34,0 hónap.

A küllemi tulajdonságok értékelésére az 1. modellt (modell 1) alkalmaztuk, míg a termelési tulajdonságokra a 2. modellt (modell 2) használtuk a becslésekhez.

$$\text{Modell 1: } \hat{y}_{hijko} = \mu + F_h + Y_i + M_j + S_k + a_o + e_{hijko}$$

$$\text{Modell 2: } \hat{y}_{hijko} = \mu + F_h + Y_i + M_j + C_k + a_o + e_{hijko}$$

(Ahol: y_{hijko} = a megfigyelt küllem- vagy termelési tulajdonság fenotípusos értéke; μ = az összes megfigyelés átlaga; F_h = az állomány (telep) fix hatása; Y_i = a tehén születési évének fix hatása; M_j = a tehén születési évszakának fix hatása (az 1. táblázat szerint); S_k = a tehén életkorának fix hatása a küllemértékelés időpontjában; C_k = a tehén életkorának fix hatása első elléskor; a_o = az állat (tehen) véletlen hatása; e_{hijko} = a véletlen hiba.)

Jelen vizsgálat során a fent említett genetikai és környezeti tényezők hatását elemeztük a vizsgált tulajdonságokra. A genetikai variancia (σ_d^2), a környezeti variancia (σ_e^2) és a fenotípusos variancia (σ_p^2) REML módszerrel került becslésre. A genetikai és a teljes fenotípusos variancia alapján lehetőség nyílt a vizsgált tulajdonságok öröklhetőségének (h^2) becslésére, melyet az alábbi képlettel számítottunk:

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

(Ahol: h^2 = öröklődhetőség; σ_d^2 = genetikai variancia; σ_e^2 = környezeti variancia; σ_p^2 = fenotípusos variancia.)

Az alkalmazott modellek felépítését a 2. táblázat foglalja össze.

2.5. Tenyésztértékbecslés BLUP egyedmodell segítségével

A tenyésztértékek (BV) becslésére a BLUP egyedmodellt alkalmaztuk. A modellben a pedigre- és adatbázis-mátrixokat generáltuk. Az előbbi a teljes testvérek, féltestvérek, apák, anyák és nagyszülők adataiból állt, míg az utóbbi fix és véletlen hatásokból és tulajdonságokból készült. A használt BLUP egyedmodell képlete a következőképpen alakult:

$$y = Xb + Za + e$$

(Ahol „y” a megfigyelések vektora; a „b” a fix hatások vektora; az „a” a véletlen egyed hatásának vektora; az „e” a véletlen hatások vektora; az „X” és „Z” a mátrixok, amelyek a megfigyeléseket a fix és az állati hatásokhoz kapcsolják.)

Szőke és Komlósi (2000) irányelvei alapján az MTDFREML szoftvert (Boldman és mtsai, 1993) használták a BLUP egyedmodell futtatására a BV becsléséhez. Az alkalmazott MTDFREML szoftver automatikusan meghatározta a BV értékeket, amelyek a további számításokhoz az eredményfájlokból kerültek felhasználásra.

2. táblázat: A használt modellek felépítése

Paraméterek (1)	Tőgytulajdonságok (modell 1) (2)	Termelési tulajdonságok (modell 2) (3)
Random hatás (4)		
- egyed (tehén) (5)	+	+
Fix hatás (6)		
- tenyészet (7)	+	+
- tehén születési éve (8)	+	+
- tehén születési évszak (9)	+	+
- tehén elsőelléskori életkora (10)	-	+
- tehén életkora a bírálatkor (11)	+	-
Pedigree mátrix (12)		
- bika (tehén apja) (13)	+	+
- anya (tehén anyja) (14)	+	+
- teljesestvér, féltestvér (15)	+	+
- nagyszülők (16)	+	+
Vizsgált tulajdonságok (17)		
- FU	+	-
- RUH	+	-
- CL	+	-
- UD	+	-
- FTP	+	-
- UT	+	-
- MY	-	+
- FY	-	+
- PY	-	+

FU = előlő tőgyfél illesztés (18); RUH = hátulsó tőgyfél magasság (19); CL = tőgyfüggesztés (20); UD = tőgymélység (21); FTP = előlő bimbóhelyeződés (22); UT = tőgyállomány (23); MY = 305 napos laktációs termelés az első laktációban (24); FY = tejsírtermelés az első laktációban (25); PY = tejfehérje termelés az első laktációban (26); + = a modell ezt a hatást tartalmazta (27); a modell ezt a hatást nem tartalmazta (28)

Table 2. Characteristics of the used models

parameters (1); udder conformation traits (model 1) (2); production traits (model 2) (3); random effects (4); animal (cow) (5); fixed effects (6); herd (7); birth year of cow (8); birth season of cow (9); age of cow at first calving (10); age of cow at scoring (11); pedigree matrix (12); sire (sire of cow) (13); dam (dam of cow) (14); full sibs, half sibs (15); grandparents (16); examined traits (17); FU = fore udder attachment (18); RUH = rear udder height (19); CL = central ligament (20); UD = udder depth (21); FTP = front teat placement (22); UT = udder texture (23); MY = 305-day milk yield in first lactation (24); FY = 305-day milk fat yield in first lactation (25); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (26); + = the model includes this effect (27); - = the model does not include this effect (28)

2.6. Fenotípusos és genetikai korrelációk becslése

A fenotípusos korrelációs együtthatók (r_p) becslése a mért vagy értékelt adatokon, míg a genetikai korreláció (r_g) becslése a vizsgált tulajdonságok BV-jén

alapult. *Tőzsér és Komlósi* (2015) útmutatásai alapján az r_p kiszámításához a következő képletet használtuk:

$$r_p = \frac{\sum (x_i - \bar{x}) \times (y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum (x_i - \bar{x})^2 \times (y_i - \bar{y})^2}}$$

(Ahol: r_p = fenotípusos korrelációs érték; x_i = az 1. tulajdonság adatai tehén esetében; $\bar{x}$ = az 1. tulajdonság átlaga a teljes populációban; y_i = a 2. tulajdonság adatai tehén esetében; $\bar{y}$ = a 2. tulajdonság átlaga a teljes populációban.)

A genetikai korrelációs együtthatókat (r_g) a következő képlet segítségével számítottuk ki (*Tőzsér és Komlósi*, 2015) (a BV esetében a populáció átlaga nullának tekinthető):

$$r_g = \frac{\sum (BV_{\text{trait}_1}) \times (BV_{\text{trait}_2})}{\sqrt{\sum (BV_{\text{trait}_1})^2 \times (BV_{\text{trait}_2})^2}}$$

(Ahol: r_g = genetikai korrelációs érték; BV_{trait_1} = az egyed vagy apai tenyésztérteke az 1. tulajdonságban; BV_{trait_2} = az egyed vagy apai tenyésztérteke a 2. tulajdonságban.)

A tőgytulajdonságok és a termelési tulajdonságok közötti fenotípusos és genetikai korrelációs együtthatókat az SPSS 27.0 (*IBM*, 2020) szoftver használatával számítottuk ki.

2.7. Fenotípusos és genetikai trendek becslése

A vizsgált tulajdonságok fenotípusos és genetikai trendjeinek becslésére lineáris regresszió-analízist alkalmaztunk. Évenkénti átlag adatokat használtunk, amelyeket a tehén születési éve függvényében értékeltünk.

A fenotípusos trendeket a mért és értékelt tulajdonságadatok alapján számoltuk, míg a genetikai trendeket a tenyésztértekek változásai jelezték. A tenyésztértekek trendjeit apákra 1997-2015 között, a teljes populációra pedig 1996-2018 között becsültük. A függő változó (Y) a tulajdonság fenotípusos vagy tenyésztérteke átlaga, a független változó (X) a tehén születési éve volt.

A lineáris regresszió paramétereit, azaz az állandót (a), a meredekséget (b), valamint az illeszkedés minőségét (R^2) és ezek statisztikai megbízhatóságát az *Ostler és mtsai* (2005) által leírt módon határoztuk meg. Az alkalmazott lineáris regressziós modell általános alakja a következő volt:

$$Y = a + bX$$

(Ahol: Y = függő változó (fenotípusos vagy genetikai átlag); a = konstans (metszéspont az Y tengellyel); b = meredekség (a trend nagysága); X = független változó (születési év))

3. Eredmények és értékelésük

A 3. táblázatban láthatók a leíró statisztikai eredmények a vizsgált korcsoportokra, tőgy lineáris értékelési pontszámokra és termelési mutatókra vonatkozóan.

3. táblázat: A tőgy- és a termelési tulajdonságok leíró statisztikája

Tulajdonság (1)	Átlag (2)	SE	SD	CV%	Medián	Min	Max	p [#]
AGE	29.2	0.02	2.6	8.9	28.9	24.0	36.0	0.06
AFC	24.8	0.02	2.0	8.1	24.5	20.0	34.0	0.07
LAC	388.0	0.51	62.3	16.1	324.0	200.0	500.0	0.09
FU	5.7	0.01	1.6	27.3	6.0	1.0	9.0	0.17
RUH	5.4	0.01	1.1	19.5	5.0	1.0	9.0	0.21
CL	6.1	0.01	1.3	21.1	6.0	1.0	9.0	0.17
UD	6.1	0.01	1.4	22.5	6.0	1.0	9.0	0.19
FTP	5.5	0.01	1.4	25.1	6.0	1.0	9.0	0.18
UT*	5.9	0.01	1.1	18.4	6.0	2.0	9.0	0.23
MY	10179.4	15.14	1856.6	18.2	10216.0	5000.0	18000.0	0.01
FY	380.3	0.55	68.0	17.9	379.7	145.8	648.5	0.01
PY (kg)	333.1	0.46	56.4	16.9	334.1	148.5	568.8	0.01

N = 15032; *N = 10502; AGE = a tehén életkora a bírálathoz (hónap) (3); AFC = a tehén első ellés-kori életkora (hónap) (4); LAC = laktáció hossza (nap) (5); FU = elülső tőgyfél illesztés (pont) (6); RUH = hátulsó tőgyfél magasság (pont) (7); CL = függesztés (pont) (8); UD = tőgymélység (pont) (9); FTP = elülső bimbó helyeződés (pont) (10); UT = tőgyállomány (pont) (11); MY = 305 napos tejtermenysége az első laktációban (kg) (12); FY = 305 napos zsír mennyisége az első laktációban (kg) (13); PY = 305 napos fehérje mennyisége az első laktációban (kg) (14); # = Kolmogorov-Smirnov teszt (ha $p > 0.05$, a normal eloszlás igazolt) (15)

Table 3. Statistical characteristics of the data for udder conformation and production traits

N = 15032; *N = 10502; trait (1); mean (2); AGE = age of cow at conformation scoring (month) (3); AFC = age of cow at first calving (month) (4); LAC = lactation interval (day) (5); FU = fore udder attachment (score) (6); RUH = rear udder height (score) (7); CL = central ligament (score) (8); UD = udder depth (score) (9); FTP = front teat placement (score) (10); UT = udder texture (score) (11); MY = 305-day milk yield in first lactation (kg) (12); FY = 305-day milk fat yield in first lactation (kg) (13); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (kg) (14); # = Kolmogorov-Smirnov test (if $p > 0.05$, the normal distribution is confirmed) (15)

Az adatok alapján a termelési mutatók a fajta esetében megfelelőnek tekinthetők: átlagosan 10179,4 kg tej, 380,3 kg zsír és 333,1 kg fehérje egy standard, 305 napos laktáció során (*Kőrösi és mtsai*, 2024). A tőgy küllemi pontszámok (5,4–6,1) kissé az átlag (5,0) fölött vannak egy 1–9-es lineáris skálán.

A 4. táblázat összefoglalja a különböző tényezők hatását a termelési és tőgy tulajdonságokra, melyeket a REML eljárással becsültünk meg. Az eredmények szerint a hat vizsgált tényező mindegyike szignifikáns hatással volt a termelési tulajdonságokra. A tőgytulajdonságok esetében az apa (sire), a tenyészet és a születési év mindegyik tulajdonságra jelentős hatást gyakorolt. A születési évszak a tőgyfüggesztés (CL) és a tőgyállomány (UT) kivételével valamennyi tőgytulajdonságra szignifikáns hatású volt, míg az értékeléskori életkor a CL kivételével minden tulajdonságra jelentős hatást mutatott.

Az 5. táblázat tartalmazza a vizsgált tulajdonságok variancia komponenseit és az öröklődhetőségi (h^2) becsléseket, melyeket szintén a REML módszerrel határoztunk meg. A termelési tulajdonságok - tejhozam (MY), zsírtartalom (FY) és fehérjetartalom (PY) - öröklődhetőségi értékei rendre 0,34, 0,35 és 0,30 voltak.

Ezek az értékek kissé magasabbak a *Taylor és Field* (2001) által közöltekénél, illetve az *INTERBULL* (2001), valamint *Kőrösi és mtsai* (2024) által használt becsléseknél, ugyanakkor beleillenek a *Guinan és mtsai* (2024) által holstein-fríz tehenekre közöltek (0,21-0,47) tartományába.

Eredményeink alapján a vizsgált tőgytulajdonságok öröklődhetőségi (h^2) becslése 0,22 és 0,41 közötti értékeket mutatott, amely gyenge-közepes genetikai meghatározottságnak tekinthető. *Djedovic és mtsai* (2023) ennél valamivel alacsonyabb, 0,11–0,23 közötti értékeket közöltek. Eredményeink összhangban állnak *Tribout és mtsai* (2020) megállapításaival, akik 0,15–0,45 közötti h^2 értékeket publikáltak a tőgy morfológiai tulajdonságaira vonatkozóan. Hasonló tartományba esnek a *Nazar és mtsai* (2022) által közölt adatok is, akik a tőgytulajdonságokra 0,04–0,49 közötti öröklődhetőségi értékeket jelentettek.

4. táblázat: A termelési és a tőgy tulajdonságok hatásvizsgálati eredményei

Tulajdonság (1)	Faktorok (2)					
	Tehén apja (3)	Tenyészet (4)	Születési év (5)	Születési évszak (6)	Életor bírálatkor (7)	Életkor első elléskor (8)
Osztályok (9)	666	6	11	4	4	4
FU	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,05	-
RUH	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,05	p<0,05	-
CL	p<0,01	p<0,01	p<0,01	NS	NS	-
UD	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,01	-
FTP	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,01	-
UT	p<0,01	p<0,01	p<0,05	NS	p<0,01	-
MY	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,01	-	p<0,01
FY	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,01	-	p<0,01
PY	p<0,01	p<0,01	p<0,01	p<0,01	-	p<0,01

FU = elülső tőgyfél illesztés (10); RUH = hátulsó tőgyfél magasság (11); CL = tőgyfüggesztés (12); UD = tőgymélység (13); FTP = elülső bimbóhelyeződés (14); UT = tőgyállomány (15); MY = 305 napos laktációs termelés az első laktációban (16); FY = tejsírtermelés az első laktációban (17); PY = tejfehérje termelés az első laktációban (18)

Table 4. Influences on udder conformation and milk yield traits

trait (1); factors (2); sire of cow (3); herd (4); birth year of cow (5); birth season of cow (6); age at scoring (7); age at first calving (8); classes (9); FU = fore udder attachment (10); RUH = rear udder height (11); CL = central ligament (12); UD = udder depth (13); FTP = front teat placement (14); UT = udder texture (15); MY = 305-day milk yield in first lactation (16); FY = 305-day milk butterfat yield in first lactation (17); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (18)

Vizsgálatunk eredményei hasonlóak *Berry és mtsai* (2022) által az ír HF populációra becsült értékekhez is, akik az alábbi h^2 értékeket közölték: elülső tőgyfél illesztés (FU) 0,17, hátulsó tőgyfél magasság (RUH) 0,21, függesztés UC 0,11, tőgymélység (UD) 0,30, bimbóhelyeződés hátulnézetből 0,26, bimbóhelyeződés oldalnézetből 0,19, hátulsó bimbó helyeződés 0,21, valamint bimbó hossz 0,34. *Ismael és mtsai* (2022) a következő h^2 értékeket közölte: FU 0,12, elülső bimbó helyeződés (FTP) 0,06, elülső bimbó hossza 0,05, tőgymélység (UD) 0,10, hátulsó tőgyfélmagasság (RUH) 0,08, hátulsó bimbó hossza 0,03. Ezzel szemben *Khan*

és Khan (2016) valamivel magasabb értékeket jelentettek, miszerint a tőgy hosszának, szélességének, mélységének és kerületének h^2 becslései rendre 0,68, 0,66, 0,54 és 0,60 voltak. Mederios és mtsai (2024) szerint a tőgyegyensúlynak, a tőgymélységnek (UD), elülső bimbó távolságnak, hátulsó bimbó távolságnak, elülső-hátulsó bimbó távolságnak és napi tejhozamnak (MY) a h^2 értékei rendre 0,41, 0,79, 0,53, 0,40, 0,65, illetve 0,20 voltak.

A h^2 értékek közötti eltérések a mi eredményeink és néhány irodalmi adat között részben a különböző populációkból, eltérő környezeti feltételekből, valamint a fent említett apa- és állományhatásokból eredhetnek. Figyelembe véve a vizsgált tőgytulajdonságok gyenge-közepes genetikai meghatározottságát, amelyet eredményeink és az irodalmi adatok is alátámasztanak, kijelenthető, hogy a szelekciós lehetőség adott. Ezen eredmények alapján úgy véljük, hogy a holstein-fríz fajtában bizonyos tőgytulajdonságok szigorú szelekcióval tovább javíthatók, ezáltal az állomány jobban alkalmazkodhat a változó termelési körülményekhez és a korszerűbb fejési technológiákhoz.

5. táblázat: A variancia és öröklődhetőség becslés eredményei a tőgy- és a termelési tulajdonságok esetében

Tulajdonság (1)	Paraméterek (2)			
	σ_d^2	σ_e^2	σ_p^2	$h^2 \pm SE$
FU	0,56	0,84	2,40	0,23 $\pm$ 0,02
RUH	0,31	0,77	1,08	0,29 $\pm$ 0,02
CL	0,34	1,24	1,58	0,22 $\pm$ 0,02
UD	0,73	1,06	1,79	0,41 $\pm$ 0,02
FTP	0,59	1,23	1,82	0,32 $\pm$ 0,02
UT	0,26	0,92	1,18	0,22 $\pm$ 0,02
MY	819426,0	15906540,4	2410076,4	0,34 $\pm$ 0,01
FY	1163,3	2138,0	3001,3	0,35 $\pm$ 0,02
PY	655,4	1544,8	2200,2	0,30 $\pm$ 0,02

σ_d^2 = genetikai variancia (3); σ_e^2 = környezeti variancia (4); σ_p^2 = fenotípusos variancia (5); h^2 = öröklődhetőség (6); FU = elülső tőgyfél illesztés (7); RUH = hátulsó tőgyfél magasság (8); CL = függesztés (9); UD = tőgymélység (10); FTP = elülső bimbó helyeződés (11); UT = tőgyállomány (12); MY = 305-napos tejmennyiség első laktációban (13); FY = 305-napos tejszír mennyiség első laktációban (14); PY = 305-napos fehérje mennyiség első laktációban (15)

Table 5. Variance components and heritability estimates for udder conformation and milk yield traits trait (1); parameters (2); σ_d^2 = genetic variance (3); σ_e^2 = residual variance (4); σ_p^2 = phenotypic variance (5); h^2 = heritability (6); FU = fore udder attachment (7); RUH = rear udder height (8); CL = central ligament (9); UD = udder depth (10); FTP = front teat placement (11); UT = udder texture (12); MY = 305-day milk yield in first lactation (13); FY = 305-day milk butterfat yield in first lactation (14); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (15)

A 6. táblázat összefoglalja a termelési és tőgytulajdonságok közötti fenotípusos és genetikai korrelációkat. Az eredmények szerint a termelési tulajdonságok között szoros fenotípusos és genetikai korreláció mutatkozott ($r = 0,61\text{--}0,95$). Ezek az eredmények összhangban vannak a korábbi ismereteinkkel, miszerint a termelési tulajdonságok között szoros genetikai kapcsolat áll fenn (Taylor és Field, 2001).

A tejmenyiség (MY) és a tőgytulajdonságok közötti fenotípusos korrelációk (r_p) lazák voltak (-0,21 és +0,15 között). Hasonló eredményeket kaptunk a genetikai korrelációk (r_g) esetében is, amelyek mind a tenyésztétek (BV) alapján a bikákra (-0,33 és +0,12 között), mind a populáció alapú tenyésztétek alapján (-0,26 és +0,15 között) szintén lazák voltak. A vizsgált tőgytulajdonságok közötti összefüggés általában laza volt, azonban közepes pozitív korrelációt találtunk az elülső tőgyfél illesztés (FU) és a tőgymélység (UD) között ($r_p = 0,42$, $r_g = 0,50$ vagy 0,57). A FU és a tőgyállomány (UT) közötti kapcsolat közel állt a közepes szorosságúhoz ($r_p = 0,36$, $r_g = 0,33$ vagy 0,35). Eredményeink részben hasonlóak, részben eltérnek *Mederios és mtsai* (2024) által közölt genetikai korrelációktól, akik az elülső és hátulsó bimbóhelyeződés (0,54), a tőgymélység és elülső és hátulsó bimbóhelyeződés (-0,47), az elülső és hátulsó bimbóhelyeződés és az elülső bimbóhelyeződés (0,32), valamint a tőgymélység és elülső bimbóhelyeződés (-0,31) közötti genetikai korrelációkat publikálták.

Vizsgálatunkban a tejmenyiség (MY) és a vizsgált tőgytulajdonságok közötti laza, pozitív vagy negatív genetikai korreláció nem utal jelentős összefüggésre. Eredményeink eltérnek *White és Vinson* (1975) közlésétől, akik szoros kapcsolatot publikáltak a tejhozam és a tőgy mérete között. *Khan és Khan* (2016) közepes korrelációs együtthatókat publikáltak néhány tőgytulajdonság és a tejmenyiség (MY) viszonyában. Eredményeik szerint a laktációs tejmenyiség (MY) genetikai korrelációja (r_g) a tőgy hosszával, szélességével, mélységével és kerületével rendre 0,38, 0,41, 0,35, illetve 0,36 volt. A tőgy hosszának fenotípusos korrelációja (r_p) a napi tejtermeléssel az első laktációs szakaszban volt a legmagasabb (0,45), ezt követte a tőgy szélessége (0,39), a tőgy kerülete (0,31) és a tőgymélység (UD) (0,29).

Tilki és mtsai (2005) pozitív kapcsolatot találtak a laktációs tejmenyiség (MY) és az elülső-hátsó bimbó távolsága, valamint a fejés előtti tőgy pontszám között. *Deng és mtsai* (2012) a tejmenyiség (MY) és a tőgy kerülete, hossza, tőgymélység, illetve tőgykapacitás közötti korrelációt rendre 0,46, 0,64, 0,14, 0,16, illetve 0,52 értékben határozták meg. *Saleh és mtsai* (2023) erősen pozitív genetikai korrelációkat találtak a tőgy szélessége és a teljes tejhozam, valamint a laktáció tartóssága (perzisztencia) között (0,86 és 0,93). Ugyanakkor szoros negatív genetikai korrelációkat észleltek a tőgy szélessége és a csúcstejhozam, illetve a laktáció hossza között (-0,92 és -0,80), továbbá a hátulsó bimbó hossza és a csúcstejhozam (-0,92), valamint a hátulsó bimbók távolsága és a laktáció tartóssága (-0,79) között.

Ehhez a legtöbb szerző hasonló eredményeket közölt: *Buchanan és mtsai* (1993) szerint a tejhozam és a tőgytulajdonságok közötti kapcsolat laza volt. *Kruszyński és mtsai* (2013) a lengyel HF populációban a tejmenyiség (MY) és különböző tőgytulajdonságok genetikai korrelációját -0,09 és +0,30 közötti tartományban határozták meg. *Damron* (2000) szerint az r_p és r_g értékek néhány tőgytulajdonság és a tejmenyiség között a következők voltak: elülső tőgyfél illesztés (FU) -0,09 és 0,47, hátulsó tőgyfél magasság (RUH) 0,12 és -0,13, hátulsó tőgyfél szélessége 0,16 és 0,09, tőgymélység (UD) -0,27 és -0,64, függesztés (UC) 0,14 és 0,12, valamint elülső bimbó helyeződés (FTP) 0,02 és 0,12.

Bár a fentebb említett közepes vagy szorosabb korrelációs eredmények a tőgy- és termelési tulajdonságok között arra utalhatnak, hogy a termelés vál-

6. táblázat: A tőgy- és a termelési tulajdonságok közötti fenotípusos és genetikai korrelációk

r	RUH	CL	UD	FTP	UT	MY	FY	PY
Fenotípusos (r_p) (1)								
FU	+0,20*	+0,09*	+0,42*	+0,12*	+0,36*	-0,04*	-0,01	-0,03*
RUH		+0,12*	+0,10*	+0,02*	+0,17*	+0,14*	+0,11*	+0,13*
CL			+0,16*	+0,19*	+0,10*	+0,05*	+0,03*	+0,02*
UD				+0,10*	+0,18*	-0,21*	-0,17*	-0,21*
FTP					+0,19*	+0,08*	+0,09*	+0,08*
UT						+0,15*	+0,11*	+0,14*
MY							+0,76*	+0,95*
FY								+0,81*
Genetikai (bika BV alapján) (r_g) (2)								
FU	+0,18*	+0,07	+0,57*	+0,04	+0,33*	-0,18*	-0,19*	-0,18*
RUH		+0,10*	+0,11*	-0,06	+0,10*	+0,11*	+0,10*	+0,10*
CL			+0,16*	+0,09*	-0,10*	+0,02	-0,04	-0,03
UD				+0,06	+0,17*	-0,25*	-0,33*	-0,27*
FTP					+0,19*	+0,03	+0,08*	+0,05
UT						+0,12*	+0,09*	+0,07
MY							+0,62*	+0,89*
FY								+0,68*
Genetikai (teljes populáció BV alapján) (r_g) (3)								
FU	+0,20*	+0,08*	+0,50*	+0,09*	+0,35*	-0,12*	-0,12*	-0,12*
RUH		+0,11*	+0,12*	-0,02*	+0,14*	+0,15*	+0,12*	+0,13*
CL			+0,16*	+0,10*	-0,08*	+0,07*	-0,01*	+0,02*
UD				+0,11*	+0,18*	-0,21*	-0,26*	-0,23*
FTP					+0,20*	+0,01*	+0,06*	+0,03*
UT						+0,11*	+0,11*	+0,09*
MY							+0,61*	+0,90*
FY								+0,69*

* $p < 0,01$; * $p < 0,05$; BV = tenyésztérték (4); FU = elülső tőgyfél illesztés (5); RUH = hátulsó tőgyfél magasság (6); CL = függesztés (7); UD = tőgymélység (8); FTP = elülső bimbó helyeződés (9); UT = tőgyállomány (10); MY = 305-napos tejmenyiség első laktációban (11); FY = 305-napos tejsír mennyiség első laktációban (12); PY = 305-napos fehérje mennyiség első laktációban (13)

Table 6. Phenotypic and genetic correlations between udder conformation and production traits phenotypic (r_p) (1); genetic (based on BV of sires) (r_g) (2); genetic (based on BV of entire population) (r_g) (3); BV = breeding value (4); FU = fore udder attachment (5); RUH = rear udder height (6); CL = central ligament (7); UD = udder depth (8); FTP = front teat placement (9); UT = udder texture (10); MY = 305-day milk yield in first lactation (11); FY = 305-day milk butterfat yield in first lactation (12); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (13)

tozásával együtt a tőgy is változhat, ezt tanulmányunk eredményei és néhány irodalmi adat nem támasztják alá egyértelműen. Véleményünk szerint további kutatások szükségesek e kapcsolatok tisztázására. Megfigyeléseink a termelés és a tőgytulajdonságok közötti összefüggésekről, valamint a szakirodalmi adatok

együttesen felhívják a figyelmet arra, hogy a tejhozam javítását célzó szelekció során óvatosan kell eljárni azon tőgyparaméterek esetében, melyek negatív összefüggést mutatnak a termeléssel.

Tanulmányunkban a vizsgált különböző tőgytulajdonságok közötti összefüggések általában lazák voltak, azonban közepes szorosságú, pozitív kapcsolatot figyeltünk meg az elülső tőgyfél illesztés (FU) és a tőgymélység (UD) között ($r_p = 0,42$; $r_g = 0,50$ illetve $0,57$). Az elülső tőgyfél illesztés (FU) és a tőgyállomány (ÜT) közötti kapcsolat közepes értékekhez közelített ($r_p = 0,36$; $r_g = 0,33$ illetve $0,35$). Eredményeink részben hasonlóak, részben eltérnek Medeiros és mtsai (2024) által közlőktől, akik az elülső és hátulsó bimbók távolsága közötti genetikai korrelációt $0,54$ -re, a tőgymélység (UD) és az elülső-hátulsó bimbók távolságát $-0,47$ -re, az elülső-hátulsó bimbó távolság és az elülső bimbó távolságát $0,32$ -re, valamint a tőgymélység és az elülső bimbó távolságát $-0,31$ -re becsülték.

A tőgytulajdonságok közötti korrelációs eredmények, valamint a szakirodalmi hivatkozások alapján azt feltételezhetjük, hogy a legjelentősebb kapcsolat az elülső tőgyfél illesztés (FU) és a tőgymélység (UD) között áll fenn. Ez azt jelenti, hogy amennyiben a szelekció során az elülső tőgyfél illesztés (FU) javítására törekszünk, egyidejűleg javítható a tőgymélység (UD) is, és fordítva. Ennek megfelelően javasoljuk, hogy a pozitív korrelációban álló tőgytulajdonságokat kiválthatjuk az eddigi szelekciós kritériumok közül, helyettük új, fontosabb tulajdonságokat vezessünk be.

A 7. táblázat a tőgy- és termelési tulajdonságok trendbecslésének eredményeit mutatja be. Az előzőekben ismertetett fenotípusos trend alapján a vizsgált hat tőgytulajdonság esetében enyhe csökkenés figyelhető meg ($b = -0,07$ – $-0,01$), kivéve az elülső bimbóhelyeződést (FTP), amely változatlan maradt ($b = 0,00$). A genetikai trendek mindig nulla és pozitív tartományban mozogtak ($b = 0,00$ – $0,03$). Az eredmények alapján a fenotípusos és genetikai trendek egyaránt nullához közeli vagy nagyon kismértékű változásokat jeleznek, amelyek a tízéves időtávlatban gyakorlatilag elhanyagolhatók. A táblázat adatai jelentős növekedést mutatnak a termelési tulajdonságokban a vizsgált tízéves időszak alatt. A fenotípusos növekedés ($b = 1,6$ – $42,3$) minden esetben meghaladja a genetikai hatásból eredő növekedést ($b = 0,2$ – $16,5$), bár utóbbi mindhárom tulajdonság esetében szignifikáns volt.

A genetikai trendek vizsgálatakor a termelési tulajdonságok növekedését tapasztaltuk, ugyanakkor a vizsgált tőgytulajdonságokban nem következett be jelentős változás ($b = 0,00$ – $0,03$). Eredményeink részben hasonlóak, részben eltérnek Theron és Mostert (2004) közleményétől, akik dél-afrikai HF állományban emelkedő genetikai trendeket írtak le a legtöbb tőgytulajdonságra, kivéve a bimbók hosszát, illetve enyhe növekedést a tőgymélység (UD) esetében. Dube és mtsai (2008) pozitív genetikai trendeket közöltek a tőgymélység, a hátulsó bimbóhelyeződés és az elülső bimbóhelyeződés (FTP) esetében, míg az elülső tőgyfél illesztés (FU) és a hátulsó tőgyfél magasság (RUH) negatív genetikai trendet mutatott. Ismael és mtsai (2022) a legtöbb tőgytulajdonságban emelkedő genetikai trendet mutattak ki ($b = 0,26$ – $0,32$) kivéve az elülső tőgyfél illesztés (FUA, $b = -0,089$) és a hátulsó tőgyfél magasságot (RUH, $b = -0,062$), amelyek enyhe csökkenést mutattak.

Az előzőek alapján megállapítható, hogy a vizsgált tőgytulajdonságok genetikai

7. táblázat: A tőgy-és a termelési tulajdonságok becsült trendje

Trend	Y	Merekség (1)			Konstans (2)			Illeszkedés(3)	
		b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
FU									
- P	aP	-0,04	0,01	<0,01	87,44	23,54	<0,01	0,57	<0,01
- GSB	aBV	+0,02	0,00	<0,01	-33,83	8,61	<0,01	0,46	<0,01
- GAB	aBV	+0,00	0,00	<0,01	-9,56	2,69	<0,01	0,38	<0,01
RUH									
- P	aP	-0,04	0,01	<0,05	75,92	26,02	<0,05	0,45	<0,05
- GSB	aBV	+0,01	0,00	<0,01	-24,52	7,51	<0,01	0,39	<0,01
- GAB	aBV	+0,00	0,00	<0,01	-8,05	2,01	<0,01	0,44	<0,01
CL									
- P	aP	-0,00	0,01	NS	15,04	25,60	NS	0,02	NS
- GSB	aBV	-0,00	0,00	<0,10	9,13	4,67	<0,10	0,18	<0,10
- GAB	aBV	+0,00	0,00	NS	-2,00	1,46	NS	0,09	NS
UD									
- P	aP	-0,07	0,02	<0,01	155,86	34,04	<0,01	0,68	<0,01
- GSB	aBV	+0,03	0,01	<0,01	-56,73	9,82	<0,01	0,64	<0,01
- GAB	aBV	+0,01	0,00	<0,01	-19,39	4,30	<0,01	0,49	<0,01
FTP									
- P	aP	+0,00	0,01	NS	2,61	24,59	NS	0,00	NS
- GSB	aBV	+0,02	0,01	<0,01	-38,54	11,71	<0,01	0,38	<0,01
- GAB	aBV	+0,01	0,00	<0,01	-17,66	3,15	<0,01	0,60	<0,01
UT									
- P	aP	-0,02	0,01	NS	55,66	37,21	NS	0,23	NS
- GSB	aBV	+0,01	0,00	<0,01	-23,45	4,94	<0,01	0,54	<0,01
- GAB	aBV	+0,00	0,00	<0,01	-5,70	1,20	<0,01	0,53	<0,01
MY									
- P	aP	+42,3	24,8	NS	-74870,7	49850,5	NS	0,25	NS
- GSB	aBV	+16,5	6,2	<0,05	-32974,8	12517,8	<0,05	0,29	<0,05
- GAB	aBV	+5,5	2,3	<0,05	-10968,5	4522,3	<0,05	0,24	<0,05
FY									
- P	aP	+2,2	0,6	<0,01	-3993,3	1161,8	<0,01	0,61	<0,01
- GSB	aBV	+0,5	0,3	<0,10	-989,9	526,1	<0,10	0,18	<0,10
- GAB	aBV	+0,3	0,1	<0,01	-530,2	168,7	<0,01	0,32	<0,01
PY									
- P	aP	+1,6	0,8	<0,10	-2980,9	1696,0	NS	0,30	<0,10
- GSB	aBV	+0,5	0,2	<0,05	-986,6	401,5	<0,05	0,27	<0,05
- GAB	aBV	+0,2	0,1	<0,01	-400,8	114,2	<0,01	0,39	<0,01

NS = nem szignifikáns (4); FU = elülső tőgyfél illesztés (5); RUH = hátulsó tőgyfél magasság (6); CL = függesztés (7); UD = tőgymélység (8); FTP = elülső bimbó helyeződés (9); UT = tőgyállomány (10); MY = 305 napos első laktációs tejmenyiség (11); FY = 305 napos első laktációs tejszír mennyiség (12); PY = 305 napos első laktációs tejfehérje mennyiség (13); P = fenotípusos trend (14); GSB = bikák tenyésztékén alapuló genetikai trend (15); GAB = vizsgált populáció tenyésztékén alapuló genetikai trend (16); aP = tulajdonság átlagos fenotípusos értéke (17); aBV = átlag tenyészték (18)

Table 7. Results of the trend estimation for the udder conformation and production traits slope (1); intercept (2); fitting (3); NS = not significant (4); as in Table 6 (5-13); P = phenotypic trend (14); GSB = genetic trend based on BV of sires (15); GAB = genetic trend based on BV of entire population (16); aP = average phenotypic data of the trait (17); aBV = average BV (18)

trendjeiben időbeli változás nem figyelhető meg. Megállapításunk szerint a tejtermelés egyidejű javítását célzó genetikai szelekció, amely a szelekciós indexben szereplő néhány tőgytulajdonságot is érintette, kizárólag a tejhozam növekedését eredményezte, a tőgytulajdonságokban nem vezetett változáshoz. Ez felhívja a figyelmet a szelekciós eljárás módosításának szükségességére. Ezért több további szempontot kell vizsgálni és tisztázni annak érdekében, hogy a holstein-fríz fajta tőgytulajdonságainak javítása eredményesebb legyen, amennyiben a tenyésztők részéről erre igény mutatkozik.

5. Következtetések

Eredményeink, amelyek összhangban állnak a szakirodalom több korábbi megállapításával, azt mutatják, hogy a tejtermelési és a tőgytulajdonságok genetikai meghatározottsága, azaz az öröklődhetősége hasonló nagyságrendű. Ez arra utalhat, hogy mindkét tulajdonságcsoporthoz a párhuzamos szelekció eredményeként változik.

Ugyanakkor a tejhozam és a tőgytulajdonságok közötti kapcsolat többségében lazának bizonyult. Továbbá, a vizsgált tízéves időszak alatt a tejhozam növekedése ellenére a tőgytulajdonságokban nem következett be jelentős változás.

Mivel a tőgytulajdonságok szerepelnek a szelekciós indexben, a kapott eredmények alapján indokoltnak tartjuk a tőgy értékelési rendszerének felülvizsgálatát, valamint a szelekciós index módosítását.

A tőgytulajdonságok nemcsak a termelési tulajdonságokra, hanem a hasznos élettartamra és az élettartam alatti tejtermelésre is hatással lehetnek. Véleményünk szerint ezért célszerű lenne a tőgyparamétereket a hasznos élettartammal és egyéb funkcionális tulajdonságokkal összefüggésben is vizsgálni.

Mivel a vizsgált tőgytulajdonságokat mind a tenyészérték alapján, mind a környezeti hatások miatt jelentősen befolyásolta az apa és az állomány, úgy véljük, hogy van szelekciós lehetőség a tőgytulajdonságok fejlesztésére. Ezért javasoljuk, hogy a Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete vizsgálja felül a tőgy bírálati rendszerét, és törekedjen annak modernizálására.

6. Köszönetnyilvánítás

„A 2023-2.1.2-KDP-2023-00017 számú projekt a Kulturális és Innovációs Minisztérium Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból nyújtott támogatásával, a KDP-2023. pályázati program finanszírozásában valósult meg.”

7. Felhasznált irodalom

- Association of Hungarian Holstein Breeders (AHHB). Available online: <https://www.holstein.hu>
- Atkins, G. - Shannon, J. - Muir, B. (2008): Using conformational anatomy to identify functionality and economics of dairy cows. *WCDS Adv. Dairy Technol.*, 20. 279–295.
- Beard, J. K. - Musgrave, J. A. - Funston, R. N. - Mulliniks, J. T. (2019): The effect of cow udder score on cow/calf performance in the Nebraska Sandhills. *Transl. Anim. Sci.*, 3. 14–19. <https://doi.org/10.1093/tas/txz006>

- Berry, D. P. - Ring, S. C. - Kelleher, M. M. (2022): Linear type trait genetic trends in Irish Holstein-Friesian dairy animals. *Ir. J. Agric. Food Res.*, 61. 322–331. <https://doi.org/10.15212/ijaf-2022-0105>
- Bharti, P. - Bhakat, C. - Pankaj, P. K. - Bhat, S. A. - Prakash, M. A. - Thul, M. R. - Japheth, K. P. (2015): Relationship of udder and teat conformation with intra-mammary infection in crossbred cows under hot-humid climate. *Vet. World*, 8. 898–901. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2015.898-901>
- Bognár, L. - Szabó, F. (2023): Management of “modern” Holstein cows focusing on sustainability and resilience - Review of recent achievements. *Chem. Eng. Trans.*, 107, 169–174. <https://doi.org/10.3303/CET23107029>
- Boldman, K. G. - Kriese, L. A. - Van Vleck, L. D. - Kachman, S. D. (1993): A Manual for Use of MTDFREML - In A Set of Programs to Obtain Estimates of Variances and Covariances - USDA-ARS: Clay Center, NE, USA. Available online: <https://zzlab.net/MTDFREML/index.html#>
- Buchanan, D. S. - Clutter, A. C. - Northchutt, S. L. - Pomp, D. (1993): Animal Breeding: Principle and Application, 4th ed. - Oklahoma State University: Stillwater, OK.
- Carlström, C. - Strandberg, E. - Johansson, K. - Pettersson, G. - Stalhammar, H. - Philipsson, J. (2016): Genetic associations of in-line recorded milk ability traits and udder conformation with udder health. *Acta Agric. Scand. Sect. A Anim. Sci.*, 66. 84–91. <https://doi.org/10.1080/09064702.2016.1260154>
- Cielava, L. - Jonkus, D. - Paura, L. (2016): Effect of conformation traits on longevity of dairy cows in Latvia. *Res. Rural Dev.*, 1. 43–49. https://lufb.ltu.lv/conference/Research-for-Rural-Development/2016/LatviaResRuralDev_22nd_vol1.pdf
- Darmon, W. S. (2000): Introduction to Animal Science: Global, Social and Industry Perspectives - Prentice-Hall Inc.: Upper Saddle River, NJ, USA. 167.
- De Koning, K. (2011): Automatic milking - A common practice on dairy farms. In Proceedings of the First North American Conference on Precision Dairy Management, Toronto, ON, Canada, 2–5 March 2010 - Omnipress: Madison, WI, USA, 52–67. Available online: <http://www.precisiondairy.com/proceedings/s3dekoning.pdf>
- Deng, M. P. - Badri, T. M. - Atta, M. - Hamad, M. E. (2012): Relationship between udder dimensions and milk yield of Kenana × Friesian crossbred cows. *Res. Opin. Anim. Vet. Sci.*, 2. 49–54.
- Djedović, R. - Vukasinović, N. - Stanojević, D. - Bogdanović, V. - Ismael, H. - Janković, D. - Gligović, N. - Brka, M. - Štrbac, L. (2023): Genetic parameters for functional longevity, type traits, and production in the Serbian Holstein. *Animals*, 13. 534. <https://doi.org/10.3390/ani13030534>
- Dominguez-Castaño, P. - Fortes, M. - Tan, W. L. A. - Toro-Ospina, A. M. - Silva, J. A. (2024): Genome-wide association study for milk yield, frame, and udder-conformation traits of Gir dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 107. 11127–11138. <https://doi.org/10.3168/jds.2024-24648>
- Dube, B. - Dzama, K. - Banga, C. B. - Norris, D. (2009): An analysis of the genetic relationship between udder health and udder conformation traits in South African Jersey cows. *Animal*, 3. 494–500. <https://doi.org/10.1017/S175173110800390X>
- Dube, B. - Dzama, K. - Banga, C. B. (2008): Genetic analysis of somatic cell score and udder type traits in South African Holstein cows. *S. Afr. J. Anim. Sci.*, 38. 1–11. <https://doi.org/10.4314/sajas.v38i1.4102>
- Elischer, M. (2014): History of Dairy Cow Breeds: Holstein - Michigan State University Extension: Howell, MI, USA.
- Getu, A. - Misganaw, G. (2015): The role of conformational traits on dairy cattle production and their longevity. *Open Access Libr. J.*, 2. e1342. <https://doi.org/10.4236/oalib.1101342>
- Guinan, F. L. - Fourdraine, R. - Peñagaricano, F. - Weigel, K. (2024): Genetic parameters for daily milk weights in U.S. Holsteins using pen-based contemporary groups. *Interbull Bull.*, 60. 1–7. <https://journal.interbull.org/index.php/ib/arti-cle/view/1939/1918>
- Gutiérrez-Reinoso, M. A. - Aponte, P. M. - García-Herreros, M. (2023): Genomic and phenotypic udder evaluation for dairy cattle selection: A review. *Animals*, 13. 1588. <https://doi.org/10.3390/ani13101588>

- Haas, Y. - Janss, L. L. G. - Kadarmideen, H. N. (2007): Genetic and phenotypic parameters for conformation and yield traits in three Swiss dairy cattle breeds. *J. Anim. Breed. Genet.*, 124. 12–19. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00630.x>.
- Hillerton, J. E. (szerk.) (2010): VetLearn: Wellington, New Zealand, - 230–234. <https://re-search.wur.nl/en/publications/risk-factors-for-udder-health-when-milking-with-an-automatic-milk>
- Holloway, L. - Bear, C. (2017) Bovine and human becomings in histories of dairy technologies: robotic milking systems and remaking animal and human subjectivity. *BJHS Themes*, 2, 215–234. <https://doi.org/10.1017/bjt.2017.2>
- Hovinen, M. - Pyörälä, S. (2011): Invited review: Udder health of dairy cows in automatic milking. *J. Dairy Sci.*, 94. 547–562. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3556>
- Huntley, S. J. - Cooper, S. - Bradley, A. J. - Green, L. E. (2012): A cohort study of the associations between udder conformation, milk somatic cell count, and lamb weight in suckler ewes. *J. Dairy Sci.*, 95. 5001–5010. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-5369>
- IBM Corporation (2020): IBM SPSS Statistics for Windows, version 27.0 - IBM Corporation: Armonk, NY, USA.
- Meyer, K. (1998): DFREML, version 3.0 - User Notes. <http://didgeridoo.une.edu.au/km/StuffToDownload/DFREML/DFREMLmanual.pdf>
- Interbull Guidelines for National & International Genetic Evaluation Systems, in *Dairy Cattle, with Focus on Production Traits* (2001) <https://www.icar.org/wp-content/uploads/2015/08/interbull-guidelines-20011.pdf>
- Ismael, H. - Djedović, R. - Bogdanović, V. - Stanojević, D. - Trivunović, S. - Janković, D. - Stamenić, T. (2022): Genetic and phenotypic trends for udder traits and angularity of Holstein Friesian cows. *J. Anim. Plant Sci.*, 32. 1176–1184. <https://doi.org/10.36899/JAPS.2022.5.0523>
- Khan, M. A. - Khan, M. S. (2016): Genetic parameters of udder traits and their relationship with milk yield in Sahiwal cows of Pakistan. *J. Anim. Plant Sci.*, 26. 880–886. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/pdf/10.5555/20163305822>
- Khmelnychyi, L. - Khmelnychyi, S. - Samokhina, Y. - Rubtsov, I. (2022): Lifespan of cows of dairy cattle depending on the udder linear traits evaluation. *Sci. Pap. Ser. Manag. Ec.*, 22. 313–321. https://managementjournal.usamv.ro/pdf/vol.22_4/Art34.pdf
- Kőrösi, Z. J. - Bognár, L. - Bene, Sz. - Szabó, F. (2024): The role of the conformation of Holstein cows in the sustainability of milk production. *Chem. Eng. Trans.*, 114. 745–750. <https://doi.org/10.3303/CET2411412>
- Kőrösi, Z. J. - Holló, G. - Bene, Sz. - Bognár, L. - Szabó, F. (2024): Association of production and selected dimensional conformation traits in Holstein-Friesian cows. *Animals*, 14. 2753. <https://doi.org/10.3390/ani14182753>
- Kruszyński, W. - Pawlina, E. - Szewczuk, M. (2013): Genetic analysis of values, trends and relations between conformation and milk traits in Polish Holstein-Friesian cows. *Arch. Anim. Breed.*, 52. 536–546. <https://doi.org/10.7482/0003-9438-56-052>
- Medeiros, G. C. - Ferraz, J. B. S. - Pedrosa, V. B. - Chen, S. Y. - Doucette, J. S. - Boerman, J. P. - Brito, L. F. (2024): Genetic parameters for udder conformation traits derived from Cartesian coordinates generated by robotic milking systems in North American Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, 107. 7038–7051. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24208>
- 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. <https://doi.org/10.3390/ani12192542>
- Neijenhuis, F. - Heinen, J. W. G. - Hogeveen, H. (2010): Risk factors for udder health when milking with an automatic milking system. In *Mastitis Research into Practice*, Proceedings of the 5th IDF Mast. Conf., Christchurch, New Zealand, 21–24 March 2010.
- Ostler, S. - Fries, R. - Emmerling, R. - Götz, K. U. - Aumann, J. - Thaller, G. (2005): Investigation of determinants for the genetic progress in the Bavarian Fleckvieh. *Züchtungskunde*, 77. 341–357.

- Saleh, A. A. - Easa, A. A. - EL-Hedainy, D. K. - Rashad, A. M. A. (2023): Prediction of some milk production traits using udder and teat measurements with a spotlight on their genetic background in Friesian cows. *Sci. Rep.*, 13. 16193. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-43398-y>
- Shanks, R. D. - Rooney, K. A. - Hutjens, M. F. (1983): Breeding practices on Illinois Holstein farms. *J. Dairy Sci.*, 66. 1209–1217. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(83\)81921-3](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(83)81921-3)
- Short, T. H. - Lawlor, T. (1992): Genetic parameters of conformation traits, milk yield, and herd life in Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 75. 1987–1998. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(92\)77958-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(92)77958-2)
- Sørensen, M. K. - Jensen, J. - Christensen, L. G. (2000): Udder conformation and mastitis resistance in Danish first-lactation cows: Heritabilities, genetic and environmental correlations. *Acta Agric. Scand. Sect. A Anim. Sci.*, 50. 72–82. <https://doi.org/10.1080/09064700412331312311>
- Szőke, Sz. - Komlósi, I. (2000): Comparison of BLUP models. *Hung. J. Anim. Prod.*, 49. 231–246. https://real-j.mtak.hu/14114/3/allattenyesztes_2000_49_3.pdf
- Taylor, R. E. - Field, T. G. (2001): *Scientific Farm Animal Production*, 7th ed. - Prentice-Hal Inc.: Upper Saddle River, NJ, USA.
- Theron, H. E. - Mostert, B. E. (2004): Genetic analyses for conformation traits in South African Jersey and Holstein cattle. *S. Afr. J. Anim. Sci.*, 34. 47–49. <https://doi.org/10.4314/sajas.v34i6.3828>
- Tilki, M. - Inal, S. - Colak, M. - Garik, M. (2005): Relationships between milk yield and udder measurements in Brown Swiss cows. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*, 29. 75–81.
- Tőzsér, J. - Komlósi, I. (2015): Breeding value estimation. In Szabó, F. (szerk.): *General Animal Husbandry*. Mezőgazda Publisher: Budapest, Hungary, 160–163. ISBN: 978-963-286-711-3.
- Tribout, T. - Croiseau, P. - Lefebvre, R. - Barbat, A. - Boussaha, M. - Fritz, S. - Boichard, D. - Hoze, C. - Sanchez, M. P. (2020): Confirmed effects of candidate variants for milk production, udder health, and udder morphology in dairy cattle. *Genet. Sel. Evol.*, 52. 55. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00575-1>
- White, J. M. - Vinson, W. E. (1975): Relationships among udder characteristics, milk yield, and nonyield traits. *J. Dairy Sci.*, 58. 729–738. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(75\)84635-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(75)84635-2)
- Workshops to Harmonize International Classification* - World Holstein Friesian Federation (2024). Cremona, Italy. <https://www.google.com/search?client=firefox-b-d&q=+World+Holstein+Friesian+Federation>

Érkezett: 2025. október

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

Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete

Authors' address: National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders

H-1134 Budapest, Lőportár u. 16.

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.

Húshasznú szarvasmarha gulya legelésének komplex vizsgálata precíziós eszközökkel – előtanulmány

A pilot study on the complex examination of beef cattle grazing with precision tools

BALOGH Petra – BABAY-TÖRÖK Barbara – BISZKUP Miklós – PAJOR Gábor - STIBINGER Éva - MÁRTON Aliz

ÖSSZEFOGLALÁS

Kutatásunk során (2021-2023) kereskedelmi forgalomban kapható, intenzíven tejelő szarvasmarhák számára fejlesztett érzékelők alkalmazhatóságát vizsgáltuk legelőre alapozott tartástechnológia esetén, 120 db eltérő laktáció számú, tavaszi ellésű charolais tehén és 3 db tenyészbika bevonásával. A precíziós mérések mellett sor került az időjárás szenzoros monitorozására, az állatok közvetlen, személyes megfigyelésére és a Natura 2000 besorolású legelő vegetációjának botanikai vizsgálatára. Jelen munkánkban a 2021-es legeltetési szezonban gyűjtött adatok elemzéseit, korrelációs összefüggéseit mutatjuk be. Vizsgálataink alapján a legelő húshasznú szarvasmarhák szenzoros megfigyelése lehetőséget ad a hőstressz mértékének, az állatok napi kérődzési- és takarmány-felvételi ritmusának megfigyelésére, melyekből az állatok jóllétére, egészségi állapotára következtethetünk, továbbá a legelőváltás optimális ideje is tervezhetővé válik. A tejelő tehenészetekben használt érzékelők az extenzív húsmarhatartás napi gyakorlatába is eredményesen beilleszthetők.

Kulcsszavak: precíziós állattenyésztés, PLF, legeltetett húsmarha, állatjóllét, Natura 2000

Summary

Objective: Between 2021 and 2023, our research focused on assessing the adaptability of commercially available sensors — originally developed for high-yielding dairy cattle — under pasture-based beef farming conditions.

Methods: This paper presents the analysis and correlation of data collected during the 2021 grazing season. The study involved 120 spring-calving Charolais cows at different stages of lactation, together with three breeding bulls. In addition to precision livestock measurements, the research also incorporated weather monitoring through sensors, direct animal observations, and a botanical survey of vegetation on the Natura 2000 pasture areas.

Results: The pasture under study was of medium species diversity and partly suitable for beef cattle grazing; however, grass cover did not reach the expected level, and significant shrub encroachment markedly reduced its grazing potential. Sensors originally developed for dairy farming can be successfully integrated into the daily management of extensive beef systems, provided they are applied with appropriate professional expertise. Our findings indicate that sensor-based monitoring of pasture-raised beef cattle offers valuable insights into heat stress levels, as well as daily rumination and feeding patterns. These parameters can be used to evaluate animal welfare and health status and to support the planning of optimal pasture rotation.

Conclusions: Both overgrazing and under grazing pose challenges; therefore, for long-term sustainability it is essential to monitor both the pasture and the grazing animals, and to develop a precise grazing plan based on the information collected. The study highlights that environmental factors – particularly temperature and the temperature–humidity index (THI) – significantly affect cattle behaviour and physiological state: on warmer days animal activity increased, resting time decreased, and rumination behaviour was modified. Sensor data can be used to optimise pasture utilisation, thereby supporting sustainable farming and animal welfare. Although severe heat stress did not occur, the THI influenced behaviour even during the spring months. Precision tools also contribute to the careful management of conservation grasslands, as they can provide timely alerts for necessary interventions in grazing, feed supply, and animal health.

Keywords: precision livestock farming, PLF, pasture-based beef cattle, animal welfare, Natura 2000

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

Az állati termékek rendszeres fogyasztása különösen a gyermekek, a várandós nők és az idősebb korosztályok számára fontos, mivel nemcsak a megfelelő aminosav ellátásunkhoz nélkülözhetetlen, hanem számos mikro-, makroelem és vitamin (A, B, D, E, K stb.) forrása. Ezekhez a tápanyagokhoz a növényi eredetű táplálékokból nem, vagy csak csekély mértékben jutunk hozzá (Murphy és Allen, 2003). A legelőre alapozott húsmarhatartás az emberiség minőségi fehérjeellátásának az egyik legfenntarthatóbb alapja. Melynek nagy előnye, hogy olyan területeken is végezhető, amelyek szántóföldi művelésre alkalmatlanok, ilyenek például a láp és mocsárrétek (Szabó és mtsai, 1999). A várhatóan egyre nagyobb gazdasági és természeti értéke mellett kiemelt szerepet játszik a természetes tájképek, a gyepterületek kultúrállapotának fenntartásában, valamint a biodiverzitás megőrzésében (Horn és Stefler, 2017; Penksza és mtsai, 2009; Szentes és mtsai, 2007a, 2008, 2009a). Nem elhanyagolható a hagyományos állatfajták megőrzésében betöltött szerepe sem (Kárpáti és mtsai, 2023). A legeltetés során az állatok trágyája tápanyag-utánpótlást biztosít a talaj számára, javítva annak termékenységét és szerkezetét. Fontos azonban a megfelelő legeltetési intenzitás fenntartása, mivel a túllegeltetés károsíthatja a növényzetet és talajerózióhoz vezethet, míg az alullelegeltetés a gyeperjedését okozhatja (Szabó és mtsai, 2010, 2011, 2021; Magyar és mtsai, 2017; Szentes és mtsai, 2007ab, 2008, 2009ab, 2011; Kiss és mtsai, 2011).

A nagytestű húsmarha fajták, mint a charolais, a szárazabb gyepeken növelhetik a fajszámot, míg nedvesebb fekvésű területen fokozott taposásuk miatt fajszám csökkenést okozhatnak (Kovácsné és mtsai, 2018; Czeglédi és mtsai, 2002). A legeltetési állattartás pozitív környezeti hatásai csak szakszerű gazdálkodás mellett érvényesülnek (Teague és Kreuter, 2020). A legelőre alapozott húsmarhatartás eredményességét legfőképp a gyepterminésének mennyisége és minősége, azaz összetétele határozza meg (Nagy és Tasi, 2017). Gyepeink hozamában azonban hosszútávon csökkenés várható (Szabó és mtsai, 2020), valamint a C₄-es fotoszintézisű pázsitfűvek felszaporodása (Wittmer és mtsai, 2010), mint például a szürke fenyérfű (*Bothriochloa ischaemum* L.) (Szentes és mtsai, 2012), a közönséges csillagpázsit (*Cynodon dactylon*) (Kiss és mtsai, 2011) és a kései perje (*Cleistogenes serotina*) (Szigetvári 2002) terjedése, melyek a C₃-as fajokénál rosszabb takarmányértékűek, ezért törekedni kell a meglévő gyeptakarmány minél hatékonyabb hasznosítására a lehető legkisebb élőmunka igény mellett. Ebben nagy szerep jut az állattenyésztés területén világszerte teret hódító digitális technológiák alkalmazásának. Ezen rendszerek hazánkban a legeltetett állattartás területén még általánosan nem terjedtek el, de a Digitális Agrárstratégia megvalósítása komoly potenciált jelent a nemzetközi trendekhez történő közeledésben, a digitalizáció szintjének emelésével (Szabó, 2019). A növekvő termelés mellett a fenntarthatóság és a környezeti terhelés csökkentése érdekében jelentős eredmények érhetők el ezen technológiák használatával (Erdeiné, 2020; Popp és mtsai, 2018). Az extenzív, legeltetési állattartás számára is egyre több precíziós eszköz áll rendelkezésre. Ilyenek például az állatok rádiófrekvenciás egyedi azonosítására szolgáló címkék (Tóth és mtsai, 2019; Tarr és mtsai, 2022), digitális áthaladási mérlegek, virtuális kerítésrendszerek. Azonban a

legelterjedtebbek az állatok mozgásának nyomon követésére használható GPS-ek (helymeghatározás), valamint a különböző transzponderek, melyek alkalmazása többek között a legelő állatok viselkedésének és takarmányfelvételének mérésére, valamint szaporodásbiológiai státuszának monitorozására (pl. ivarzás, ellés) ad lehetőséget (Aquilani és mtsai, 2022; Tarr és mtsai, 2023). Tekintettel arra, hogy napjainkban a mezőgazdaságra jellemző munkaerőhiány miatt a szabad tartásos rendszerekben az állatok folyamatos emberi felügyelete, ellenőrzése villanypásztor rendszerek alkalmazása mellett nem mindig megoldott, az érzékelő és adatalapú támogatás jelentősen segítheti a gazdaságokat, nem csak az egészséges állatállomány fenntartásában és a termelés optimalizálásában, hanem a gyepek kezelésében is (Reeves és mtsai, 2025).

A klímaváltozás következtében a hőstressz is egyre több gondot okoz a húsmarhatóknak, mivel a legelőn a természetes klímakörnyezet a meghatározó. A szarvasmarhák hőterhelését általában a hőmérséklet-páratartalom index (*Temperature-Humidity Index - THI*) segítségével értékelik, amelyet a környezeti hőmérséklet és a relatív páratartalom figyelembevételével határoznak meg (NRC, 1971; Schueller és mtsai, 2013). Húshasznú állományokban a THI küszöbértéke valamivel magasabb ($THI = 74$; Brown-Brandl, 2018), mint az intenzíven tejelő ($THI = 64$; Igono és mtsai, 1992) populációkban. Világszerte számos kutatási program célja azoknak a tényezőknek a vizsgálata, amelyekkel a hőstressz csökkenthető pl. árnyékolási módok, a szőrzet színének hatása az intenzív hizlalás (feedlot) időszakában, genetikai tényezők, mint az izzadási képesség, a „slick” prolaktin receptor szerepe (Davis és mtsai, 2017). Nyakra szerelhető transzponderek segítségével, valamint az környezeti paraméterek monitorozásával a hőstressz mértéke detektálható (Davidson és mtsai, 2020), negatív hatása mérsékelhető. Bár a precíziós állattenyésztési (*Precision Livestock Farming, PLF*) technológia alkalmazásakor az élőmunka igény és ezáltal az állatoknak okozott stressz csökken (Gregorits és Nagy, 2019), nem elhanyagolható tényező, hogy a szakembereknek a rendszer használatához állattenyésztési és informatikai ismeretekre egyaránt szükségük van (Popp és mtsai, 2018).

Kutatásunk során többek között arra kerestük a választ, hogy a tejelő tehenekre kifejlesztett szenzorok hogyan adaptálhatók legeltetett állományokra, milyen közvetlen és közvetett előnyök származhatnak a használatuk során és hogyan járulnak hozzá az állatjólét fokozáshoz, valamint a fenntartható legelőgazdálkodáshoz.

2. Anyag és módszer

2.1. Vizsgálati helyszín

A vizsgálatok helyszíne egy charolais húsmarha fajtát tartó gazdaság volt (Várvolgy, Zala vármegye). A gazdaság Natura 2000 hálózathoz tartozó gyepterületeinek egy része a Balaton-felvidéki Nemzeti Park védett területein fekszik. A MePAR (2023) adatai szerint nitrát érzékeny, felszín közeli és felszíni víztesttel érintett terület. Vízháztartási és domborzati alapján változékony fekvésű legelő, a száraztól az üde, helyenként vizenyős fekvésig találhatók rajta gyepek. A terület változatos talaj- és növényzeti adottságokkal rendelkezik, ami kedvez az ökológiai szemléletű legeltetésnek. A vizsgálati helyszín (1. ábra) minden legelőszakaszán találhatók kisebb

összefüggő fás területek, záródott fás-cserjés foltok, azonban nem minősül fás legelőnek. Ezek az árnyékosabb területek jelentős védelmet biztosítanak a környezeti hatásokkal szemben (Barreto és mtsai, 2022) a szarvasmarha-állomány számára. A vizsgált területeken (1. ábra) az itatás nem megoldott, ezért a gulya számára állandóan biztosított az átjárás egy az istálló közelében található legelőterületre (II.), ahol az itató található. Az itató területe (I.) és másodlagos legelőterületek (VI: kukorica és cirok tarló) felmérése nem szerepel a vizsgálatban. A gazdaságban a tehének és tenyészbikák takarmányozása a legeltetésre alapozott, ásványi só kiegészítés mellett. Egyéb kiegészítő takarmányozásra csak indokolt esetben (pl. kisülési időszakban) kerül sor a legeltetési időnyben.

A 146 hektár területű gypet szakaszolva, 6 állandó méretű szakaszra osztva legeltették (1. táblázat). A legelő állapotának, cönológiai viszonyainak vizsgálatához 4×4 m-es kvadrátokat alkalmaztunk, melyekben a fellelhető növényfajok százalékos borítását és átlagos magasságát becsültük meg. A cönológiai felvételezés 2021.08.10.-én történt. A fajnevek Király (2009) nomenklatúráját követik.

1. táblázat: A gazdaság legelőszakaszainak jellemzése

Szakasz száma (1)	Méret (ha) (2)	Kvadrátok száma (db) (3)	Termőhely jellemzői (4)
IV.	33,4	10	- száraz fekvés (5) - alacsony humusztartalmú, homokos talaj (6) - változatos mikrodomborzat (7) - erős cserjésedés (8)
V.	32,3	10	- száraz fekvés (9) - szakasz alatt bazalt test húzódik, köves terület (10) - egy része erdőszűl (11) - erős cserjésedés (12)
VII.	17,1	11	- üde fekvés (13) - foltokban megfigyelhető jelentős vadkár (14)
VIII.	6,1	6	- erős cserjésedés (15) - vezérnövény hatására erős zsombékosodás (16)
IX.	31,6	16	- erős cserjésedés miatt a terület egy nagyobb része legeltetéssel nem hasznosítható (17) - időszakos tó borítás, mocsári sásos parti növényzet megjelenése (18) - ritkuló gyepterület (19)
X.	26	17	- változatos felszín és fekvés (vizenyős, száraz, üde) (20) - változatos növényzet (21) - inváziós fajok terjedése erőteljes (<i>Solidago</i> spp.) (22)

Table 1: Characterization of the pasture sections of the farm

section number (1); size (hectare) (2); number of squares (pcs) (3); characteristics of the growing site (4); dry location (5); sandy soil with low humus content (6); varied micro-topography (7); strong shrub growth (8); dry location (9); basalt body stretches under the section, rocky area (10); part of it is forested (11); strong shrub growth (12); fresh location (13); significant wildlife damage observed in spots (14); strong shrub growth (15); strong clumping due to the dominant plant (16); due to strong shrub growth, a larger part of the area cannot be used for grazing (17); temporary lake cover, appearance of marshy sedge coastal vegetation (18); thinning grassland (19); varied surface and location (wet, dry, fresh) (20); varied vegetation (21); strong spread of invasive species (*Solidago* spp.) (22)

1. ábra: Vizsgált legelőterületek (Forrás: Google Maps ©2021 Google; saját szerkesztés)

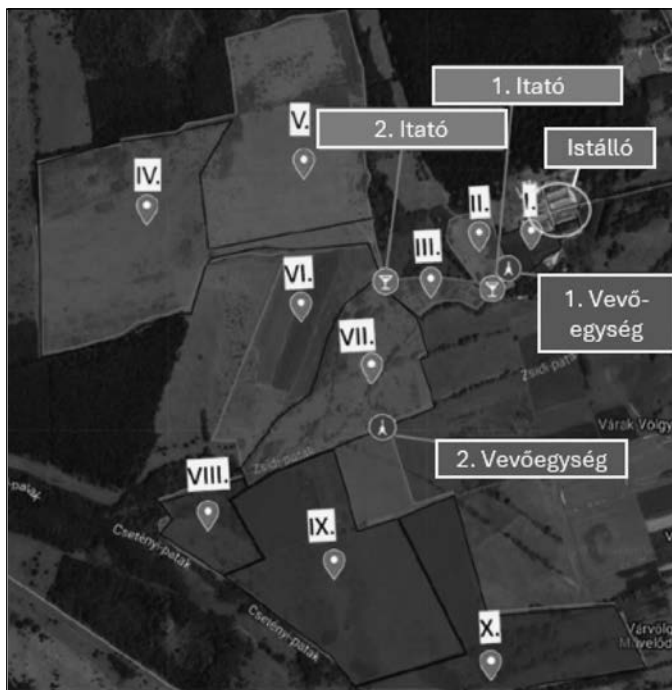


Figure 1: Investigated pasture areas (Source: Google Maps © 2021 Google; authors' elaboration)

A termésmennyiség és minőség becslése Balázs (1949, 1960) módszerét tovább fejlesztve, Szentes és mtsai, (2023a, 2025) által leírt kvadrátmódszer alapján történt. Az adatokat Microsoft Excel program használatával dolgoztuk fel és értékeltük ki.

2.2. Vizsgált állomány és alkalmazott érzékelők

A mintagazdaságban ranch típusú charolais szarvasmarhát tartanak. A legeltetési idényt követően a tehenek és tenyészűszők elhelyezése a telelőkertben történik. A vizsgálatban összesen 120 eltérő (0-8) laktációs számú, tavaszi ellésű tehenet (kor 2-14) és 3 tenyészbikát (9-10 év) szereltünk fel non-invazív módszerrel elhelyezhető szenzorokkal.

Minden tehenre négy különböző érzékelő került (2. táblázat). Az érzékelők a következő adatcsoportokban szolgáltatnak számunkra információt: helymeghatározás, aktivitás, táplálkozás, egészség, szaporodásbiológia, vízfogyasztás és bendőhőmérséklet.

A kutatás során felhasznált meteorológiai adatokat a vizsgált legelőre telepített iMetos 3.3 (Pessl, Austria) adatgyűjtővel rögzítettük. A mért meteorológiai adatok alapján a THI értéket Mader és mtsai (2006) által is alkalmazott képlet alapján számoltuk:

$$\text{THI} = (0,8 * \text{Lég hőmérséklet}) + (\text{Relatív páratartalom} / 100 * (\text{Lég hőmérséklet} - 14,4)) + 46,4$$

2. táblázat: Alkalmazott szenzorok

Szenzor neve (1)	Szenzor típusa (2)	Gyártó (3)	Felszerelés helye (4)	Felszerelt állatcsoport (5)
cSense™ Flex Up Premium	transzponder (6)	Allflex Europe SA	nyak (10)	tehén, bika (14)
Track a))) Cow - LRP Pedometer	pedométer (7)	ENGs Systems	láb (11)	tehén, bika
Smart Rumen Bolus (temp, activity)	bólusz (8)	Moonsyst Zrt.	bendő/recés gyomor (12)	tehén
GPS Ear Tag	füljelző (9)	mOOvement	fül (13)	tehén, bika

Table 2: Applied sensors

sensor name (1); sensor type (2); manufacturer (3); installation location (4); installed animal group (5); transponder (6); pedometer (7); bolus (8); ear tag (9); neck (10); leg (11); rumen/groin (12); ear (13); cow, bull (14)

2.3. Adatgyűjtés és adatelemzés

Az elemzésekhez felhasznált adatokat a szenzorok saját adatbázisaikban gyűjtötték. Az eszközökből nemcsak nyers adatok, hanem az ezekből előállított úgynevezett származtatott adatok is kinyerhetők. E származtatott adatok előállításához alkalmazott algoritmusok a gyártók üzleti titkát képezik. Az adatgyűjtés során a szenzoradatok mellett az emberi megfigyelés alapján gyűjtött adatokat Microsoft Excel táblázatokba rendszereztünk, és hozzárendeltük az állatok egyedi azonosítóhoz (pl. súlymérés és kondíciópontozás adatai, takarmányozási adatok, anya-borjú kapcsolat stb.). Rögzítettünk az állomány egészét érintő eseményeket (pl. legeltetés kezdete, legeltetés befejezése, a legelőváltások időpontja stb.). A szenzor adatok elemzésénél minden esetben figyelembe vettük a befolyásoló eseményeket. Az érzékelők adatbázisaiból kinyert adatokat és a kézzel felvitt Excel táblázatok adatait MariaDB adatbázisba töltöttük (version 10.4.19 – MariaDB (mariadb.org binary distribution). Az adatok előkészítését és onnan Excel táblázatokba való betöltését SQL scriptekkel oldottuk meg. Minden eszköz pontos időbélyeget is megadott a mért paraméterek mellett, amelyeket az elemzésekben is felhasználtunk.

Az SQL programmal előkészített adatokból Excelben (Microsoft® Excel® a MS 365 MSO (2205 buildverzió 16.0.15225.20172) pivot táblázatokot és grafikonokat készítettünk. Az adatok speciális matematikai-elemzését KNIME (<https://www.knime.com/>) open source programmal végeztük (Copyright by KNIME AG, Zurich, Switzerland, version 4.3.0, build december 06. 2020). A precíziós mérések statisztikai elemzésére rangkorrelációt használtunk. A legelő szakaszváltások, azaz a legeltetés tendenciájának ábrázolására a legelésre megnyitott szakasz első, majd az utolsó 3 napján tapasztalt, átlag állomány szintű kérődzési értékeket használtuk. Feldolgozott időszak: 2021.05.01. - 2021.10.31.

3. Eredmények

3.1 Legelőfelmérés eredményei

A hat, változó hidrológiai adottságú mintaterületen a növényzet fajgazdagsága közepesnek mondható, a szakaszok fekvésük és növényzetük alapján (a IV. szakaszt kivételével) jól, illetve igen jól hasznosíthatók húsmarha legelőként (3. táblázat).

A vizsgált területeken az ehető pázsitfűvek borítása nem érte el a legelőknél kívánatos 50-60 %-ot (Tasi, 2019). A cserjefajok a terület 29%-án áthatolhatatlan bozótot alkottak. Míg borításuk a gyepszintben 13 % (*Crataegus monogyna*, *Prunus spinosa*, *Sarothamnus scoparius*). A legelőszakaszok mindegyikéről elmondható, hogy a cserjementes területek egy része túl-, míg más része alul legeltetett. Mivel a cserjés részeken nem szívesen tartózkodnak az állatok, cserjeirtás és rendszeres gyomirtó kaszálás nélkül évről évre egyre nagyobb területet foglalnak el a hasznos legelőterületből.

3.2 A különböző szenzorokból gyűjtött adatok és a mért környezeti paraméterek összefüggései

A környezeti változók, valamint az állatok viselkedését és élettani állapotát jellemző paraméterek közötti kapcsolatot vizsgálva (4. táblázat) megállapítható, hogy a léghőmérséklet emelkedése növelte az állatok aktivitását ($r = 0,61$) és a pihenőviselkedések csökkenésével járt együtt, ami a hőstressz diszkomfortot kiváltó hatására utal. A hőstressz index emelkedése szintén pozitív korrelációt mutatott az állatok fizikai aktivitásával ($r = 0,60$) valamint a bendőbeli hőmérséklettel ($r = 0,31$) és negatív összefüggést volt megfigyelhető a fekvési idővel ($r = -0,26$), ami szintén a hőstressz fiziológiás és viselkedésben is megnyilvánuló válaszreakcióit tükrözi. A csapadékmennyiség általában gyenge vagy közepes negatív kapcsolatban állt az állatok viselkedési paramétereivel, beleértve a kérődzést ($r = -0,11$), az állás/fekvés arányt ($r = -0,20$), Ezek alapján elmondható, hogy a csapadékos időjárás ugyan csekély mértékben, de kedvez az állatok komfortérzetének. A kérődzési idő és a fekvési idő között közepesen erős korreláció mutatkozott ($r = 0,67$), amely a kérődzési viselkedés tipikusan pihenőtesthelyezethez kötődő jellegét erősíti meg. A bendőbeli hőmérséklet mérsékelten korrelált a környezeti hőmérséklettel ($r = 0,28$), a THI-vel ($r = 0,31$), valamint a harmatponttal ($r = 0,55$) és a kérődzéssel ($r = 0,48$), ami az anyagcsere-aktivitás és a környezeti tényezők közötti kapcsolatot jelzi.

A vizsgált időszakban sem a rendszeres megfigyelések, sem a DataFlow szoftver nem jelzett hőstresszes tüneteket. A 2. ábra a nyaki transzponderek által mért lihegési értékeket mutatja egy tavaszi napon, ahol a lihegő állatok aránya 8–9% volt. Ez a 10%-os riasztási küszöb alatt maradt, ami fölött már állomány-szintű hőstresszről beszélhetünk. A hajnali legelés volt a legintenzívebb a nap során, a gulya 60-70 %-a legelt egy időben három órán át, majd egy kérődzési időszakot követően, a kora délutáni időszakot kisebb mértékben, de ismét aktív legeléssel töltötte.

A vizsgálat során tapasztalt melegebb napokon a gulya 40%-a éjszaka is legelt,

3. táblázat: A legelőszakaszok borítása

Szakasz száma (1)	Vezérnövény (2)	Becsült termőképesség (t/ha/év) (3)	Növényborítottság (4)	Fajszám* (5)
IV.	keskenylevelű perje (<i>Poa angustifolia</i> L.)	4-5	átlagos összborítás 64%, ebből pázsitfűvek: 27%, cserjék: 24 % (6)	25
V.	keskenylevelű perje (<i>Poa angustifolia</i> L.)	10	átlagos összborítás 51%, ebből pázsitfűvek: 22%, cserjék: 15 %	18
VII.	tarackos tippán (<i>Agrostis stolonifera</i>), nádképű csenkesz (<i>Festuca arundinacea</i>)	30	átlagos összborítás 88%, ebből pázsitfűvek: 42%, cserjék: 2 %	25
VIII.	keskenylevelű perje (<i>Poa angustifolia</i> L.), nádképű kékperje (<i>Molinia arundinacea</i>)	10	átlagos összborítás 61%, ebből pázsitfűvek: 36%, cserjék: 3 %	21
IX.	keskenylevelű perje (<i>Poa angustifolia</i> L.)	25	átlagos összborítás 74%, ebből pázsitfűvek: 34%, cserjék: 16 %	24
X.	nádképű csenkesz (<i>Festuca arundinacea</i>)	28-30	átlagos összborítás 93%, ebből pázsitfűvek: 45%, cserjék: 2 %	22

*A cönológiai felvételezés során szakaszonként, az eltérő mintavételezési pontokban rögzített legmagasabb mért adat (I. rendű pázsitfű és egyéb egyszikű fajok; I. és II. rendű pillangós, valamint egyéb kétszikű fajok; szúrós és cserje fajok összesített értéke) (7)

Table 3. Vegetation cover of the pasture sections

section number (1); lead crop (2); estimated yield (t/ha/year) (3); plant cover (4); number of species* (5); average total cover, of which grasses or shrubs (6); *The highest measured data recorded in different sampling points during the coenological survey (Primary grasses and other monocot species; primary and secondary legumes together with other dicot species; and the combined proportion of thorny and shrub species) (7)

amit hosszabb pihenéssel töltött idő követett. Ugyanakkor a legeltetési időben az állomány a nappali és éjszakai átlag kérődzési értékei, valamint a- és környezeti hőmérséklet átlagértékei alapján az állatok az éjszakai órákat döntően pihenéssel, kérődzéssel töltötték (3. ábra).

A legelőszakaszok regenerációs ideje 26-70 nap között változott. A gulya átlagosan 16 napot töltött egy szakaszon (min=3; max=31). 2021-ben jelentősebb csapadék május (IV. szakasz), július (IX. szakasz) és október (IX és X. szakasz) hónapokban volt (74-54-68 mm) (3. ábra). Ezen legeltetési idő alatt az augusztusi aszályos, valamint a csapadékos hónapok idején az időjárás változásainak hatására az állatok kérődzésénél hirtelen, szélsőséges visszaesések jelentkeztek a többi szakaszhoz, időszakhoz viszonyítva. A csapadékos hónapokban a kérődzési időben 4-28%, míg az aszályos időszakban 35% csökkenés volt mérhető. Az elemzés során a legeltetés tendenciájának ábrázolására az állatok adott legelőszakaszon való tartózkodásának első, majd utolsó három napján tapasztalt, állomány szintű átlag kérődzési értékeket használtuk.

4. táblázat: Szenzoros értékek és a környezeti paraméterek rank korreláció vizsgálata.

Paraméter (átlag) (1)	léghő (2)	pára (3)	THI	harmat (4)	csapa-dék *** (5)	Kérődzés (6)	aktivi-tás (7)	bendő- beli hőm. (8)	fekvési idő (9)	állás/ fekvés arány (10)	lépés- szám (11)
léghő	100%										
pára	-63%	100%									
THI	100%	-60%	100%								
harmat	75%	-1%	79%	100%							
csapadék ***	-12%**	22%	-10%**	5%	100%						
kérődzés	-7%	43%	-5%	26%	-11%**	100%					
aktivitás	61%	-64%*	60%*	26%	-7%	-28%*	100%				
bendőbeli hőm.	28%	18%**	31%*	55%	-2%	48%*	-13%**	100%			
fekvési idő	-28%	48%*	-26%*	4%	-9%	67%*	-59%	37%	100%		
állás/ fekvés aránya	40%	-37%	40%	25%	-20%**	23%	53%	14%**	-4%	100%	
lépésszám	59%	-61%*	58%	27%	-7%	-36%	90%	-10%	-62%	54%	100%

*p=0,00; **p<0,05; ***Csapadékösszeg értéke (12); A léghő, pára, harmat, csapadék értékeit az iMetos (ver 3.3) készülék rögzítette; a THI mért ada-
tokból számított érték; kérődzés, aktivitás (Aliflex); bendőbeli hőmérséklet (Moonsyst); fekvés, állás/fekvés aránya, lépésszám (ENGs) értékek. (13)

Table 4. Rank correlation analysis of sensory values and environmental parameters
parameter (average) (1); air temperature (2); humidity (3); dew (4); precipitation*** (5); rumination (6); activity (7); rumen temp. (8); lying time (9); stand-
ing/lying ratio (10); number of steps (11); ***Precipitation total value (12); The values of air temperature, humidity, dew, precipitation were recorded
by the iMetos (ver 3.3) device; the value calculated from the THI measured data; rumination, activity (Aliflex); rumen temperature (Moonsyst); lying,
standing/lying ratio, step count (ENGs) values. (13)

2. ábra: Gulya szintű kérődzés/evés/lihegés (hőstressz) 2021. május 1.
(forrás: ÖMKi, Allflex-DataFlow)

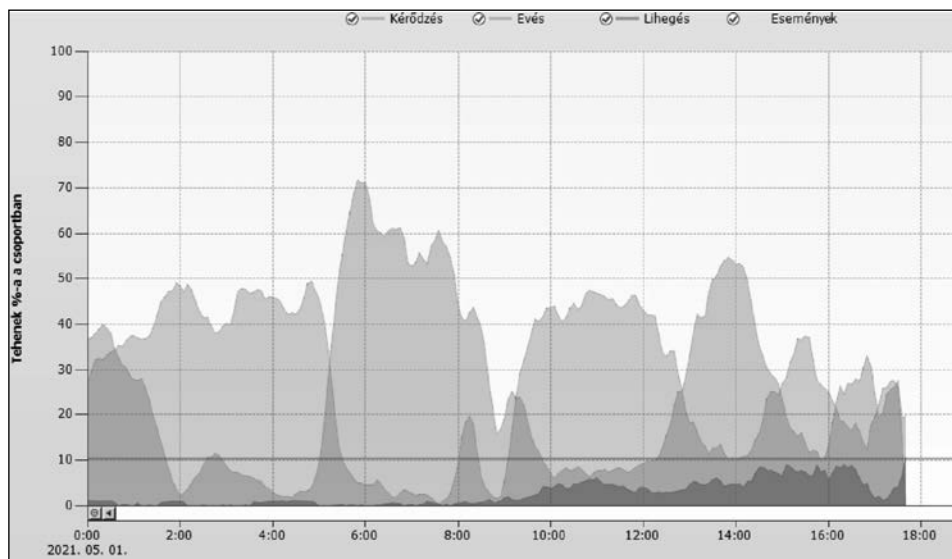


Figure 2. Herd-level rumination, eating, and panting (heat stress) on May 1, 2021 (source: ÖMKi, Allflex-DataFlow)

3. ábra: A vizsgált legeltetési idény alatt mért nappali és éjszakai kérődzés, valamint hőmérsékleti értékek alakulása a legelőszakaszokon

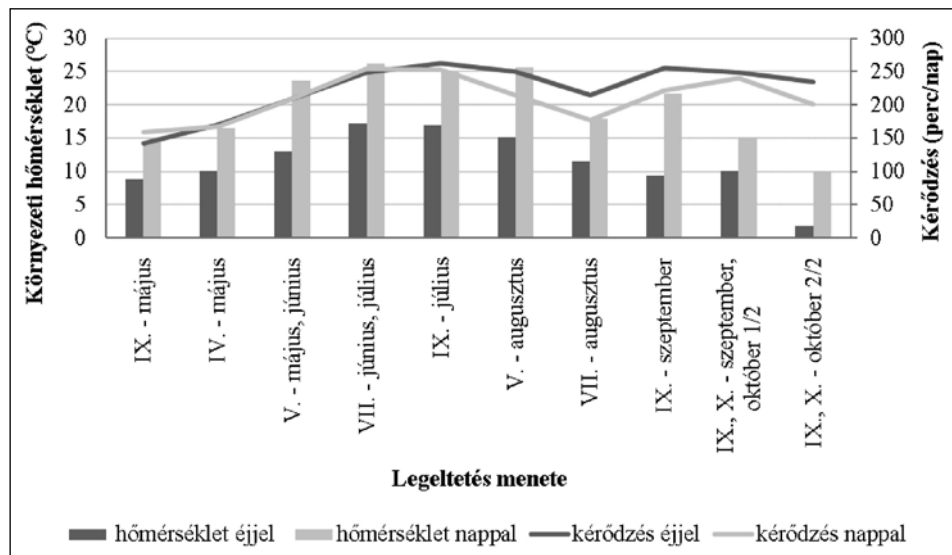


Figure 3: Dynamics of daytime and nighttime rumination and temperature across pasture sections during the grazing season

4. ábra: Kérődzés, aktivitás és a csapadék alakulása legeltetési időny során

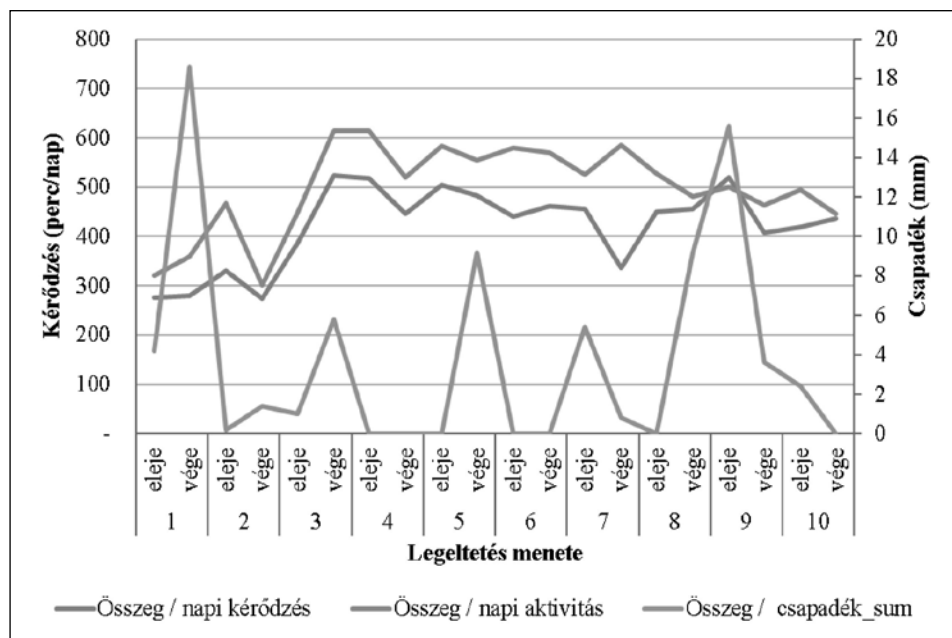


Figure 4. Changes in rumination, activity and precipitation throughout the grazing season

Az alacsony téli- és tavaszi csapadékmennyiség hatására a legelő vegetációja lassan indult sarjadásnak, ami negatívan befolyásolta a legeltetés első hónapját (4. ábra). Az állományban mért kérődzési idő napi 300 perc volt a legeltetés kezdetén. A májusi eső hatására a növényzet erős fejlődésnek indult. A szakaszok elején és végén tapasztalható különbség a napi kérődzési értékekben a legelőfü mennyiségének fogyásával magyarázható.

A gulya aktivitása egy új legelőszakasz megnyitásával emelkedett. Ezt a szenzorokhoz tartozó szoftverben rögzíteni szükséges a téves szaporodásbiológiai jelzések (pl.: ivarzás) elkerülése érdekében. Csapadék hatására az állomány aktivitása csökkent (1,5,8-9), míg a meleg augusztusi időszakban (7) emelkedett. Az állatok több energiát fordítottak a takarmány, valamint az itatóhelyek felkeresésére.

4. Megbeszélés

A legelőre alapozott húsmarhatartásban a legelőfü képezi a takarmányozás alapját, így a legelők minőségének és hozamának javítása, valamint a szakszerű legelőhasználat elengedhetetlen feltétele a fenntartható gazdálkodásnak. A Natura2000 területeken korlátozottak a beavatkozási lehetőségek (269/2007. (X. 18.) Korm. rendelet) a gyepek hozamának növelésére. A cserjefajok borítása komoly korlátot jelent a fenntartható és hatékony legeltetési gyakorlatban. A vizsgálat rámutat arra, hogy az engedélyezett beavatkozások közül a téli időszakban végezhető cserjeirtás az érintett legelőszakaszokon (IV, V; IX) érdemben (15%-24%) növelte volna a hozamot. A gypalkotó növények ismerete és a becsült

hozam megmutatja a gyepek takarmányértékét (Tasi, 2019). A cönológiai felmérés alapján a pázsitfű-borítottság egyik szakaszban sem érte el az optimális, legalább 50%-os értéket, ugyanakkor a gyeppalkotók között számos értékes, takarmányozási szempontból kedvező faj található. A gyepek hozamát a termőhely hidrológiai adottságaitól függően eltérő módon befolyásolják a környezeti tényezők. Űdegyepeken a hőmérséklet és a napsugárzás hat legnagyobb mértékben a hozamra (Török és mtsai, 2011, 2014), és a májusi időszakban gyors ütemű a vegetáció növekedése, ami elérheti a 2-3 cm/nap értéket (Tasi 2011, Szentés és mtsai, 2023b). Száraz fekvésű gyepeken az éves- és a vegetációs időben keletkező csapadék hatása a legnagyobb. A vizsgált hat mintaterület változatos hidrológiai adottságai ellenére általánosságban közepes fajgazdagságú növényzetet mutatnak, amely helyenként jó, illetve igen jó legeltetési potenciált képvisel, különösen a VII., IX. és X. szakaszok esetében. A termőképesség jelentős eltéréseket mutat (4–30 t/ha/év), amely elsősorban a talajviszonyok, növénytársulások és a cserjésedés mértékének függvénye. Ahhoz, hogy valós képet kaphassunk a területekről hosszabb időintervallumban (min. 3 év) szükséges elvégezni a felvételezéseket (3x/év).

Az egyes legelőszakaszok megnyitásakor az állatokra szerelt szenzorok, főként azok melyek a kérődzés detektálására is alkalmasak, közvetett módon információt szolgáltatnak a gazdálkodók számára a szakasz minőségéről, gyeptertermenysiségéről és követhetővé válik a rendelkezésre álló takarmány fogyása is. Az optimális kérődzési idő szarvasmarhák esetében 400-600 perc/nap közötti érték. Ha az állomány kérődzése az alsó határérték alatt van, érdemes a szakaszt ellenőrizni, újabb legelőterületet megnyitni az állatok előtt. Ezzel fenntartható a gulya megfelelő kondíciója, egészsége, valamint elkerülhető a védett gyepek túllegeltetése. A szenzoros adatok felhasználásával lehetővé válik a legelőváltások optimális idejének meghatározása. Mindezek megfelelő alapot szolgáltatnak a gazdaságra szabott legeltetési terv elkészítéséhez, melyben a felvételezések alapján meghatározhatjuk a legeltetés kezdetét, a szakaszok legeltetési sorrendjét és méretét az állatlétszámnak megfelelően. A kérődzést, ami elsősorban éjszaka és a délutáni pihenőidőszakokban történik (Lindgren, 2009), szarvasmarhák esetében az egészségi állapot indikátoraként is használhatjuk (Paudyal, 2021). Több tanulmány is rámutat arra, hogy a kérődzési idő monitorozása hozzájárul a betegségek korai felismeréséhez (Soriani és mtsai, 2012; Kaufman és mtsai, 2016). A nyaki transzponderek használatával egyed és állomány szinten is nyomon követhetjük a kérődzés változását, ami hozzájárult a különböző egészségügyi problémák korai felderítéséhez és kezeléséhez, ennek köszönhetően extenzív körülmények között is fokozható az állatjóllét. Precíziós eszközök alkalmazásakor az állomány szintű beavatkozások időpontjait, melyeknél az állatok aktivitása a normálistól eltér, emelkedik (pl.: legelőváltás, gulya felhajtása kezelés céljából) szükséges felvezetni a rendszerekbe a téves egészségügyi és szaporodásbiológiai jelzések elkerülése érdekében. A vizsgálat során mért legnagyobb THI érték 75 volt, ami gyenge-közepes hőstressz faktornak tekinthető (Libis-Márta és mtsai, 2022). Istállóban tartott tejelő szarvasmarha állományánál már viszonylag alacsony környezeti hőmérséklet és páratartalom mellett, akár 20 °C -on is felléphetnek hőstressz tünetek, 68-as THI értéknél is. Hőstressz hatására csökken az étvágy, romlanak az értékmérő (súlygyarapodás, tejtermelés) és szaporodásbiológiai paraméterek (ivarzási rendellenességek, csökkenő termékenyülési arány stb).

Kifejezett hőstresszre utaló tünetek a zihálás, lihegés és fokozott nyálzás, amelyek mögött mélyebb élettani összefüggések húzódnak (Alföldi és mtsai, 2020). Fontos megemlíteni, hogy már májusban kismértékű hőstresszes állapot volt mérhető, amiben szerepet játszhat az is, hogy a tehenek az ellési szezon végén voltak, a laktáció elején, amikor a nagyobb mennyiségű tejtermelés negatívan befolyásolhatja az állatok hőstresszre adott reakcióját.

5. Következtetések

A vizsgálat során egyértelművé vált, hogy kevés a nyilvánosan elérhető információ a hazai gyepterületek vegetációjáról, állapotáról. Javasolt a legelők szakember által történő rendszeres, meghatározott időnkénti monitorozása és térképezése, amivel a környezet és a különböző fajok extenzív gyepekre gyakorolt hatása mérhetővé válik. Ebben nagy szerepe lehet a gyepgazdálkodási témában képzett gazdálkodóknak, vagy az általuk megbízott szakemberek munkájának, mellyel a 2022-es évben megkezdett hazai, országos gyepfelmérést (MÁSZ/NAK Gyepgazdálkodási Munkacsoport) (Bajnok és mtsai, 2025), valamint a természetvédelmi programok tervezését is támogathatják a gyepek hosszú távú fenntartása érdekében. Az intenzív termelési rendszerekben alkalmazott szenzorok extenzív tartástechnológia esetén is jól alkalmazhatók az állatok élettani és viselkedési jellemzőinek a megfigyelésére. A szenzorokból nyerhető információk támogatják az állományok egészségügyi és szaporodásbiológiai managementjét és közvetett módon segítik a fenntartható legelőhasználatot természetvédelmi szempontból védett gyepeken is. Az eredmények alapján megállapítható, hogy a hőmérsékleti és légköri paraméterek, különösen a THI, jelentős hatást gyakorolnak a szarvasmarhák viselkedésére és fiziológiai állapotára. A viselkedési változók közötti összefüggések lehetőséget nyújtanak a hőstressz korai észlelésére, a negatív hatások mérséklésére, és ezáltal az állatok a jóllétének fokozására.

6. Köszönetnyilvánítás

A vizsgálatok a Magyar Nemzeti Vidéki Hálózat-MNVH: www.videkihalozat.eu, VP-20.2.-16-2016- 0001számú projekt finanszírozásában valósultak meg.

7. Felhasznált irodalom

- Alföldi, L. – Tarr, Z. – Tózsér, J. (2020): Digitális mikroklíma mérés a tejtermelő farmon. AWETH, 16. 94–109. <https://doi.org/10.17205/SZIE.AWETH.2020.2.094>
- Aquilani, C. – Confessore, A. – Bozzi, R. – Sirtori, F. – Pugliese, C. (2022): Precision livestock farming technologies in pasturebased livestock systems. Animal, 16. 100429. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100429>
- Bajnok, M. – Tasi, J. – Kovács-Mesterházy, Z. – Czóbel, S. – Orsolya, S. – Varga, K. – Wagenhoffer, Z. (2025): Grassland management survey on farms in Hungary. Reg. Stat., 15. 529–553. <http://doi.org/10.15196/RS150306>
- Balázs, F. (1949): A gyepek termésbecslése növényiszociológia alapján. Agrártud., 1. 2635.
- Balázs, F. (1960): A gyepek botanikai és gazdasági értékelése. A Keszthelyi Mezőgazdasági Akadémia Kiadványai. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.

- Barreto, A. N. – Barioni Junior, W. – Pezzopane, J. R. M. – Bernardi, A. C. C. – Pedroso, A. F. – Marcondes, C. R. – Jacintho, M. A. C. – Romanello, N. – de Sousa, M. A. P. – Nanni Costa, L. – Garcia, A. R. (2022): Thermal comfort and behavior of beef cattle in pasturebased systems monitored by visual observation and electronic device. *Appl. Anim. Behav. Sci.*, 253. 105687. <https://doi.org/10.1016/J.APPLANIM.2022.105687>.
- Brown-Brandl, T. M. (2018): Understanding heat stress in beef cattle. *Rev. Bras. Zootec.* 47. e20160414. <http://doi.org/10.1590/rbz4720160414>
- Czeplédi, L. – Béri, B. – Rátonyi, T. – Mihók, S. (2002): Szarvasmarha legeltetés hatása a szikes talajra. In: Nagy, J. (szerk): EU konform mezőgazdaság és élelmiszerbiztonság, DE ATC, 170–175.
- Davis, S. R. – Spelman, R. J. – Littlejohn, M. D. (2017): Breeding heat tolerant dairy cattle: the case for introgression of the “slick” prolactin receptor variant in to *Bos Taurus* dairy breeds. *J. Anim. Sci.*, 95. 17881800. <https://doi.org/10.2527/jas.2016.0956>
- Davison, C. – Michie, C. – Hamilton, A. – Tachtatzis, C. – Andonovic, I. – Gilroy, M. (2020): Detecting Heat Stress in Dairy Cattle Using Neck Mounted Activity Collars. *Agriculture*, 10., 210. <https://doi.org/10.3390/agriculture10060210>
- Gregosits, B. – Nagy, E. (2019): A precíziós állattartás tapasztalatai és kihívásai a sertésenyésztésben. *Állatteny. Tak.*, 68. 280–284.
- Haraszti, E. (1977): Az állat és a legelő. 2. kiadás, Mezőgazdasági Kiadó, Budapest. ISBN 963–230–196X
- Horn, P. – Stefler, J. (2017): A világ állati fehérje ellátása, annak humánegészségügyi szerepe, figyelemmel a húsmarha tenyésztésre. *Állatteny. Tak.*, 66. 261–275.
- Igono, M. O. – Bjotvedt, G. – SanfordCrane, H. T. (1992): Environmental profile and critical temperature effects on milk production of Holstein cows in desert climate *Int. J. Biometeorol.*, 36. 77–87. <https://doi.org/10.1007/BF01208917>
- Kaufman, E. I. – LeBlanc, S. J. – McBride, B. W. – Duffield, T. F. – DeVries, T. J. (2016): Association of rumination time with SCK in transition dairy cows. *J. Dairy Sci.* 99. 1–15. <https://doi.org/10.3168/jds.201510509>
- Kárpáti, E. – Kovács E. – Posta, J. – Wagenhoffer, Zs. – Gáspárdy A. – Gulyás L. (2023). A gyimesi racka és a cikta juhajták veszélyeztetettségének összevetése teljes pedigrevizsgálatuk alapján. *Acta Agronomica Óváriensis*, 64. 59–68.
- Király, G. (szerk.) (2009): Új magyar fűvészkönyv. Magyarország hajtásos növényei. Határozókulcsok. Aggteleki Nemzeti Park Igazgatóság.
- Kiss, T. – Lévai, P. – Ferencz, Á. – Szentés, Sz. – Hufnagel, L. – Nagy, A. – Balogh, Á. – Pintér, O. – Saláta, D. – Házi, J. – Tóth, A. – Wichmann B. – Penksza K. (2011): Change of composition and diversity of species and grassland management between different grazing intensity – in Pannonian dry and wet grasslands. *Appl. Ecol. Environ. Res.*, 9. 197–230.
- Koncz, N. K. – Posta, J. – Tóth, K. – Radócz, S. – Béri, B. (2018): Extenzív és intenzív húsmarha fajták legelésének a hatása szikes gyepek növényzetére. *Term. Véd. Közl.*, 24. 114–123.
- Lindgren, E. (2009): Validation of rumination measurement equipment and the role of rumination in dairy cow time budgets [master's thesis]. Uppsala, Sweden: Swedish University of Agricultural Sciences.
- Libis-Márta, K. – Bócsi, B. – Szalai, S. – Varga, F. B. – Pajor, F. – Kovács, L. – Bodnár, Á. (2022). A hőtűrés javítására irányuló egyes szarvasmarha keresztezések és jelentőségük a világ szarvasmarhatartásában= Introducing of some cattle crossbreeds to improve heat tolerance, and their significance in world cattle breeding. *AWETH*, 18., 35–50. <https://doi.org/10.17205/SZIE.AWETH.2022.1.035>
- Mader, T. L. – Davis, M. S. – Brown-Brandl, T. (2006): Environmental factors influencing heat stress in feedlot cattle. *J. Anim. Sci.*, 84. 712–719. <https://doi.org/10.2527/2006.843712x>
- Magyar, V. – Penksza, K. – Szentés, Sz. (2017): Comparative investigations of biomass composition in differently managed grasslands of the Balaton Uplands National Park, Hungary. *Gyepgazd. Közl.*, 15. 49–56.

- Murphy, S. P. – Allen, L. H. (2003): Nutritional importance of animal source foods. *J. Nutr.*, 133. 3932–3935. <https://doi.org/10.1093/jn/133.11.3932S>
- Nagy, G. – Tasi, J. (2017): A legelők és a legeltetés szerepe a húsmarhatartásban. *Állatteny. Tak.*, 66. 347–364.
- NRC, A. „Guide to Environmental Research on Animals. 1971.” *National Academy of Sciences, Washington, DC.*
- Paudyal, S. (2021): Using rumination time to manage health and reproduction in dairy cattle: a review. *Vet Q.*, 41. 292–300. <https://doi.org/10.1080/01652176.2021.1987581>
- Penksza, K. – Wichmann, B. – Szentes, Sz. (2009): Szarvasmarha, juh és lólegelők összehasonlító vizsgálata a Tapolcai és a Káli-medencében –2008. év. *Gyepgazd. Közl.*, 7. 59–63.
- Popp, J. – Erdei, E. – Oláh, J. (2018). Outlook of precision farming in Hungary. *Int. J. Eng. Manag. Sci.*, 3. 133–147. <https://doi.org/10.21791/IJEMS.2018.1.15>.
- Póti, P. – Gyuricza, Cs. (2021): A gyepe alapozott állattenyésztés szerepe az állattenyésztéssel kapcsolatos szemléletváltás szükségessége napjainkban. *Állatteny. Tak.*, 70. 82–105.
- Schueller, L. K. – Burfeind, O. – Heuwieser, W. (2013): Short communication: comparison of ambient temperature, relative humidity, and temperaturehumidity index between onfarm measurements and official meteorological data. *J. Dairy Sci.*, 96. 7731–7738. <https://doi.org/10.3168/jds.20136736>
- Soriani, N. – Trevisi, E. – Calamari, L. (2012): Relationships between rumination time, metabolic conditions, and health status in dairy cows during the transition period. *J. Animal Sci.*, 90. 4544–4554. <https://doi.org/10.2527/jas.20125064>
- Szabó, F. – Farkasné, Z. E. – Polgár, J. P. – Wagenhoffer, Z. (1999): Study on peat bog soil pastures for sustainable development of beef cattle farming. *Liv. Prod. Sci.*, 61. 253–260. [http://doi.org/10.1016/S0301-6226\(99\)00074-3](http://doi.org/10.1016/S0301-6226(99)00074-3)
- Szabó, F. – Nagy, G. – Gulyás, L. – Tempfli, K. (2020): A gyephozam és annak várható módosulása a klímaváltozás tükrében. *Állatteny. Tak.*, 69. 9–16.
- Szabó, G. – Magyar, V. – Szentes, Sz. – Penksza, K. (2021): Comparative phytosociological study of longterm on Tihany Peninsula of the Balaton Uplands National Park, Hungary. *Gyepgazd. Közl.*, 20. 37–38.
- Szabó, G. – Zimmermann, Z. – Bartha, S. – Szentes, Sz. – Sutyinszki, Zs. – Penksza, K. (2011): Botanikai, természetvédelmi és gyepgazdálkodási vizsgálatok Balatonfelvidéki szarvasmarhalegelőkön. *Tájöko. Lap.*, 9. 431–440.
- Szabó, G. – Zimmermann, Z. – Szentes, Sz. – Sutyinszki, Zs. – Penksza, K. (2010): Természetvédelmi és gyepgazdálkodási vizsgálatok a Dinnyési, fertő gyepeiben. *Gyepgazd. Közl.*, 8. 31–38.
- Szabó, I. (2019): Az agrárinformatika helyzete, fejlődési irányai hazánkban és nemzetközi kitekintésben. *Állatteny. Tak.*, 68. 185–194.
- Szentes, Sz. – Fűrész, A. – Wagenhoffer, Zs. – Penksza, K. (2023b): Nedves fekvésű magyar szürke szarvasmarhalegelő produkciójának és beltartalmi értékeinek havi változása és összefüggése a fajgazdagsággal. *Gyepgazd. Közl.*, 21. 19–28.
- Szentes, Sz. – Kenéz, Á. – Saláta, D. – Szabó, M. – Penksza, K. (2007a): Comparative researches and evaluations on grassland management and nature conservation in natural grasslands of the Transdanubian mountain range. *Cer. Res. Com.*, 35. 1161–1164. <http://doi.org/10.1556/CRC.35.2007.2.249>
- Szentes, Sz. – Penksza, K. – Dannhauser, C. – Coezte, R. (2011): Nedves fekvésű gyepek botanikai összetételének, produkciójának és beltartalmi értékeinek növedékenkénti változása szürkemarha legelőn a Tapolcai-medencében. *AWETH*, 7. 180–198.
- Szentes, Sz. – Penksza, K. – Tasi, J. (2007b): Gyepgazdálkodási vizsgálatok a Dunántúli középhegység néhány természetes gyepeiben. *AWETH*, 3. 127–149.
- Szentes, Sz. – Penksza, K. – Tasi, J. – Malatinszky, Á. (2008): A legeltetés természetvédelmi vonatkozásai a Tapolcai és Káli medencében. *AWETH*, 4. 829–835.

- Szentes, Sz. – Sutyinszki, Zs. – Szabó, G. – Zimmermann, Z. – Házi, J. – Wichmann, B. Hufnagel, L. – Penksza, K. – Bartha, S. (2012a): Grazed Pannonian grassland betadiversity changes due to C4 yellow bluestem. *Cent. Eur. J. Biol.*, 7. 1055–1065. <http://doi.org/10.2478/s11535-012-0101-9>
- Szentes, Sz. – Tasi, J. – Wichmann, B. – Penksza, K. (2009b): Botanikai és gyepgazdálkodási vizsgálatok 2008. évi eredményei a badacsonytördemici szürkemarle legelőn. *Gyepgazd. Közl.*, 7. 73–78.
- Szentes, Sz. – Turcsányi-Járdi, I. – Sipos, L. – Penksza, K. – Kende, Z. – Saláta-Falusí, E. – Wagenhoffer, Z. (2025): Feed values for grassland species and method for assessing the quantitative and qualitative characteristics of grasslands. *Earth*, 6. 1–19. <https://doi.org/10.3390/earth6040119>
- Szentes, Sz. – Wagenhoffer, Z. – Tasi, J. – Penksza, K. – Bajnok, M. (2023a): Szemléletváltás a gyep-elemzésben, háromdimenziós termésbecslési és minősítési módszer Előtanulmány. *Gyepgazd. Közl.*, 21. 47–58. <https://doi.org/10.55725/gygk/2023/21/2/13226>
- Szentes, Sz. – Wichmann, B. – Házi, J. – Tasi, J. – Penksza, K. (2009a): Vegetáció és gyep produkció havi változása badacsonytördemici szürkemarle legelőkön és kaszálón. *Tájöko. Lap.*, 7. 319–328.
- Szigetvári, Cs. (2002): Distribution and phytosociological relations of two introduced plant species in an open sand grassland area in the Great Hungarian Plain. *Acta Bot. Hung.*, 44. 163–183.
- Tarr, B. – Katona, B. – Szabó, I. – Tőzsér, J. (2022): Precíziós eljárások és a mesterséges intelligencia technológia alkalmazása a szarvasmarha-tenyésztésben különös tekintettel a húshasznú szarvasmarhák azonosítására. *AWETH*, 18. 51–63. <https://doi.org/10.17205/SZIE.AWETH.2022.1.051>
- Tarr, B. – Szabó, I. – Tőzsér, J. (2023): Mesterséges intelligencia alkalmazása a szarvasmarhatenyésztés egyes területein: egyedazonosítás, állategészségügy és állatjóllét: Irodalmi összefoglaló. *Magy. Állatorv. L.*, 145. 651–660
- Tasi, J. (2019): Gyepek gyomnövényei, *Magy. Állatteny. L.*, 24. 19–21.
- Teague, R. – Kreuter, U. (2020): Managing Grazing to Restore Soil Health, Ecosystem Function, and Ecosystem Services. *Front. Sustain. Food Syst.*, 4. 534187. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.534187>
- Tóth, L. – Kovács, L. – Póti, P. – Alföldi, L. – Tarr, Z. – Szenci, O. – Tőzsér, J. (2019): Korszerű információ technika (IT) a tejelő szarvasmarha tartásban. *Állatteny. Tak.*, 68. 3. 253–269. http://realj.mtak.hu/16047/3/att_2019_03.pdf
- Török, G. – Bajnok, M. – Gyuricza, Cs. – Kasperné Szél, Zs. – Tasi, J. (2014): Hasznosítási gyakoriság-vizsgálat különböző típusú magyarországi gyepeken II. – A termőképesség és az időjárási tényezők közötti összefüggések. *Növényterm.*, 63. 83–102.
- Török, G. – Bajnok, M. – Szentes, S. – Tasi, J. (2011). Néhány időjárási tényező és a hozam összefüggése száraz és üde gyepeken. *Gyepgazd. Közl.*, 9. 39–42.
- Wittmer, M. H. – Auerswald, K. – Bai, Y. F. – Schaufele, R. – Schnyder, H. (2010): Changes in the abundance of C3/C4 species of Inner Mongolia grassland: evidence from isotopic composition of soil and vegetation. *Global Change Biol.*, 16. 605–616. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2009.02033.x>
- 269/2007. (X. 18.) Korm. rendelet a NATURA 2000 gyepterületek fenntartásának földhasználati szabályairól. Hatályos jogszabályok gyűjteménye. Budapest. <https://net.jogtar.hu/jogszabaly?docid=a0700269.kor>
- Magyar Államkincstár MePAR Portál. Budapest, MA, cop. 2023. <https://mepar.mvh.allamkincstar.gov.hu/#/>

Érkezett: 2025. szeptember

Szerzők címe: Balogh, P.* – Babay-Török, B. – Biszкуп, M. – Pajor, G. – Stibinger, É. – Márton, A.
Ökológiai Mezőgazdasági Kutatóintézet
Authors' adress: Research Institute of Organic Agriculture
H-1038 Budapest, Ráby Mátyás utca 26.
*levelező szerző, e-mail: petra.balogh@biokutatas.hu

Gyógynövények az ökológiai állattartásban Medicinal plants in organic animal husbandry

PENTALLER Dorina – LACZKÓ Hajnalka – ABELLA Dorina – ASBÓTH Zoé –
BENE Szabolcs – POLGÁR J. Péter – BENEDEK Zsuzsanna

ÖSSZEFOGLALÁS

A jelenlegi, hosszú távon bizonyosan fenntarthatatlan mezőgazdasági és állattartási gyakorlattal és az ökológiai szemléletmód általános terjedésével a jövőben mindenképpen növekedni fog az ökológiai gazdálkodás és állattartás volumene, ami által egészségesebb élelmiszerhez juthatunk. Cikkünkben bemutatásra kerültek az ökológiai állattartás jellemzői és nagy vonalakban a hozzá tartozó legfontosabb szabályozások, az ökológiai gazdálkodáshoz tartozó holisztikus szemléletmód, illetve röviden az alternatív gyógyítási rendszerek (homeopátia, ayurvéda, hagyományos kínai orvoslás, Bach-virágterápia), melyek akár teljesen helyettesíthetik az akadémikus orvoslást, de mindenképpen kiválóan kiegészítik azt. Gyógynövények alkalmazásával nem csak gyógyíthatjuk a betegségeket, hanem azokat meg is előzhetjük, erősíthetjük állataink immunrendszerét, és nem mellesleg nagymértékben csökkenthetjük a gyógyszerfelhasználást. Napjaink gyógynövény-renaisszánsza és az egyre több természethez visszatérni próbáló ember új lendületet adott a gyógynövényekkel kapcsolatos kutatásoknak, melyből reményeink szerint nagyon sokat fogunk még profitálni. A munka célja volt továbbá egy kis ízelítő és iránymutatás a baromfi-, a szarvasmarha-, és a sertéstartók felé, hogy mely gyógynövényekkel érdemes elindulni, ha állományukat egészségesebbé szeretnék tenni, állataikat ökológiai szemlélettel és módszerekkel tervezik nevelni, vagy a gyógyszereket gyógynövényekkel kiváltani.

Kulcsszavak: ökológiai állattartás, gyógynövények

SUMMARY

With the current, certainly unsustainable agricultural and animal husbandry practices in the long term and the general spread of the ecological approach, the volume of organic farming and animal husbandry will definitely increase in the future, which will allow us to obtain healthier food. The thesis presents the characteristics of organic animal husbandry and the main regulations, the holistic approach to organic farming, and in short, the alternative healing systems (homeopathy, Ayurveda, traditional Chinese medicine, Bach flower therapy), which can completely replace academic medicine, but are definitely an excellent complement to it. By using medicinal herbs, we can not only cure diseases, but also prevent them, strengthen the immune system of our animals, and, incidentally, greatly reduce the use of drugs. Today's herbal renaissance and the increasing number of people trying to return to nature have given new impetus to research on herbal medicines, from which we hope to benefit a lot. The aim of the work was also to provide a little view and guidance to poultry, cattle, and pig farmers on which herbs are worth using if they want to make their herd healthier, plan to raise their animals with an ecological approach and methods, or replace medications with herbs.

Keywords: organic animal husbandry, medicinal plants

1. Bevezetés

A XX. és XXI. század folyamán a gyógyszer- és vegyipar fejlődésével, a műanyagipar hihetetlen térnyerésével, illetve az egyre nagyobb mértékű gépesítéssel az ember még soha korábban nem látott mértékű környezetromboló tevékenységekkel borítja föl az egyensúlyt magában és maga körül – földön, vízben, levegőben – egyaránt. Ezzel együtt folyamatosan eltávolodott a természettől, a természetes gondolkodásmódtól, és a profitmaximalizálás lett a legfőbb cél. Szerencsére az elmúlt évtizedekben azonban egyre többen kezdték felismerni, hogy ezek a folyamatok visszafordíthatatlan következményekkel járhatnak, így vissza kell térni egy jóval természet közelebbi megközelítésre és életmódra, a termelésben pedig a forrásaink teljes kiaknázása és a mennyiségi fókusz helyett a minőségre, az egyensúly fenntartására, és az egészséges ételkészítésre kell helyeznünk a hangsúlyt. Ennek a felismerésnek köszönhetően elindult az ökológiai szemléletű gazdálkodás, melyben természetünk tisztelésével, szeretetével, és működésének megismerésével a talaj-növény-állat-talaj csodálatos egyensúlyának és körforgásának fenntartására törekszünk.

E szemléletváltás következtében az utóbbi időben jelentős tendencia mutatkozik a biotermékek és természetes alapanyagok használatához való visszatérésre, legyen szó akár az adalékanyag- és tartósítószermentes ételekről, a háztartásban használt mosó- és tisztítószerekről, vagy magáról a gyógyításról. Az emberek felismerték, hogy természetes anyagok használatával maguk és környezetük egészségére is jó hatást gyakorolnak. Az egyre szélesebb körű társadalmi érdeklődés és nyitás a természetes lehetőségek felé magával hozta az alternatív gyógymódok és a gyógynövények újrafelfedezését, felértékelődését is, ami nem csak a humán gyógyászatban, hanem az állatorvoslásban is megmutatkozik, az ökológiai állattartás számára pedig hatalmas jelentőséggel bír. Korunk gyógynövény-rencházában kapuk nyílnak meg új kutatások és felfedezések előtt, melyeknek eredményeként a kezelési gyakorlatba bevont növények köre és azok használati módja bizonyosan bővülni fog, ebből pedig mind a humán orvoslás, mind az állatgyógyászat, mind pedig az ökológiai állattartás profitálni fog.

2. Ökológiai állattartás, avagy a holisztikus szemlélet

Az ökológiai állattartás egyik, ha nem legfontosabb alapelve az állat számára méltó életet biztosítani születésétől az utolsó pillanatáig, melybe beletartozik az állat alapvető természetéhez, viselkedési igényeihez igazított tartásmód, a megfelelő bánásmód, illetve a friss és egészséges víz és élelem biztosítása. Az állat érző lény, nem csupán egy termelő gép, akinek ugyanúgy szüksége van a napfényre, a társaira, a szabad levegőre, arra, hogy jól és biztonságban érezze magát, hasonlóképp, mint jómagunknak, és csak ebben az esetben várható, hogy testileg és mentálisan is egészséges maradjon az állat. Az előzőeket figyelembe véve az ökológiai állattartás és gondolkodás a konvencionálissal szemben az állatot holisztikus szemlélettel kezeli, a teljes rendszer részeként. Felismerte, hogy minden kölcsönhatásban van egymással, épp ahogy ránk emberekre is hat a minket körülvevő világ, hatással vannak ránk a kapcsolataink és életkörülményeink, úgy az állat is kölcsönhatásban van a környezetével, a gondozóival, a takarmányával, és

nem lehet kiragadott önálló és független „egységként” kezelni. Ebből következik, hogy ha az EGÉSZBEN valamely egyensúly felborul, akkor az törvényszerűen kihat az EGÉSZRE. A betegségek kezelése is holisztikusan történik, nem tüneti kezelés formájában, hanem a kiváltó ok felkutatása a cél, és annak ismeretében lehet a megfelelő gyógymódot, kezelést kiválasztani.

Az állattartás az ökológiai gazdálkodás szerves részét képezi, a körforgás fontos eleme, hiszen így lesz a korábban már említett talaj-növény-állat kapcsolatrendszer teljes. Az állatoktól keletkező szerves trágyával garantálni tudjuk termőföldünk folyamatos tápanyag-utánpótlását, ami nélkülözhetetlen a talaj és a rajta termesztett növények egészsége szempontjából, termesztett növényeink pedig nekünk és állatainknak biztosítják az élelmet, így zárul a kör.

Az ökológiai gazdálkodás további alapelvei a fenntarthatóság, a felelősségteljes, természettel összhangban élt élet, a biodiverzitás és a természetes folyamatok elősegítése, a gazdaságon belüli körforgás megteremtése és a vegyszerek, nem természetes eredetű anyagok kerülése. Az ökológiai szemlélettel összeegyeztethetetlen a profitmaximalizálás érdekében a termőtalaj és az állatok kizsákmányolása, azok természetével, szükségleteivel ellentétes körülmények között tartása.

Annak érdekében, hogy objektíven vizsgálhatók és ellenőrizhetőek legyenek az ökológiai gazdaságok, természetesen szükség volt törvények és szabályok létrehozására, melyekről részletesen a következő fejezetben lesz szó.

3. Szabályozások az ökológiai gazdálkodásban

Jelen tanulmány írása idején az ökológiai gazdálkodásra vonatkozó hatályos legfőbb előírásokat az Európai Parlament és a Tanács 2018/848 rendelete tartalmazza, melynek alkalmazását illetően az EU 2020/464 végrehajtási rendelete, illetve az ökológiai termelésről szóló 889/2008/EK rendelet követendő. Ebben a fejezetben a cél az volt, hogy ezen rendeletekből az állattartásra vonatkozó legfontosabb elveket és szabályokat bemutassuk.

„Az ökológiai termelés a gazdaságirányítást és az élelmiszer-termelést is magában foglaló összetett rendszer, amely ötvözi a legjobb környezetvédelmi és éghajlatvédelmi gyakorlatokat, a magas szintű biológiai sokféleség biztosítását, a természeti erőforrások megőrzését és a magas szintű állatjóléti normák és [...] termelési szabályok alkalmazását” (*Európai Parlament és a Tanács*, 2018). Legfőbb célja tehát egy természettel összhangban lévő, a természet törvényszerűségeit figyelembe vevő életvitel szorgalmazása, a környezet védelme, a természetes körforgás segítése és biztosítása, illetve egészséges és biztonságos élelmiszerek előállítása.

Az ökológiai növénytermesztésben törekedni kell az olyan növényfajták kiválasztására, amelyek számára megfelelőek a helyi éghajlati és talajviszonyok, illetve betegségekkel szembeni ellenálló képességük jó, így elősegítve az ökológiai gazdálkodáshoz leginkább alkalmas fajták elterjedését. Génmódosított szervezet, növény vagy vetőmag, illetve ezekből előállított termék használata tilos – kivéve az állatgyógyászati készítményeket.

A növényvédelem területén agrotechnikai (vetésforgó, megfelelő sor- és távolság, másodvetés, növénytársítások, pillangósok beiktatása, természetes ellenségek megtelepedésének segítése) és mechanikai eszközökkel történik a

kártevők és kórokozók elleni védekezés, vagy olyan készítményekkel, amelyek az ökogazdálkodásban engedélyezettek (növényi kivonatok, trágyalevek, ásványi alapú permetszerek). Tiltott a szintetikus növényvédő szerek használata, hiszen ezek környezeti terhelést jelentenek, illetve maradványanyagaik a táplálkozás során a növényből az emberi és az állati szervezetbe is bekerülnek, amelyeknek káros egészségügyi következményei lehetnek. Az ökológiai állatállomány takarmányának ezért ökológiai gazdaságból kell származnia, még jobb, ha az a saját gazdaságban teljes egészében megtermelhető, hiszen így nem kerül be kívülről jövő forrás, hanem teljesül a gazdaságon belüli körforgás elve. Amennyiben külső forrás igénybevétele is szükséges, van lehetőség más ökogazdálkodóktól takarmányt vásárolni.

Ezen a ponton fontos kiemelni, hogy ökológiai növénytermesztés engedélyezett állattartás nélkül, viszont ökológiai állattartás mezőgazdasági földterület nélkül (a méhészet kivételével) tiltott.

Az ökológiai állattartásban „az állatállomány ökofeltételek szerinti tartása már önmagában is erős prevenció hatást jelent” (Mátray, 2005), hiszen az állatállomány megfelelő sűrűsége, a természetes tartási körülmények, a minőségi és egészséges takarmány, a felesleges gyógyszerelés kerülése, és összességében az állatjóllét mind hozzájárul az állatok egészségének és jó immunrendszerének fenntartásához. Ebből következően szigorú szabályozás vonatkozik a gyógyszeres kezelésekre, az állatsűrűsége, az állatok óljainak, istállóinak, kifutóinak méretére is.

Ökológiai gazdálkodásban a talaj nitrogénterhelése nem haladhatja meg az évi 170 kg/ha mennyiséget, ez pedig önmagában is meghatározza azt, hogy maximálisan mennyi állat tartható adott nagyságú területen.

Nem engedélyezett az antibiotikumok és más allopatíás készítmények használata megelőzési célból, kizárólag abban az esetben lehet azokat alkalmazni, amennyiben a fertőzés már megtörtént, és más növényi vagy alternatív készítménnyel nem lehetne a betegséget megfelelően kezelni, vagy, ha anélkül az állat élete veszélybe kerülne. Gyógyszeres kezelés után azonban a várakozási idő a jogszabályokban előírt élelmezés-egészségügyi várakozási időnek duplája, de legalább 48 óra, és ebben az időszakban a kezelt állat vagy annak produktuma egészen a várakozási idő leteltéig nem minősül ökonak. Amennyiben egy állat egy éven belül több mint háromszor kap allopatíás kezelést, nem minősül ökológiainak, és újraindul az adott állatra vonatkozó átállási időszak. Azon állatok esetében, amelyek hasznos élettartama egy éven belüli, csak egy allopatíás kezelés megengedett az ökológiai státusz megtartásához.

Alapvetően a megelőzés a legfontosabb cél az állategészségügy területén, ehhez pedig hozzátartozik a megfelelő higiéniai állapotok biztosítása is. A fertőtlenítési és tisztítási intézkedéseknek azonban szintén összhangban kell állniuk az ökológiai szemlélettel, ezáltal a felhasználható szerek köre szintén korlátozott és a 889/2008/EK rendeletben meghatározott. A higiénia mellett további fontos kritérium, hogy az állatok által használt építményekben megfelelő legyen a természetes fény mennyisége, a szellőzés pedig biztosítsa, hogy a por- és gázkoncentráció az állatok egészségére nézve a biztonságos tartományban maradjon.

Ökogazdaságban az állatokat csoportosan kell tartani, biztosítani kell a szabadtéri legelőkhöz való hozzáférést, elhelyezésüknél pedig figyelemmel kell lenni a minimális bel- és kültéri helyigényre vonatkozó szabályozásokra, melyet az

EU 2020/464 rendelete részletesen ismerteti. Megfelelő állatsűrűség esetén az állat könnyedén tehet bármiféle természetes mozdulatot, kényelmesen lefeküdhethet, megfordulhat és nyújtózkodhat. Ezen felül biztosítani kell az állatoknak a szilárd padozaton lévő kényelmes pihenőhelyet és a megfelelő almozást, valamint tyúkfélék esetén az állomány nagyságának megfelelő mennyiségű ülőrudat. Tojótúkok esetében mesterséges megvilágítással kiegészíthető a természetes fény maximum 16 órás világos időszakra, ezt követően viszont garantálni kell a minimum 8 órás egybefüggő sötét, éjszakai pihenőidőt.

Alapvető előírás, hogy az állat egész élete során kerülni kell az olyan helyzeteket, amelyek neki szenvedést, fájdalmat vagy szorongást okozhatnak. Ebből következően tilos a ketrecben vagy kikötve tartás (kivéve rövid ideig, egészségügyi okokból), a kényszeretetés (tömés), az élő állatokról való tolszedés, a rutinszerűen végzett csonkítás, mint a csőr- és farok kurtítás vagy a szarvtalanítás. Kizárólag egyedi és indokolt esetekben, továbbá az illetékes hatóság engedélyével lehetségesek a csonkítás beavatkozások, amennyiben azt az állat egészsége, illetve higiéniai okok indokolták teszik, vagy az emberi biztonság érdekében szükségesek. Az állat sérülése esetén, illetve fájdalommal járó kezelések, műtétek során megfelelő fájdalomcsillapítás, érzéstelenítés alkalmazandó. Ezeket az elveket a vágás során is be kell tartani.

Abban az esetben, ha a konvencionális módszerekkel művelt földet és az így tartott állatállományt ökológiai gazdasággá szeretnénk minősíteni, bizonyos mértékű átállási időszakkal kell számolni (a teljes gazdaság átállítása általánosan 1-3 év). Ebben az időszakban még nem forgalmazhatók ökológiai minősítéssel sem az előállított állati és növényi eredetű élelmiszerek, sem a takarmányok.

Az ökológiai élelmiszer- vagy takarmány-előállítás minden lépésének és folyamatának meg kell felelnie az ökológiai termelés szabályainak, és fontos, hogy a feldolgozott élelmiszerekben is minél magasabb, de minimum 95% legyen az ökológiai eredetű összetevő. A felhasználható adalékanyagok köre és mennyisége is az említett rendeletekben szabályozott.

4. Gyógynövények az állatgyógyászatban

A gyógynövényekkel való gyógyítás évezredes gyakorlat. Az ókori Kínából, Indiából, Perzsiából és a görögöktől egyaránt maradtak fent írásos emlékek az állatok gyógyításával kapcsolatban, de a honfoglalás kori magyar szókincsben ugyancsak találhatók állatokra és betegségeikre vonatkozó kifejezések, ami arra utal, hogy ők is gyógyították állataikat a természet patikájának segítségével (Mátray, 2005).

Az évszázadok során a természetből szerzett tapasztalat és tudás a könyvnyomtatás elterjedése által összegyűjthetővé és megőrizhetővé vált, ami a technika fejlődésével együtt hozzájárult ahhoz, hogy egyre bővüljön az emberi és állati orvoslásban használt gyógynövények köre. Hazánkban az első, *Herbárium* névvel 1578-ban megjelent magyar nyelvű füveskönyv *Melius Juhász Péter* botanikus és református lelkész nevéhez fűződik, amely 2000 növénynevet tartalmaz, és ebből 67 növényfaj esetén állatgyógyászati alkalmazásokat is találunk, legfőképpen sebek és fertőző betegségek kezelésére vonatkozóan. Ez a szám a 19-20. századra már elérte a 150-et. A növényekből előállított gyógyhatású készítmények igen változatos formákban voltak jelen, készültek főzetek, kivonatok, tinktúrák, kenőcsök,

sebtapaszkok, de nyersen a takarmányhoz adva is használták a gyógynövényeket (Mátray, 2005). Külön érdekes tanulmány lenne a világ különböző részeinek népi (állat)orvoslását egymással összehasonlítani, de az már túlmutatna e tanulmány keretein.

A Nemzetközi Egészségügyi Szervezet (WHO) becslése szerint nagyjából húszezerre tehető azon növények száma, amelyeket világszerte gyógyítási célokra használnak (Papp és Csupor, 2023). Ekkora mennyiségű gyógyításra használható növényfaj arra enged következtetni, hogy lsten patikájában minden betegsége található megfelelő növényt. Ezek nagy részét teljes körűen azonban még soha nem vizsgálták, így hatalmas lehetőség rejlik még bennük gyógyászati szempontból. Természetesen itt nem csupán a kialakult betegségek gyógyítására gondolhatunk, hanem a betegségek megelőzésére, az egészség megőrzésére, és az immunrendszer erősítésére is, mind az állat, mind az ember vonatkozásában.

Az antibiotikumok az ökológiai gazdálkodásban csak nagyon korlátozottan, és kizárólag meghatározott esetekben használhatók. A konvencionális állattartásban bizonyos országokban megelőző jelleggel is kapják az állatok, ami nagyon sok problémához vezet. Ez a gyakorlat szerencsére mára már Európában, így hazánkban is megszűnt, az AMR (antimikrobiális rezisztencia) elleni küzdelem magával hozta az antibiotikumok használatának szigorúbb szabályozását, ami magában foglalja az antibiotikumok kizárólag terápiás céllal történő célzott használatát az állatgyógyászatban, szigorú kezelési nyilvántartási kötelezettség mellett. Az antibiotikumok bizonyos ideig megmaradnak az állatok húsában és tejében, így azokat elfogyasztva az emberek szervezetébe is bejutnak, veszélyeztetve ezzel az egészségüket (Ivanova és mtsai, 2024). Az Európai Parlament hivatalos oldalán megtalálható, hogy az antibiotikumokkal szemben ellenálló mikroorganizmusok megjelenése jelenti az egyik legnagyobb egészségügyi veszélyt az emberiségre. Jelenleg évente 35000 ember veszíti életét csak az Európai Unión belül az antibiotikumokkal szemben rezisztens baktériumok miatt, de ez a szám drasztikusan megemelkedhet az előrejelzések szerint, ha az antibiotikum-felhasználást nem sikerül jelentősen csökkenteni.

Megoldást jelenthetnek a gyógy- és fűszernövényekből előállított fitobiotikumok, amelyek antioxidáns, antimikrobiális és sok esetben akár növekedésserkentő hatású készítmények, így az antibiotikumokhoz hasonló hatás érhető el velük, és igen könnyen alkalmazhatóak a takarmányhoz vagy az ivóvízhez adva is. Szintén a fitobiotikumok közé tartoznak az illóolajok, melyek vonatkozásában egyre több kísérlet bizonyítja antibakteriális és bélfőrárt támogató hatásukat, ezzel együtt pedig természetes módon javítják a takarmányfelvételt is (Mézes, 2015).

Bizonyos gyógynövények – mint például a kasvirág fajok (*Echinacea* spp.), a kerti kakukkfű (*Thymus vulgaris*), az oregánó vagy más néven szurokfű (*Origanum vulgare*), a nagy csalán (*Urtica dioica*) – általános immunerősítő és fertőzés-megelőző tulajdonságaik miatt válnak egyre inkább nélkülözhetetlenné az állatok egészségének megőrzése érdekében, ez pedig kifejezetten fontos, ha valóban a gyógyszerelés és antibiotikus kezelések visszaszorítása a cél. Az említett növények mindegyike könnyen és jól termesztethető hazánkban, házi kerti körülmények között is, így minden gondos ökögazdának jó szívvel ajánlhatók.

5. Alternatív gyógymódok gyógynövényekkel

Ezek a gyógyítási rendszerek kiemelkedően fontosak lehetnek az ökológiai állattartásban, hiszen a szelíd gyógymódok közé tartoznak, sok esetben komplexebb kezelést is nyújtanak, mint az akadémikus orvoslás, és alkalmazásuk során nem kell tartani nem kívánatos mellékhatásoktól, illetve káros anyagok szervezetben való felhalmozódásától sem, ennek a ténynek pedig különös jelentősége van az élelmiszertermelő állataink vonatkozásában.

5.1. Ayurvéda

Az ayurvéda egy ősi, több ezer éves, Indiából származó holisztikus gyógyító rendszer, amely a szervezetben lévő erők harmonizálására és a természettel, illetve a világegyetem törvényeivel összhangban lévő életvitelre helyezi a hangsúlyt. Ha ez a kapcsolatrendszer harmonikus az ember és a természet között, illetve a test-lelek-szellem is egyensúlyban van, abból adódik az egészség. Az ayurvéda szanszkrit szó, jelentése „az élet tudománya”, ami magában foglalja az egészség és jóllét megteremtését, illetve megőrzését, nem csak a betegségek kezelését. A Kr. e. I. évezredből fennmaradt szanszkrit nyelvű gyógyszerkönyv, a *Charaka Samhita*, az ayurvédikus orvoslás egyik meghatározó forrásműve, és mintegy 1500 gyógynövényfajt tartalmaz, azoknak hatását, jellemzőit, felhasználását is ismertetve. Az ayurvédikus orvoslás gyakorlatába beletartozik a gyógynövények használata, a megfelelő diéta, a mozgás, a masszázs, a méregtelenítés és a meditáció is. Ebből következően az ayurvéda egy életmód, vagyis több, mint kezelések és terápiák összessége (Wynn és Fougère, 2007; Mátray, 2005).

Az ayurvéda filozófiája szerint minden élő és élettelen dolog öt elemből épül fel, ez az öt elem a tűz, a víz, a föld, a levegő és az éter. „Amikor az öt elem biológiai formát hoz létre (növényi, állati emberi szervezet), átalakul biológiai rendező elvekké, melyet dosháknak nevezünk” (Hémangi, 2016). Az ayurvédikus elvek megértéséhez elengedhetetlen a tridosha, vagyis a három dosha rendszer ismerete, amelyben minden dosha – vata, pitta és kapha – az említett öt elemből kettőt tartalmaz. Egy élőlény – legyen akár ember, állat vagy növény – felépítésében dominálhat tisztán a vata, a pitta vagy a kapha, de két dosha is lehet egyformán domináns, vagy ritkán ugyan, de előfordul, hogy a három dosha egyenlő arányban van jelen, így összesen hét féle típusról beszélhetünk, és mindegyik típusnak megvannak a maga jellemzői. A doshák meghatározzák az adott élőlény külső és belső tulajdonságait, erősségeit és a különböző betegségekre való fogékonyságát is. Minden élőlény születésétől fogva rendelkezik a saját, egyedi testtípusával, melyben meghatározott a doshák aránya. Amennyiben ez a harmónia megbomlik, betegség alakulhat ki, és a születéskori arányok helyreállításával nyerhető vissza az egészség (Mátray, 2005).

Az ayurvéda diagnosztikai rendszere több elemből áll, melyek nagy része állatoknál is alkalmazható. Nagyon fontos az előbb már említett testtípus meghatározása, hiszen önmagából ebből az információból is sok mindenre tud következtetni az ayurvéda orvos, de a pulzus-, a szem-, a nyelv-, és a vizeletdiagnózis mind kulcsfontosságú lehet annak meghatározásában, hogy hol és milyen mértékben bomlott meg az egyensúly a szervezetben, és hogy milyen módon lehet azt visszaállítani (Mátray, 2005).

5.2. Hagyományos kínai orvoslás

A hagyományos kínai orvoslás (*Traditional Chinese Medicine*, TCM) és az ayurvéda között sok hasonlóságot lehet észrevenni, hiszen részben az ayurvéda szemlélet adta a kínai orvoslás alapjait. A gyógyítás itt is holisztikus, az egész szervezetet tekintetbe veszi, és belülről indul, vagyis a kiváltó okot célozza megszüntetni. A kínai orvoslás szerint a szervezetben csatornarendszerek, energiapályák, úgynevezett meridiánok találhatók, melyekben energia áramlik. Az életenergia a Qi, aminek akadálytalanul kell tudnia áramlani a csatornában, amennyiben nem tud, akkor baj, betegség adódik. Ezen meridiánok meghatározott helyein található az akupunktúrás pontok, melyeket szemmel ugyan nem láthatunk, de kitapinthatók. Elektromos kísérletekkel be is bizonyították, hogy ezek a pontok valóban léteznek, hiszen a kísérlet azt mutatta, hogy a pontok felett kisebb a bőr elektromos ellenállása (Bertalan, 2014).

Viszonylag ismert errefelé is a két ellentétes irányú erő, a Yin és a Yang fogalma, melyek egymástól elválaszthatatlanul, minden élő dologban ott vannak. „A Yang energia képviseli a mozgást, a dinamizmust, a férfit (férfiast), a nappalt, a meleget, a kiáradó erőt, a kifelé és felfelé irányuló mozgást; a Yin a stagnálást, az összehúzódást, a nőt (nőiest), az éjszakát, a hideget, a befelé és lefelé irányuló mozgást” (Bertalan, 2014). Ahhoz, hogy bennünk és a természetben harmonikusan működjön minden, a yin és yang erőknek egyensúlyban kell lenniük, a kínai orvoslás ezt az egyensúlyi állapotot hivatott visszaállítani.

Az ayurvédához hasonlóan a hagyományos kínai orvoslásban is találkozunk az 5 elem tanával, azonban itt az öt elem a fa, a tűz, a föld, a fém és a víz, melyek az élet végtelen körforgásának fázisait szimbolizálják (Bertalan, 2014).

A kínai orvoslás gyakorlatába többféle kezelési mód beletartozik, többek között a gyógynövénykúra (akár bizonyos meridiánteákkal is), az akupunktúra, az akupresszúra, a csontkovácsolás, a köpölyözés és a masszázs is, melyek állatoknál is kiválóan működnek. Természetesen nagy gyakorlat és szaktudás kell ahhoz, hogy a test bizonyos pontjait valaki ki tudja tapintani, és az 5 elem tanából illetve a yin és yang oldalhoz tartozó tünetekből képes legyen betegséget jól diagnosztizálni és gyógyítani.

5.3. Homeopátia

A homeopátia gyökerei is igen régről, az ókorból erednek. Hippokratész görög orvos mutatott rá először a hasonlósági törvényre: „*Ugyanazok a dolgok, amelyek a betegséget okozzák, meg is gyógyítják azt.*” A homeopátia szónak a jelentése is éppen ezt az elvet tükrözi, ugyanis a „homoios” jelentése hasonló, a „pathein” pedig szenvedni, érzékelni, vagyis a homeopátia a hasonló szenvedés tana (Magyar Homeopáta Orvosi Egyesület, 2017).

A ma alkalmazott homeopátiának a rendszerét azonban csak kétszáz évvel ezelőtt írta le *Christian Friedrich Samuel Hahnemann* német vegyész, orvos-gyógyszerész. A korabeli állatorvoslásról nincs sok tudomásunk, *Hahnemann* követői közül azonban többen is elkezdtek a homeopátiás állatorvoslással foglalkozni, és sorra jelentek meg tanulmányaik. *Friedrich August Günther* nevéhez fűződik a Hásonszenvi Állatorvos című könyv, mely 1857-ben magyar fordításban is megjelent.

Magyarországon 1949-ben betiltották a homeopátiás gyógyítást, és tiltva is volt egészen 1991-ig. Az újraengedélyezés azonban új lendületet is hozott a homeopátiás orvoslásban, ugyanis még ugyanazon az 1991-es évben megalakult a Magyar Homeopata Orvosi Egyesület tíz orvossal és egy állatorvossal, majd 1996-ban megkezdődött a Budapesti Állatorvos-tudományi Egyetemen a posztgraduálisan végezhető homeopátiás állatorvosi képzés (Mátray, 2005).

A homeopátia is holisztikus szemléletű gyógy mód, hiszen nem tüneti kezelés folyik, hanem a beteg ember vagy állat egész lényére kiterjed a vizsgálat. Fontos információval bír a megfelelő homeopátiás szer kiválasztásához a beteggel történő változások megfigyelése, amelyek megnyilvánulhatnak testileg, lelkiileg, szellemileg, viselkedésben és a környezethez viszonyítva is. Ebből következik, hogy a tünetek megjelenése és azonosítása kiemelten fontos a megfelelő kezeléshez. Állatok esetében elengedhetetlen az állat gazdájának a pontos leírása az érzékelt változásokról. *Hahnemann* szerint a tünetek mindig az adott betegre jellemzők, így nincsen általános érvényű homeopátiás szer egy adott betegségre, bár természetesen előfordulnak olyan körülmények, ahol bizonyos szerek beváltak és jól használhatók általánosan (Mátray, 2005).

A homeopátiában is igen jelentős a gyógyhatású növények használata, a szerek nagyjából 65%-a tartalmaz növényi eredetű hatóanyagokat. „A homeopátiás szerek természetes (növényi, állati, ásványi) és kémiai anyagokból készülnek, azok több lépcsőben történő hígítása és dinamizálás, potenciálás útján” (Mátray, 2005). A több tízezerszeresére vagy még tovább hígított alapoldatok, ill. alapkeverékek sokak számára úgy tűnhetnek, hogy olyan végtelenül hígak már, hogy talán nem is lesz semmiféle hatásuk. De itt jön az a tény, miszerint, ami nagymértékben mérgez, az kis mértékben gyógyít. Fizikai laboratóriumi vizsgálatokkal is bizonyították, hogy a végtelenül híg oldatok, keverékek is azokat az információkat hordozzák, mint a kiindulási tömény szerek, így pedig elérhető az, hogy a szervezet találkozzon olyan ingerrel, ami a gyógyulását elősegíti, viszont nem okoz semmilyen mellékhatást, allergiát, és nem eredményezi kedvezőtlen folyamatok beindulását. Azt azonban meg kell említeni, hogy úgynevezett elsődleges rosszabbodás (primer aggravatio) előfordulhat a kezelés kezdését követően, vagyis átmenetileg valamelyest súlyosbodhatnak a tünetek, de ez is mind fontos információval szolgál, és azt mutatja, hogy a szervezet és a homeopátiás szer között létrejött a reakció (Mátray, 2005).

Az első lépés a homeopátiás kezelésben a beteggel, illetve állat esetén a gazdával történő elbeszélgetés, és az anamnézis felvétele. A beszélgetés során a cél az, hogy minél jobban megértse és beleérezhesse magát a homeopata a páciense helyzetébe, hiszen így tudja a legmegfelelőbb szert kiválasztani a hasonlósági elv alapján. Ez annyit jelent, hogy a betegségképnek és a kiválasztott szer gyógyszerképének egymáshoz a lehető leghasonlóbbnak kell lennie. Minden betegségnek és gyógyszernek van egy magára jellemző képe, ami a tünetek és változások összességéből áll össze. Ezután következik a megfelelő potencia és az adagolás gyakoriságának meghatározása. Ezek megállapításához a homeopata orvosnak és állatorvosnak igen nagy szakértelemmel és tapasztalattal kell rendelkeznie. Amennyiben nem a megfelelő szer kerül kiválasztásra, a kezelés vagy hatástalan marad, vagy alig lesz érzékelhető a változás. Hangsúlyozandó, hogy a homeopátiás szerek és kezelések betegségek esetén nyújtanak segítséget, amikor a szervezet az egészséges egyensúlyból kibillent, ebből következik, hogy megelőző jelleggel

többnyire nem használhatók, mivel ebben az esetben nem meghatározható sem betegség, sem pedig a betegség kezelésére legmegfelelőbb szer.

5.4. Bach-virágterápia

Edward Bach angol orvos az 1930-as években alkotott egy újfajta gyógyító rendszert, melyben a betegség okainak az érzelmi változásokat tekinti. Napjainkban már jól ismerjük az állandó stressz és szorongás negatív következményeit, melyek testi tünetekhez, betegségek kialakulásához vezetnek, de sok más negatív érzelem, mint például a félelem, a bizonytalanság vagy a túlzott aggodás is hasonlóképpen hat. Az érzelmi megnyilvánulások alapvetően kétféleképpen lehetnek: harmonikusak vagy diszharmonikusak. A Bach-virágterápiában 38 féle virág esszenciáját találjuk meg, melyek a lelkiállapotra hatnak oly módon, hogy a diszharmonikus érzelmi mintákat ellensúlyozzák, azokat visszaállítják pozitív formába, így helyreállítva a harmonikus állapotot (*Scheffer*, 2001). Bár Bach emberi alkalmazásra fejlesztette ki a virágterápiát, állatok esetében is használható a terápia.

Fontos különbség a terápia szempontjából ember és állat között, hogy az ember képes önmagát figyelni, elemezni, és számára a megfelelő gyógyírt kiválasztani, állat esetén azonban a gazda meglátása, és az állat megfigyelése együtt adja meg, melyik virágesszencia alkalmazása segítene leginkább. Hozzá kell tenni, hogy sokszor a gazda gyógyításával együtt érhető el az állat gyógyulása, vagyis mindkettőjüket kezelni kell, hiszen az állat akár képes lehet az emberi diszharmonikus érzelmeket átvenni, a gazdát a negatív érzelmektől mentesíteni, ezáltal pedig nála jelenhetnek meg a testi tünetek, betegségek (*Mátray*, 2005).

Ahogy a homeopátiánál, itt is egyénre szabottnak kell lennie a terápiának, hiszen a betegségeket kísérő tünetegyüttes nagyon változó lehet, így egyes betegségek kezelésekor nem beszélhetünk általánosan bevált szerekről. A betegség típusa és helye szimbolikus jelentőséggel bír, és a hozzáértő orvos számára iránymutatást jelent a negatív érzelmi állapot feltérképezéséhez. Legelőször az érzelmi zavar okát kell megtalálni, azután következhet az arra pozitívan ható gyógyír kiválasztása és a kezelés megkezdése. Az 1. táblázatban található néhány példa arra, hogy a betegség típusa és helye milyen eredendő okra utalhat.

1. táblázat: A betegség típusa és a diszharmonikus érzelmi minták összefüggése

A betegség típusa (1)	Az alábbi diszharmonikus érzelmi mintára utal (2)
Gyulladások (3)	Konfliktushelyzetre (9)
Allergiák (4)	Agresszív viselkedési zavarokra (10)
Fekélyek (5)	Tartósan fennálló, mélyen gyökerező, megoldást nem hozó konfliktushelyzetre (11)
Idült gyulladások (6)	Tartósan fennálló, megoldást nem hozó konfliktushelyzetre (12)
Remegés (7)	Rettegésre (13)
Hasmenés (8)	Félelemre (14)

Table 1. The relationship between the type of illness and disharmonious emotional patterns
type of disease (1); refers to the following disharmonious emotional pattern (2); inflammations (3); allergies (4); ulcers (5); chronic inflammations (6); trembling (7); diarrhea (8); conflict situation (9); aggressive behavior disorders (10); persistent, deep-rooted, unresolved conflict situation (11); persistent, unresolved conflict situation (12); trembling (7) dread (13); fear (14)

Amennyiben sikerült a megfelelő gyógyírt kiválasztani, rövid időn belül jelentősen javul a kedélyállapot, fokozódik a vízfogyasztás és az étvágy, és megfigyelhető lesz a megnyugvás. A Bach-virágterápia önmagában is megállja a helyét, de más gyógymóddal együtt egyaránt alkalmazható, a párhuzamos gyógymód hatását növeli (Mátray, 2005). Köztudott, hogy a mentális és érzelmi állapot kulcsfontosságú lehet a gyógyulás felé vezető úton, és mivel a Bach-virágterápia éppen érzelmi-mentális szinten hat, nagyban hozzásegíthet a gyógyuláshoz.

6. Állategészség megőrzése és immunerősítés gyógynövények segítségével

Állatainkat a gazdaságban sokféle hatás érheti, ilyenek többek között a takarmánnyal a szervezetbe kerülő toxinok, a betegségek, a hőstressz, melyek hatnak az immunrendszerre, azt gyengíthetik, vagy akár a bélflóra érzékeny egyensúlyát is felboríthatják. A szabadban legelő állatoknak azonban megvan az a képességük, hogy magukat az adott területen fellelhető gyógynövényekkel ösztönösen gyógyítsák, így minél inkább érdemes arra törekedni, hogy állatainknak megfelelő lehetőséget biztosítsunk az udvarban, réten, mezőn, legelőn való növényválogatáshoz. Sajnos ez sokszor nem lehetséges, ilyenkor sokat tudunk tenni állataink egészsége érdekében, ha a gyógynövényeket, gyógynövény-kivonatokat, esetleg gyógynövény-illóolajokat az állatok takarmányához vagy ivóvizéhez keverjük.

Sok szervezetben lévő funkció támogatására nem is mindig található gyógyszer, hiszen azok mögött nagyon bonyolult élettani folyamatok zajlanak, melyekre viszont megoldást jelenthet a gyógynövények komplex hatása a bennük található rengeteg hatóanyaggal, és még a rezisztencia kialakulásától sem kell tartani (Kranjec, 2025).

Úgy gondoljuk, mind ember, mind állat tekintetében keveset foglalkozunk az immunitással, a megelőzéssel, pedig hihetetlenül fontos. Megfelelő immunrendszer hiányában a legjobb antibakteriális kezelés és vakcinázási program is hatástalan, illetve csökkent immunitás esetén a termelési eredmények romlanak, mindez úgy, hogy közben nincs látható betegség (Kranjec, 2025). A következő három közismert gyógynövénnyel azonban lehetőségünk van állataink természetes egészségfenntartó folyamatait erősíteni, így mindenképpen ajánlom alkalmazásukat.

A kakukkfű (*Thymus vulgaris*) és illóolaja számtalan jótékony hatással rendelkezik, többek között antioxidáns, antimikrobiális és antibakteriális hatású, féreghajtó, gyulladáscsökkentő, köhögéscsillapító, kiváló immunrendszer-erősítő, illetve az emésztésre és az étvágyra is igen jó hatást gyakorol, így abszolút helye van az ökológiai állattartás gyógynövénytarában (Auth, 2023). Ráadásul jól és könnyen természetes Magyarországon.

A bíbor kasvirág (*Echinacea purpurea*) is közismert immunerősítő hatású növény, fokozza a fagocitózist és a szervezet ellenálló képességét, eredményesen használható mind tea, csepp, vagy kivonat formájában, így könnyen adagolható az állatok ivóvizéhez.

Az oregánó vagy szurokfű (*Origanum vulgare*) is egy igazi csodanövény, immunstimuláns, erős fertőtlenítő és antioxidáns hatással rendelkezik, parazitaellenes, légúti betegségek kezelésében is fontos növény, nagyon jól használható fertőzések megelőzésére, étvágyjavításra, ezzel együtt hozamfokozásra, illetve baromfi, borjú és sertés hasmenésének megelőzésére is (Mátray, 2005).

A máriatövisről (*Silybum Marianum*) régóta köztudott, hogy a benne lévő hatóanyagoknak, elsősorban a szilimarinnak köszönhetően májvédő, illetve májregeneráló hatása, de számos más módon is segít az egészségmegőrzésben, például antioxidáns hatása révén nagy szerepe van a szabad gyökök csökkentésében, gátolja a tumorképződést, ezen kívül pedig gyulladáscsökkentő hatással is bír (Tavaszi-Sárosi és mtsai, 2024). Fontos kiemelni, hogy toxinkötő tulajdonságokkal is rendelkezik, ezáltal pedig a takarmányozásban kap (illetve kellene, hogy kapjon) igen nagy jelentőséget (Nagy és mtsai, 2018).

A napjainkban a globális felmelegedés az embereket és az állatokat is megviseli. A tartósan magas hőmérséklet az állatokra is hatással van, az állat szervezete elkezdheti leépíteni a nem létfontosságú folyamatokat. Ezáltal a gazdaságban jelentős termelés kiesés válik tapasztalhatóvá, hiszen csökken a tojás, illetve a tej mennyisége, emellett étvágytalanság miatt az állat a tömegéből is veszít. Egyre több tanulmány bizonyítja, hogy bizonyos gyógynövények a hőháztartásra is igen kedvezően hatnak. A legfontosabb, nálunk is könnyen beszerezhető növények ezek közül a rozmaring (*Rosmarinus officinalis*), a kakukkfű (*Thymus vulgaris*), a fahéj (*Cinnamomum ceylonicum*), a gyömbér (*Zingiber officinale*), a kapor (*Anethum graveolens*) és az édeskömény (*Foeniculum vulgare*) (Abd El-Hack és mtsai, 2020).

7. Fontos gyógynövények az ökológiai baromfitartásban

A baromfitartásban leggyakrabban használt gyógynövények közé a kamilla (*Matricaria recutita*), a fokhagyma (*Allium sativum*), a csalán (*Urtica dioica*), a kakukkfű (*Thymus vulgaris*), a borsmenta (*Mentha x piperita*), a kömény (*Carum carvi*), az orbáncfű (*Hypericum perforatum*), a cickafark (*Achillea millefolium*) és a zsálya (*Salvia officinalis*) tartoznak. Ezen növények jó hatással vannak a májra és a hasnyálmirigyre, fokozzák az étvágyat, mindeközben pedig sok egészségvédő anyagot is (szaponinok, antioxidánsok, flavonoidok, keserűanyagok, illóolajok) tartalmaznak, és gyulladás gátló, antibakteriális hatással is bírnak. Ezeket a növényeket a baromfik szívesen is fogyasztják, hiszen takarmányukhoz adva ízletesebbé teszik azt (Paskudska és mtsai, 2018).

Baromfiknál igen nagy veszélyt tud okozni egy apró parazita, a madártetű atka. Azon kívül, hogy a madarak vérért szívja, így betegségeket terjeszthet, a tollazat hullásához és a tojásmennyiség csökkenéséhez vezet az élősködésük. A korai észlelést nehezíti, hogy nagyon apró állatokról van szó, amelyek a tollak alatt elbújva élnek. Azonban az állatok viselkedéséből, nyugtalanságából és vakaródzásából sejthető, hogy valami nincs rendben. Tanulmányok bizonyították, hogy bizonyos növényi kivonatok és illóolajok, mint például a rozmaring (*Rosmarinus officinalis*), a borsmenta (*Mentha x piperita*), az oregánó (*Origanum vulgare*), a kakukkfű (*Thymus vulgaris*) vagy a citromfű (*Melissa officinalis*) potenciális parazita-kontroll szerként használhatók (Lans és Turner, 2011). Ezen felül meg kell említeni a tiszta fahamu jelentőségét is, ugyanis a fahamus porfürdő távol tartja ezeket az élősködőket a madaraktól, így mindenképpen célszerű az állatok által kedvelt porfürdő helyekre időnként fahamut szórni (Tóth, 2024).

A madárkokciidiózis a csirkék egyik legjelentősebb parazita okozta betegsége. Az egysejtű paraziták a bélcsatornát támadják, aminek a következménye lehet szövetkárosodás, véres hasmenés, gyenge növekedés, súlyos esetekben akár

elhullás is. A kokcidiózis ellen sokféle gyógyszer és vakcina létezik, azonban sajnos káros mellékhatásokkal is számolni kell az alkalmazásukkor. Azonban megoldást jelenthetnek bizonyos gyógynövények, illetve még inkább gyógynövénykeverékek, hiszen sokukban megtalálhatók olyan anyagok, vegyületek, amelyek az oocyta szaporodását gátolják, vagy azt akár el is pusztítják. Ilyen többek között a kakukkfűben (*Thymus vulgaris*) lévő timol és p-cimol, a fehér ürömben (*Artemisa absinthium*) lévő β -tujon és az 1-8-cineol, vagy az oregánóban (*Origanum vulgare*) lévő timol és karvakrol (*El Shall és mtsai, 2022*).

A fokhagyma (*Allium sativum*) is igen fontos és jótékony növényünk, melyet nem szabadna nélkülözni sem az emberi étkezésben, sem a baromfiak takarmányozásában. Jótékony hatásai igen szerteágazóak, koleszterin- és vércukorcsökkentő hatásának köszönhetően hozzájárul a szív- és érrendszer egészségéhez, gátolja a vérrögképződését, ezen felül támogatja az immunrendszert, kezelhetők vele a megfázás tünetei, illetve antioxidáns és antimikrobiális hatóanyagokat is tartalmaz (*Mátray, 2005; Papp és Csupor, 2023*).

A népi állatgyógyászatban a vadgesztenye (*Aesculus hippocastanum*) lereszelt és szárított magja liba- és baromfivész, illetve hasmenéses bántalmak megelőzésére használatos, de javítja a nyirokáramlást és a vénák rugalmasságát is (*Mátray, 2005*).

Az aloe vera (*Aloë vera*) gyulladáscsökkentő, sebgyógyító és antibakteriális hatásáról ismert növény, ezen felül kísérletben bizonyították, hogy a gél 30 ml/l koncentrációban baromfikkal itatva jelentősen javultak a takarmány-értékesítési mutatók (*Auth, 2023*).

Laboratóriumi vizsgálatokkal bizonyították, hogy a tojótyúkok esetén a kamilla és kakukkfű takarmányhoz való adagolása javítja a tápanyagok felszívódását, és azon kívül, hogy komplex hatásuknak köszönhetően egészségesebbé teszik a tyúkokat, még a tojásban lévő telített és telítetlen zsírok arányát is pozitívan befolyásolják (*Fuchs Tojás Kft, 2020*).

8. Fontos gyógynövények az ökológiai szarvasmarhatartásban

Tejelő szarvasmarhák esetén különösen nagy figyelmet kell fordítani a megfelelő takarmányozásra és a kérődzés folyamatos ellenőrzésére, hiszen bármilyen működési zavar hatással lehet a tej mennyiségére, de akár a minőségére is. Kérődzés elősegítésére a kakukkfű (*Thymus vulgaris*) és a kamilla (*Matricaria recutita*) jól alkalmazható, a kis ezerjófű (*Centaurium erythraea*) pedig alkalmas a belekben és az oltógyomorban fellépő gyulladások kezelésére, illetve az előgyomor megfelelő működésének helyreállítására (*Mátray, 2005*).

Szarvasmarhaféléknél a szubklinikai zsírmáj szindróma kezelésében igen nagy hasznát vehetik a gazdák a máriatövisnek (*Sylbium marianum*), ugyanis a máriatövis-kivonat alkalmazása során jelentős javulás mutatkozott a tejtermelés mennyisége és a tehének kondíciójának vonatkozásában egyaránt. Egy másik jelentős gazdasági károkat okozó szarvasmarháknál előforduló betegség, az acidózis esetén is hasznos a máriatövis, ugyanis bizonyítottan javította az acidózisos tehének tejtermelését és a vér pH-értékét egyaránt. Ezen kívül hatással van a tej összetételére is (*Nagy és mtsai, 2018*).

Az édeskömény (*Foeniculum vulgare*) sokféle jótékony hatással rendelkezik. Fokozza a tejelválasztást, javítja az étvágyat, szélhajtó, csökkenti a bélgázképződést,

görcsoldó, fertőtlenítő és gyulladáscsökkentő, de a tüdőre és a légutakra is jól hat, így spray-k összetevőjeként újszülött borjak légzésének támogatására, könnyítésére is használják. Ezen kívül pedig hurutos köhögés esetén teája, illetve tinktúrája köptetőként is bevált (Mátray, 2005; Papp és Csupor, 2023).

Külsőleg gyulladáscsökkentésre és tőgyfertőtlenítésre az eukaliptusz (*Eucalyptus globulus*) illóját tartalmazó készítmények eredményesen használhatók, ugyanis illóolajában igen nagy, 54-95% közötti az eukaliptol aránya, amelynek antibakteriális hatása jelentős (Tavaszi-Sárosi és mtsai, 2024; Mátray, 2005).

9. Fontos gyógynövények az ökológiai sertéstartásban

A korábbi fejezetekben előkerült már a máriatövis (*Silybum marianum*), és láthatuk, hogy mind a baromfi, mind a szarvasmarha esetében igen fontos gyógynövény, de hasonlóan van ez a sertések vonatkozásában egyaránt. Jelentős májvédő és immunerősítő növény, és „mivel a szilimarinnal növeli az antioxidáns fehérjék (glutation, szuperoxid-dizmutáz) szintjét a májban és a teljes szervezetben, így a bélben is, ezért fontos szerepe lehet a gyomor és belek gyulladásos állapotának javításában” (Nagy és mtsai, 2018).

A májhoz kapcsolódóan még fontos megemlíteni a zsírmáj-szindróma betegségét, amely hirtelen elhullást okoz, ennek kivédésére jó megoldás lehet az articsóka (*Cynara cardunculus*), mely elősegíti a megfelelő emésztést, fokozza az epetermelést, csökkenti a vér zsírtartalmát és védi a májat (Mátray, 2005; Papp és Csupor, 2023).

A fokhagyma (*Allium sativum*) a sertésekénél előforduló disznóvész megelőzésére és az étvágy javítására használható, de a korábbiakban említett sokféle hatásának köszönhetően az egész szervezetre jótékony hatással bír (Mátray, 2005). Sertések étvágyjavításához még az orvosi kálmot (*Acorus calamus*) érdemes megemlíteni.

A korábban már említett vadgesztenye (*Aesculus hippocastanum*) fiatal állatok – malac, borjú, bárány – hasmenéses bántalmainak megelőzésére, a kamilla (*Matricaria recutita*) külsőleg sebek ápolására, belsőleg a sertések köhögés-csillapítására hatékonyan alkalmazható. A nagy csalánnak (*Urtica dioica*) fiatal, zsege hajtásait pedig általános immunerősítő, fertőzésmegelőző és roboráló hatásánál fogva megéri a sertések étrendjébe beiktatni, illetve a pitypang (*Taraxacum officinale*) gyökerét és virágzó hajtását is érdemes a takarmányhoz adni, mivel sok vitamint (A, C, K) tartalmaz, segíti az emésztést, salaktalanító, jó hatással van a húgyutakra és a kötőszöveteket is erősíti (Mátray, 2005).

10. Felhasznált irodalom

- Abd El-Hack, M. E. és mtsai. (2020): Herbs as Thermoregulatory Agents in Poultry: An Overview. Science of Total Environment.
- Auth, V. (2023): Gyógynövények használata a mai állatorvosi praxisban. Budapest: Állatorvostudományi Egyetem.
- Bencze-Nagy, J. (2023): A máriatövis takarmányozás-élettani és antimikrobiális hatásának vizsgálata pecsenyekacsákban. Georgikon Campus, Keszthely: Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Festetics Doktori Iskola.
- Bertalan, Z. (2014): Lóakupunktúra, lómasszázs, lóosteopathia. <https://loakupunktura.com/>

- El Shall, N. A. és mtsai.* (2022): Phytochemical control of poultry coccidiosis: a review. *Poultry Sci.*, 101. 101542. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101542>
- Európai Parlament és a Tanács* (2018): Az Európai Parlament és a Tanács (EU) 2018/848 rendelete.
- Európai Parlament és Tanács* (2023): Az Európai Parlament 2023. június 1-jei állásfoglalása az antimikrobiális rezisztencia elleni uniós fellépésről. https://www.europarl.europa.eu/doceo/document/TA-9-2023-0220_HU.html
- Fuchs Tojás Kft* (2020): Gyógynövényekkel táplált tyúk a még jobb rókás tojásért. <http://fuchstojas.hu/gyogynovenyekkel-taplalt-tyuk-a-meg-jobb-rokas-tojasert/>
- Grega, T. - Sady, M. - Kraszewski, J.* (2002): Effect of Herb Mixture Supplementation in Ratio on Milk Yield, Milk Composition and its Technological Suitability. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 18. 15-20.
- Hémangi, D. D.* (2016): Kóstolj bele az ájurvédába! Budaörs.
- Ivanova, S. és mtsai.* (2024): Medicinal plants: A source of phytobiotics for the feed additives. *J. Agric. Food Res.*, 16. 101172. <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2024.101172>
- Kranjec, F.* (2025): Gyógynövények és egyéb természetes kiegészítők alkalmazásának múltja, jelen és jövője az állattenyésztésben. Debrecen: Ökológiai Mezőgazdasági Kutatóintézet.
- Lans, C. - Turner, N.* (2011): Organic parasite control for poultry and rabbits in British Columbia, Canada. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine*, 7. 21. <https://doi.org/10.1186/1746-4269-7-21>
- Magyar Homeopata Orvosi Egyesület* (2017): Röviden a homeopátiáról. <https://www.homeopata.hu/hu/content/roviden-homeopatiarol>
- Mátray, Á.* (2005): Az ökológiai és alternatív állatgyógyászat alapjai. Budapest: Mezőgazda Kiadó.
- Mézes, M.* (2015): Antibiotikumok alternatívái a sertések takarmányozásában. *Agrárágazat*, 16. 42-44.
- Nagy, J. - Pál, L. - Rózsa, L.* (2018): Máriatövis felhasználási lehetőségei a gazdasági állatok takarmányozásában. *Animal Welfare, etológia és tartástechnológia*, 14. 78-91. <https://doi.org/10.17205/SZIE.AWETH.2018.2.078>
- Papp, J. - Csupor, D.* (2023): Gyógyítás és egészségmegőrzés növényekkel. *Accredit.*
- Paskudska, A. - Kolodziejczyk, D. - Socha, S.* (2018): The use of herbs in animal nutrition. *Acta Sci. Pol. Zootechnica*, 17. 3-14.
- Scheffer, M.* (2001): Az eredeti Bach-virágterápia. A gyógymód teljes elméleti és gyakorlati bemutatása. Budapest: Magyar Könyvklub.
- Tavaszi-Sárosi, S. - Lakatos, M. - Radácsi, P.* (2024): Gyógynövények gyűjtése, termesztése és felhasználása. Budapest: MATE Kertészettudományi Intézet.
- Tóth, Z. L.* (2024): Így neveld a tyúkodat. Generál Nyomda.
- Wynn, S. G. - Fougère, B. J.* (2007): *Veterinary Herbal Medicine*. St. Louis, USA: Mosby-Elsevier.

Érkezett: 2025. október

Szerzők címe: *Pentaller, D. - Laczkó, H. - Abella, D. - Asbóth, Z. - Bene, Sz. - Polgár, J. P. - Benedek, Zs.**
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus

Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Georgikon Campus
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
*levelező szerző, e-mail: Benedek.Zsuzsanna@uni-mate.hu

**Kókusz-, pálmazsír és napraforgó olaj kiegészítés hatásainak vizsgálata
brojlercsirkék takarmányozási, termelés, valamint egyes húsminőségi,
biokémiai és szövettani paramétereinek vonatkozásában**

**Investigation of the effects of coconut, palm oil and sunflower
oil supplementation on feeding, production and some meat quality,
biochemical and histological parameters of broiler chickens**

ZIMBORÁN Ágnes

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

Témavezetők (supervisors): ERDÉLYI Márta PhD
és KOVÁCS-WÉBER Mária PhD

ÖSSZEFOGLALÁS

Napjainkban a baromfi termékek iránt igen nagy az érdeklődés. Ezt a nagy keresletet zárt, intenzív tartással tudják a termelők kielégíteni. Emellett nem csak a konvencionális tartásmód, hanem a bio, a szabadtartásból származó, illetve a hozamfokozóktól és antibiotikumoktól mentes baromfitermékek iránt is egyre jobban növekszik az érdeklődés. A keresztezési és a nemesítési munka mellett a takarmányozás gazdaságossága és az alapanyagok minősége is fontos kérdés. A hozamfokozó és antibiotikum mentes állattartást törvényi előírások is szabályozzák.

Munkámat ez a szabályozás helyezte előtérbe. Célom természetes anyagok felhasználása volt, és azok pozitív hatásainak kiaknázása. A tenyésztésben sokszor használt Cobb 500-as hibridet választottam a vizsgálataim elvégzéséhez. A hibrid előnye, hogy jó életképességgel, erős láb és vázszerkezettel rendelkezik, emellett a mellhús kihozatala is kiváló. A kókusz- és pálmazsír a közepesen hosszú szénláncú zsírsavtartalma miatt az előzetes irodalmi kutatások során választottam ki. A napraforgó olajat pozitív kontrollként szerettem volna vizsgálni, hogy a megnövekedett energiatartalom a takarmányban megjelenjen, de az egyéb potenciális hatásokat ne befolyásolja.

A takarmány-fogyasztás és a takarmány-értékesítés esetén a KO csoport eredményei lettek a legkedvezőbbek, vagyis a kókuszszíros kiegészítés kisebb takarmányértékesítést és takarmányfogyasztást eredményezett, míg a termelési paraméterek tekintetében a testtömeg és a testtömeg-gyarapodás esetében nem mutatkoztak számottevő különbségek a különböző kiegészítések hatására. A testtömeg a K csoport esetében volt a legnagyobb, azonban a testtömeg nem maradt el olyan nagymértékben mögötte. A KO csoport testtömege bizonyult a kísérleti csoportok közül a legnagyobbnak, míg a nagyobb tömeggyarapodást a PO csoport érte el, annak ellenére, hogy a végső 42. napon mért testtömege elmaradt a KO csoportéhoz viszonyítva.

A melltömegnek a vágott testhez viszonyított aránya minden kiegészítés esetén elmaradt a kontroll csoporthoz képest. A KO csoportnál mértem a legnagyobb relatív melltömeget a vizsgálati csoportok között. A húsmínőségi paraméterek esetén bizonyos paraméterek vizsgálata során a kókuszszír, míg más paraméterek esetében a pálmazsír bizonyult jobbnak. A pH45 és pH24 esetében is a nagyobb pH a PO csoportnál volt mérhető, azonban a pH csökkenés mértéke a KOPO csoportnál volt a legkisebb. A szín nehezen megítélhető, mivel a fogyasztói igények mindenhol eltérnek. A világosság és pirosság tekintetében a PO, a sárgaság kapcsán a KO csoport mutatta a nagyobb értéket. A csepegési veszteség esetén a legkisebb veszteséget a KO csoportnál mértem, míg a konyhatechnikai veszteségek (kiolvadási, sütési, hűlési veszteség) a PO csoport esetében voltak a legkedvezőbbek. A porhanyósság vizsgálatakor a PO csoport mintái bizonyultak szignifikánsan a porhanyósabbnak.

Az egyéb paraméterek, mint a biokémiai, a szövettani és a mikrobiológiai, vizsgálata során mindkét zsír hatása megfelelőnek mondható. A kókuszszír eredményessége bebizonyosodott a *Clostridium perfringens* jelenlétével szemben.

Összességében elmondható, hogy a takarmányozási és termelési paraméterek szempontjából az 5%-os kókuszszír-kiegészítés, míg a húsmínőségi paraméterek vonatkozásában az 5%-os pálmazsír-kiegészítés bizonyult jobbnak.

Summary

Nowadays, there is a lot of interest in poultry products. Producers can satisfy this high demand with closed, intensive keeping. In addition, there is a growing interest not only in conventional farming methods, but also in organic, free-range poultry products that are free of yield enhancers and antibiotics. In addition to cross-breeding and breeding work, the economics of feeding and the quality of raw materials are also important issues. Animal husbandry without yield enhancers and antibiotics is also regulated by law.

My work was prioritized by this regulation. My goal was to use natural materials and exploit their positive effects. I chose the Cobb 500 hybrid, often used in breeding, to carry out my tests. The advantage of the hybrid is that it has good vitality, strong legs and frame structure, and the yield of breast meat is also excellent. Coconut and palm oil were selected during preliminary literature research due to their content of short- and medium-long carbon chain fatty acids. I wanted to examine sunflower oil as a positive control, so that the increased energy content appears in the feed, but does not affect the other potential effects of supplements. In addition to preserving the production parameters and meat quality parameters, it was important that the animals were resistant to microbiological effects, without pharmaceutical intervention.

In the case of feed intake and feed conversion ratio, the results of the KO group were the most favorable, that is, the coconut oil supplement resulted in lower feed conversion ratio and feed intake, while in terms of production parameters, body weight and body weight gain did not show any significant differences as a result of the different supplements. The body weight was the highest in the case of the K group, but the body weight did not lag behind it to such a great extent. The KO group proved to be the largest of the supplemented groups, while the PO group

achieved the largest weight gain, despite the fact that its body weight measured on the final day 42 was lower than that of the KO group. The ratio of the breast weight to the cut body was lower than the control group for all supplements. In the KO group, I measured the largest relative breast mass among the test groups.

In the case of meat quality parameters, during the examination of certain parameters, coconut oil was found to be better, while palm oil was found to be better for other parameters. In the case of pH45 and pH24, the higher pH could be measured in the PO group, however, the degree of pH decrease was the smallest in the KOPO group. Color is difficult to judge as consumer needs differ everywhere. In terms of lightness and redness, the PO group showed the highest value, and the KO group showed the highest value in terms of yellowness. In the case of drip loss, I measured the smallest loss in the KO group, while kitchen technical losses (defrosting, grilling loss, cooling loss) were the most favorable in the case of the PO group. When testing the powderiness, the samples of the PO group proved to be the softest, which can be supported as a significant difference.

In other parameters, such as biochemical, histological and microbiological tests, the effect of both fats can be said to be adequate. Coconut oil has been proven effective against the presence of *Clostridium perfringens*.

All in all, it can be said that the 5% coconut fat supplement proved to be better for the aspects of feeding and production parameters, while the 5% palm oil supplement proved to be better for the meat quality parameters.

Forrás: https://uni-mate.hu/documents/20123/8053649/Zimbor%C3%A1n_%C3%81gnes_Disszert%C3%A1ci%C3%B3_V%C3%A9gleges_2024.07.29.pdf/1ce548de-4ab8-0df4-9dbf-7d6fa30eb52a?t=1726810916445

A csuka (*Esox lucius*) üzemi spermamélyhűtési technológiájának kidolgozása és a mélyhűtött spermából származó lárvák vizsgálata

The development of large scale sperm cryopreservation in northern pike (*Esox lucius*), and examination of larvae stem from cryopreserved sperm

MOLNÁR József

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

Témavezetők (supervisors): BOKOR Zoltán PhD és BERNÁTH Gergely PhD

ÖSSZEFOGLALÁS

A csuka (*Esox lucius*) jelentős halászati, horgászati és szocio-ökológiai értékkel rendelkezik szerte Euráziában és Amerikában. A túlhalászat és az élőhelyek degradációja folyamatosan csökkenti az életterét és a faj egyedszámát. Az elsősorban horgász sporthal célú kereslet iránta folyamatosan nő. A keltezőházi szaporításának eredményei szezononként nagy variabilitást mutatnak, és nem mindig tudják kielégíteni a telepítőanyag iránti igényeket. A problémát legtöbbször a rendelkezésre álló tejesek száma, ezáltal a megfelelő mennyiségű és minőségű sperma hiánya jelenti. A tejesek heréjének lebenyes szerkezete és a tenyészállatok befogása okozta stressz hatása miatt a klasszikusan alkalmazott fejési technikával csak relatívan kis mennyiségű és alacsonyabb minőségű sperma nyerhető ki. Az általánosan alkalmazott módszer szerint a here kioperálásával nyerik ki a spermát, ami az egyedek leölésével jár.

Munkám összefoglalja a keltetőházban is alkalmazható, üzemi szintű csuka-sperma mélyhűtési technológiájának a fejlesztését és egységesítését, valamint a fagyasztott spermából származó lárvák rövidtávú (keléstől számított 10 napos) fejlődéstani vizsgálatát. Tudomásom szerint nagy térfogatú tárolóegységben (5-10 ml) még nem mélyhűtöttek csukaspermát és nem vizsgálták a spermafagyasztás lárvá növekedési és morfológiai paramétereire gyakorolt hatását sem.

A mélyhűtés kezdeti szakaszában szükséges volt meghatározni a megfelelő hímivartermék gyűjtési módszert és kifejleszteni egy mélyhűtéshez alkalmas fajspecifikus hígító oldatot. Kísérleteimben teszteltem a hormonális kezelés spermaminőségre gyakorolt hatását. Szignifikánsan magasabb progresszív motilitást (pMOT) rögzítettem a kezelt csoportban ($43 \pm 20\%$) a kontrollhoz képest ($18 \pm 15\%$). A csuka közeli rokona, a muskellungesperma szeminális plazmájának összetétele alapján állítottam össze a hígítót, majd teszteltem a polisztirol dobozban végzett mélyhűtés alatt a glükózzal és trehalózzal kiegészített hígító hatását a sperma motilitási paramétereire nézve. A három hígítási aránnyal a trehalóz nem (1:3: $0,3 \pm 1\%$, 1:9: $1 \pm 1\%$, 1:19: $4 \pm 2\%$), a glükóz alapú hígító viszont alkalmasnak bizonyult (1:3: $18 \pm 16\%$, 1:9: $20 \pm 13\%$, 1:19: $16 \pm 12\%$) a pMOT megőrzésére.

Az oldat pontos összetétele: 150 mM glükóz, 75 mM NaCl, 30 mM KCl, 1 mM $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 12\text{H}_2\text{O}$, 1 mM $\text{MgCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$, 1 mM $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$, 20 mM Tris, 0,5% BSA, pH $8 \pm 0,02$ és 10% metanol volt. A hígító tesztelése után összehasonlítottam a fejés és here kioperálásának módszerét. A mélyhűtött sperma felolvasztása után a progresszív motilitásban nem találtam különbséget a fejésből ($37 \pm 27\%$), illetve a kioperált heréből ($29 \pm 17\%$) származó minták között.

A kutatás következő szakaszában a mélyhűtési volumen intenzifikálását végeztem el, amelyet a programozható fagyasztó berendezés (CRF) csukasperma mélyhűtési alkalmazhatóságának tesztelésével kezdtem. A CRF ellenőrzött és standardizálható körülményeket biztosít a polisztirol dobozzal szemben, amellyel növelhető a mélyhűtés optimalizálása. A 0,5 ml-es műszalma mélyhűtését követően nem találtam igazolható eltérést a polisztirol doboz ($45 \pm 11\%$) és a CRF ($42 \pm 17\%$) progresszív motilitási értékei között. A fagyasztási úrtartalom növelését a CRF és a 10 ml-es kriocső alkalmazásával folytattam. A három különböző hígítási arány pMOT értékei között nem találtam szignifikáns eltérést (1:3: $20 \pm 10\%$, 1:9: $30 \pm 9\%$, 1:19: $31 \pm 7\%$). A megfelelő mélyhűtési program (kiindulási hőmérséklet: 4°C , végpont: -160°C , hűtési sebesség $15^\circ\text{C}/\text{perc}$, 1:9 hígítási arány) tesztelése után a minták felolvasztási időtartamának standardizálását végeztem el. A pMOT nem mutatott statisztikailag igazolható eltérést a vizsgált 3 perc ($30 \pm 6\%$), 3,5 perc ($29 \pm 6\%$), valamint 4 perc ($28 \pm 8\%$) felolvasztási idő között. A 10 ml-es kriocső mélyhűtési technológiájának optimalizálása után összehasonlítottam az eljárást az 5 ml-es műszalma polisztirol doboz és CRF-ben végzett mélyhűtésével. Felolvasztást követően nem tapasztaltam szignifikánsan eltérő pMOT értékeket a polisztirol dobozban mélyhűtött 5 ml-es műszalma ($50 \pm 9\%$), CRF-ben mélyhűtött 5 ml-es műszalma ($57 \pm 10\%$), és a 10 ml-es kriocső ($41 \pm 10\%$) csoportok eredményei között.

A nagy mennyiségű csukasperma mélyhűtés optimalizálását követően keltetőházi körülmények között teszteltem korábbi eredményeimet. A kísérlet kezdetén, kioperált heréből származó kontroll sperma szignifikánsan magasabb pMOT értéket mutatott ($74 \pm 7\%$), mint a kísérlet végén (5 órával később) mért kontroll ivartermék ($31 \pm 13\%$) és a három mélyhűtött csoporté (polisztirol doboz 5 ml-es műszalma: $32 \pm 3\%$, CRF 5 ml-es műszalma: $53 \pm 6\%$ és a CRF 10 ml-es kriocső: $15 \pm 4\%$). A kísérlet végén mért pMOT értéke szignifikánsan csökkent a kísérlet kezdetén mért értékhez képest. A sperma progresszív motilitás eltérései mellett a kelési arányokban már nem találtam szignifikáns eltérést a négy csoport értéke között: friss sperma: $7 \pm 4\%$, polisztirol doboz 5 ml-es műszalma: $16 \pm 8\%$, CRF 5 ml-es műszalma: $21 \pm 16\%$ és CRF 10 ml-es kriocső: $11 \pm 2\%$).

A keltetőházi körülmények között végzett csukaszaporítást követően vizsgáltam a mélyhűtött spermából származó lárvák fejlődését. A keléstől kezdődő 10 napos kísérletben a vizsgált három lárvafejlődési stádiumban (közvetlen kelés után, a nem- táplálkozó lárvaszakasz végén és 5 napos táplálkozó lárvaszakaszban) a mélyhűtésből származó lárvák testtömeg és testhossz adatai megegyeztek vagy meghaladták a kontroll csoport növekedését. A három mintavételi időpont átlagában nem találtam számottevő különbséget a kontroll és a kezelt csoportok lárvatorzulási értékei között (7,66-11,71%). A lárvamegmaradás elemzésénél a különböző csoportokban statisztikailag igazolhatóan nem eltérő, magas értéke-

ket írtam le: friss: 69%, polisztirol doboz 5 ml-es műszalma: 80%, CRF 5 ml-es műszalma: 74%, CRF 10 ml-es kriocső: 74%.

Összefoglalva eredményeimet, sikeresen kifejlesztettem egy, a csukasperma mélyhűtéséhez alkalmazható hígítót. Adaptáltam a nagy mennyiségű (5 ml-es műszalma, 10 ml-es kriocső) spermafagyasztási módszert a programozható fagyasztó berendezéshez. Optimalizáltam a 10 ml-es kriocső mélyhűtési és felolvasztási technikáját. Sikeres csukaszaporítást hajtottam végre az 5 ml-es műszalmával, illetve a 10 ml-es kriocsővel üzemi körülmények között. A mélyhűtött spermából származó lárváknál nem tapasztaltam negatív hatást azok fejlődésükre és megmaradására a kelést követő első 10 napban.

Az általam alkalmazott mélyhűtési technológia alkalmasnak tűnik a keltetőházi felhasználásra.

Summary

Northern pike (*Esox lucius*) has great economical, fishing and eco-sociological importance as well all over Europe and America. Areas required for reproduction and habitats have been greatly reduced due to overfishing and habitat degradation. There is also a growing angling demand for the species. The results of artificial propagation show great variability season by season. Productive and technological developments are required as pond fish production is currently unable to satisfy the sudden increase in demand. Most of the time, the problem comes from the lack of available males therefore absence of the sufficient quantity and quality of sperm. In males, the general abdominal stripping method is not effective due to the anatomical characteristics of the testis (low volume and quality of sperm). The dissection of the testis is a much more effective sampling method in the hatchery practice. By using this method, in quality and quantity a much higher type of sperm can be obtained although it requires males to be sacrificed in every spawning season.

My research summarises the improvement and standardization of large-scale sperm cryopreservation method in northern pike for hatchery application, as well as the investigation of larval development (10 days from hatching) stem from cryopreserved sperm. As far as I know, northern pike sperms have not yet been cryopreserved in large-amount (5 mL straw, 10 mL cryotube), and the effect of sperm freezing on larval growth and morphological parameters has not been investigated.

Firstly, the optimal sampling method will be defined for pike sperm collection. A specie-specific sperm dilution solution suitable for cryopreservation must be developed. In my experiments, the effect of hormonal treatment on sperm quality was tested. A significantly higher progressive motility (pMOT) was recorded in the treated group ($43 \pm 20\%$) compared to the control ($18 \pm 15\%$). The extender was developed based on the composition of the seminal plasma of the sperm of the muskellunge (*Esox masquinongy*), a close relative of the pike. The effect of adding glucose and trehalose to the diluent during cryopreservation in a polystyrene box was investigated in relation to sperm motility parameters. With the three dilution ratios, trehalose was not suitable to preserve pMOT (1:3 – $0.3 \pm 1\%$, 1:9 – $1 \pm 1\%$, 1:19 – $4 \pm 2\%$), but the glucose-based extender was operable (1:3 – $18 \pm 16\%$, 1:9 – $20 \pm 13\%$, 1:19 – $16 \pm 12\%$). The exact composition of the extender: 75 mM NaCl,

30 mM KCl, 1 mM $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 12\text{H}_2\text{O}$, 1 mM $\text{MgCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$, 1 mM $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$, 20 mM Tris, and 0.5% BSA, pH: 8.0 ± 0.2 and 10% methanol as cryoprotectant. After testing the extender, the method of stripping and operation of the testis was compared. After thawing the cryopreserved sperm, similar progressive motility was recorded between stripping ($37 \pm 27\%$) and dissection of the testis ($29 \pm 17\%$).

In the next phase of my research, the intensification of large-scale sperm cryopreservation has been completed. The applicability of a polystyrene box with 0.5 and 5 mL straws and of a controlled-rate freezer (CRF) with 5 mL straws and 10 mL cryotube were investigated. CRF can provide controlled and standardized conditions in contrast with polystyrene box, which can be used to increase the optimization of cryopreservation. After the cryopreservation of the 0.5 mL straw, in the value of pMOT not any verifiable difference was observed using polystyrene box ($45 \pm 11\%$) or CRF ($42 \pm 17\%$). The comparison of three different dilution ratios in sperm cryopreservation using 10 mL cryotube was also carried out. No significant difference was measured in pMOT between the three difference dilution ratios (1:3 - $20 \pm 10\%$, 1:9 - $30 \pm 9\%$, 1:19 - $31 \pm 7\%$). After the systematic development and optimization of large-scale cryopreservation method (starting temperature: 4°C , end point: -160°C , cooling rate: $15^\circ\text{C}/\text{min}$ and 1:9 dilution ratio), the thawing duration of the samples was standardized. Furthermore, a similar result was found in the case of the standardization of the thawing process by the 10 mL cryotube. 3, 3.5, and 4 minutes of thawing showed a similar progressive motility ($30 \pm 6\%$ and $29 \pm 6\%$ and $28 \pm 8\%$). After testing the optimizes of the 10 mL cryotube to CRF, the cryopreservation of 5 mL straw in polystyrene box and in CRF and 10 mL cryotube in CRF were also compared. No significant difference was recorded in pMOT between 5 mL straw cryopreserved in polystyrene box ($50 \pm 9\%$), the 5 mL straw frozen in CRF ($57 \pm 10\%$) and the 10 mL cryotube ($41 \pm 10\%$).

Following the large-scale sperm cryopreservation research, my results were tested under hatchery conditions. Significant pMOT differences were observed in different groups: fresh sperm ($74 \pm 7\%$), fresh at the end of the experiment (5 hours later) ($31 \pm 13\%$), polystyrene box 5 mL straw ($32 \pm 3\%$), CRF 5 mL straw ($53 \pm 6\%$), CRF 10 mL cryotube ($15 \pm 4\%$). The pMOT measured at the end of the experiment decreased significantly compared to the value measured at the beginning of the experiment. Except for the differences in sperm progressive motility, no verifiable differences were measured in the hatching rates of the four groups: native sperm: $7 \pm 4\%$, polystyrene box 5 mL straw: $16 \pm 8\%$, CRF 5 mL cryotube: $21 \pm 16\%$ and CRF 10 mL cryotube: $11 \pm 2\%$).

Northern pike propagation was carried out using fresh and cryopreserved sperm using three different methods (polystyrene box 5 mL straw, CRF 5 mL straw, and 10 mL cryotube CRF). In the next phase of my research, investigation of larvae stem from cryopreservation sperm was performed. The larvae rearing experiment was maintained for 10 days following hatching. Morphological and growth parameters were being monitored immediately after hatching, at the end of the non-feeding larvae stage and in the 5 days of feeding larvae stage. The growth parameters of cryopreserved groups were equal or exceeded the data of the fresh group, which requires further research. In the average of the three sampling times, no verifiable differences were recorded between the larval malformation values of the control and the treated groups (7.66- 11.71%). At the end of the experiment, similarly high

survival rate was observed in all groups (fresh sperm: 69%, polystyrene box 5 mL straw: 80%, CRF 5 mL straw: 74%, and 10 mL cryotube CRF: 74%).

In conclusion it can be declared that an extender specialized for northern pike species has been developed. The sperm freezing methods (5 mL straw and 10 mL cryotube) were successfully adapted to a controlled-rate freezer. The cryopreservation method and thawing time of the 10 mL cryotube has been standardized. I have successfully propagated northern pike using the 5 mL straw and the 10 mL cryotube under practical conditions. The cryopreservation technology used had no negative effect on the development and survival rate of the larvae during the first 10 days after hatching.

My results indicate that the 5 mL straw and 10 mL cryotube methods seem suitable for use in the hatchery practice.

Forrás: https://uni-mate.hu/documents/20123/8053649/Ertekezes_Molnar_Jozsef.pdf/3f51226e-f1cf-f338-78f4-14aaa8a53b9a?t=1730795521224

Development of selection indices on the Hungarian pig breeds

KODAK Oleksandr

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

Témavezetők (supervisors): NAGY István DSc és KÖVÉR György PhD

Summary

Farrowing records of 5 Hungarian breeds of pigs were reported: Duroc (HD), Hampshire (HH) and Pietrain (HP) and maternal: Large White (HLW), Landrace (HL). Also were reported results for F1 cross generation of Large White and Landrace.

The results of heritability (HD, HH and HP) of the models analyses show that NBA for all models was low and range in diapason 0.10 - 0.11. There was also a slight tendency for NWE in all models too and evaluated with values between 0.08 - 0.09. Measuring heritability of LWWE for all models had a same low tendency and range 0.11 - 0.13. Standard errors for estimated parameters were less than 0.03 in all models.

The ratios of the permanent environmental variance to the phenotypic variance (HD, HH and HP) for NBA had low impact in all models and ranged from 0.07 to 0.08. Likewise, NWE showed low magnitude between 0.04 - 0.05 for all models. Similarly, LWWE had lowest values of environmental impact in comparison with NBA and NWE and was assessed at range 0.02 – 0.03 for all models. Standard errors for estimated parameters were less than 0.03.

Genetic trends were not significant for NBA and NWE traits in case of HD breed. Significant difference observed for LWWE trait with $Pr > |t|$ ranging 0.01 - 0.02 with trends values 0.14 - 0.20 kilogram per year. Genetic trends of Hampshire breed were not significant for NBA and NWE but showed the same tendency for all models. LWWE was significant with $Pr > |t|$ 0.03 - 0.04, with negative trends -0.25 - -0.24 kilogram per year. Estimated genetic trends of Pietrain breed were 69 significant for NBA and NWE traits. NBA had positive trends with $Pr > |t|$ 0.01 - 0.009 with a ranged value 0.01 – 0.02 piglets per year for all models. NWE had $Pr > |t|$ 0.001 - 0.0008 with the same genetic trends 0.02 piglets per year. LWWE was not significant.

Heritability (HLW, HL and F1) for NBA and NWE was the same for all seven models. On the contrary, heritability estimates for LWWE were higher in comparison with NBA and NWE.

The permanent environmental variance component (HLW, HL and F1) was small for all traits. The HLW breed had positive and significant genetic trends for all seven models and for all three traits. HL breed had significant trends for NBA, which was negative and for NWE the results were positive.

Using the estimated breeding values a desired index was constructed in order to improve each trait by one additive genetic standard deviation. The constructed indices result in one number (aggregate genetic merit).

Tartalom, 2025. Vol. 74. (*Content, 2025 Vol. 74*)

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) 1. 62-76.

Balogh Petra – Babay-Török Barbara – Biskup Miklós – Pajor Gábor – Stibinger Éva – Márton Aliz: Húshasznú szarvasmarha gulya legelésének komplex vizsgálata precíziós eszközökkel – előtanulmány (A pilot study on the complex examination of beef cattle grazing with precision tools) 4. 331–346.

Bana Bernadett – Gallen Attila – Tőzsér János: A fekete katonalégy jelentősége a körforgásos gazdaságban (The importance of the black soldier fly in the circular economy) 2. 123–137.

Bana Bernadett – Nagy Tamara Erika – Takács Georgina – Alpár Botond – Tóth Tamás – Zsédely Eszter: A folyadékfázisú fermentáció (LSF) hatása a búzadara - korpa - szójadara abrakkeverék bendőbeli lebonthatóságára szarvasmarhában (*in sacco* vizsgálat) (Effect of liquid-state fermentation on the ruminal degradability of a wheat meal - wheat bran - soybean meal concentrate in cattle: an *in sacco* study) 4. 296–310.

Bognár László – Kőrösi Zsolt Jenő – Anton István – Bene Szabolcs – Szabó Ferenc: Tenyésztértébecslési módszerek összehasonlítása azonos környezeti feltételek mellett holstein-fríz tehenek tejtermelési tulajdonságaira (Comparison of different breeding value estimation methods for milk production traits of Holstein-Friesian cows under identical environmental conditions) 4. 281–295.

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 tenyésztértékére (Associations between single nucleotide polymorphisms and the estimated breeding value for milk, fat and protein yield of Holstein-Friesian cows in Hungary) 1. 15-28.

Demény Márton János – Szűcs Márton – Tőzsér János: A növendék húsmarhák takarmányhasznosítását befolyásoló biológiai sajátosságok, és szelekciós lehetőségek (Biological characteristics influencing feed efficiency in growing beef cattle and selection possibilities) 3. 220–237.

Galambos Petra – Asbóth Zoé Orsolya – Szakács Attila – Bene Szabolcs – Polgár J. Péter: Borjúnevelési teljesítmény vizsgálata angus állományban (Examination of calf rearing performance in Angus herd) 3. 238–247.

Holló Gabriella – Szabó Ferenc: Szemléletek és szereplők az állattenyésztés világából a reformkortól napjainkig az MTA Pécsi Területi Bizottságának régiójában (Perspectives and persons from the world of animal husbandry from the reform era to the present day in the region of the Pécs Regional Committee of the Hungarian Academy of Sciences) 3. 175–192.

Horváth Boglárka – Baranyay Henrik – Such Nikoletta – Wágner László – Dublec Károly – Pál László: Alternatív tojótyúk takarmányozási rendszerek lehetőségei és korlátai (Possibilities and limitations of alternative feeding systems for laying hens) 2. 92–108.

Horváth Boglárka – Baranyay Henrik – Such Nikoletta – Wágner László – Dublec Károly – Pál László: Tojótyúkok eltérő kalcium ellátásának vizsgálata osztott etetési technológiában (Investigations on the effects of different calcium supply of laying hens in a split feeding system) 2. 138–154.

Keleméri Gábor: A hústehen borjúelőállító-képessége – Kandidátusi disszertáció összefoglaló ismertetése (Calf producing ability of the beef cow – Summarizing paper of a PhD thesis) 1. 29-44.

Kovács Ákos Péter – Bene Szabolcs – Abella Dorina – Asbóth Zoé – Polgár J. Péter: A béta-kazein genotípus hatása magyar tarka tehenállomány első laktációs tejtermelésére (The effect of beta casein genotype on first lactation milk production in Hungarian Simmental cows) 2. 155–163.

Kőrösi Zsolt Jenő – Bene Szabolcs – Bognár László – Szabó Ferenc: Holstein-fríz tehenek néhány tőgy küllemi tulajdonságának öröklődhetősége, trendje és kapcsolata a tejtermeléssel (Population genetic parameters and trends in milk production and udder traits in Holstein-Friesian cows) 4. 311–330.

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) 1. 45-61.

Molnár Tamás – Marton Csaba – Benedek Ildikó – Urbányi Béla: A süllő (*Sander lucioperca* L.) domesztikációja és intenzív nevelése során fellépő változások - Irodalmi áttekintés (Changes occurring during the domestication and intensive culture of the pikeperch (*Sander lucioperca* L.) - Literature review) 3. 193–205.

Nahaji Péter – Hetényi Nikoletta: 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) 1. 5-14.

Nagy Rita – Tempfli Károly – Tossenberger János: A genomikai információk felhasználási lehetősége a vírus rezisztenciára irányuló nemesítésben - Irodalmi áttekintés (The potential of genomic information in breeding for virus resistance - Literature review) 2. 109–122.

Pentaller Dorina – Laczkó Hajnalka – Abella Dorina – Asbóth Zoé – Bene Szabolcs – Polgár J. Péter – Benedek Zsuzsanna: Gyógynövények az ökológiai állattartásban (Medicinal plants in organic animal husbandry) 4. 347–361.

Polgár J. Péter – Pál László: Az állattenyésztés és takarmányozás 200 éve. 2. 89–91.

Szabó Ferenc – Rózsa László – Holló Gabriella: Állattenyésztési kutatások, fejlesztések, e téren meghatározó személyek Keszthelyen. 1. 1-4.

Szabó Kitti – Kovács-Mesterházy Zoltán – Pongrácz László – Tőzsér János: A muraközi ló szerepe és megőrzésének lehetőségei napjainkban (The role of the Muraközi horse and conservation options today) 3. 206–219.

Zsolnai Attila – Szalai Gábor – Curik Ino – Anton István – Hudák Péter – Varga László: Az utódok maximális heterozigóztatására irányuló szelekció a kis létszámú állatpopulációk genetikai diverzitásának megmentésére (Selection for maximum heterozygosity of offspring to preserve genetic diversity in small animal populations) 4. 265–280.

Köszönetnyilvánítás

Ezúton is szeretnénk megköszönni Szerzőinknek a színvonalas kéziratokat, illetve az azok összeállítására, szerkesztésére és javítására szánt munkájukat.

A 2025-es évben szerzőink voltak:

Abella Dorina	Horváth Boglárka	Rózsa László
Alpár Botond	Hudák Péter	Stibinger Éva
Anton István	Keleméri Gábor	Such Nikoletta
Asbóth Zoé Orsolya	Komlósi István	Szabó Ferenc
Babay-Török Barbara	Kovács Ákos Péter	Szabó Kitty
Baccouri, Wissem	Kovács-Mesterházy Zoltán	Szakács Attila
Balogh Petra	Kőrösi Zsolt Jenő	Szalai Gábor
Bana Bernadett	Laczkó Hajnalka	Szűcs Márton
Baranyay Henrik	Marton Csaba	Takács Georgina
Bene Szabolcs	Márton Alíz	Tempfli Károly
Benedek Ildikó	Márton Judit	Tossenberger János
Benedek Zsuzsanna	Mikó Edit	Tóth Tamás
Biszkup Miklós	Molnár Tamás	Tóth Violetta
Bognár László	Nagy Rita	Tózsér János
Curik Ino	Nagy Tamara Erika	Urbányi Béla
Demény Márton	Nahaji Péter	Varga László
Dublecz Károly	Pajor Gábor	Wanjala, George
Galambos Petra	Pál László	Wágner László
Gallen Attila	Pentaller Dorina	Zsédely Eszter
Hetényi Nikoletta	Polgár J. Péter	Zsolnai Attila
Holló Gabriella	Pongrácz László	

Köszönettel tartozunk továbbá lektorainknak, akik munkájukkal, véleményükkel és bírálataikkal nagyban hozzájárultak a folyóiratban megjelent dolgozatok minőségének javításához.

A 2025-és évben lektoraink voltak:

Beliczky Gábor	Márton István
Bene Szabolcs	Mézes Miklós
Füller Imre	Nagy Szabolcs Tamás
Galamb Eszter	Pál László
Horváthné Baracsi Éva	Polgár J. Péter
Husvéth Ferenc	Szabó Ferenc
Kovács Levente	Taller János
Kovács-Mesterházy Zoltán	
Lengyel Zoltán	
Márton Alíz	

A szerkesztőség nevében, köszönettel:
Bene Szabolcs



- › 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 (Mosonmagyaróvár)

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 borítékre 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