

Debreceni Egyetem
Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és
Környezetgazdálkodási Kar

Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet

Intézetvezető

Prof. Dr. Komlósi István

egyetemi tanár

A HAZAI CHAROLAIS BIKÁK GENOMTENYÉSZÉRTÉKEINEK
ÖSSZEHASONLÍTÓ ÉRTÉKELÉSE

TDK dolgozat

Bojti Dóra Noémi

állattenyésztő mérnök

Konzulens:

Dr. Béri Béla

egyetemi docens

Debrecen

2022

Tartalomjegyzék

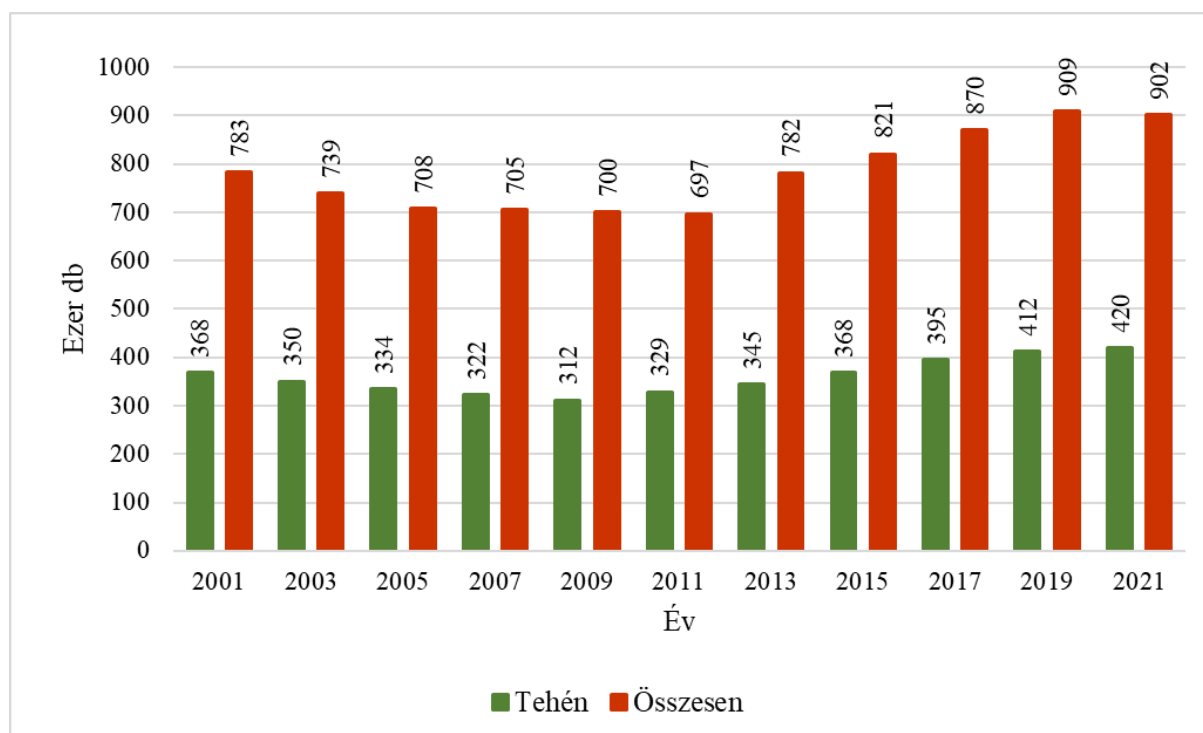
Bevezetés	3
1. Célkitűzés	6
2. Irodalmi áttekintés	8
2.1 A charolais fajta kialakulása, elterjedése és jellemzése.....	8
2.2 A hagyományos és genomikai tenyésztérbécslés lényege, szerepe a szarvasmarhatenyésztésben.....	13
2.3 A genomikai tenyésztérbécs megbízhatósága	16
2.4 A genomikai tenyésztérbécslés a charolais fajtánál	18
3. Anyagok és módszerek.....	20
4. Eredmények és értékelésük	22
4.1 A születési év hatása a genomikai tenyésztérbécsre	22
4.2 A szarvaltság hatása a genomikai tenyésztérbécsre	25
4.3 A genomikai tenyésztérbécs alakulása bikák termékenyítési engedélye szerint történő felosztása alapján	28
4.4 A genomikai tenysztérbécs alakulása a bikák származási országa alapján ..	30
4.5 A Q204X és az F94L miosztatin gének hatása a genomikai tenyésztérbécsre	32
4.6 Az STV vizsgálat és a genomikai tenyésztérbécs összefüggése	35
5. Következtetések és javaslatok	36
Összefoglalás	38
Irodalomjegyzék.....	41
Ábrák, táblázatok jegyzéke	50

Bevezetés

A világ népességének növekedésével az állattenyésztés jelentősége is fokozódik (SZABÓ et al., 2006). A szarvasmarhatenyésztés az élelmiszer-termelés fontos része, hiszen növényekből és különféle melléktermékekből az ember számára esszenciális állati fehérjét (hús, tej), ipari alapanyagot (bőr), illetve hasznos mellékterméket (istállótrágya) képez (MAGDA et al., 2001), de jelentősége nem korlátozódik kizárólag az árutermelésre. Multifunkcionális szerepe révén, hozzájárul a természeti erőforrások kihasználásához, a vidéken élők foglalkoztatottságához, a táj valamint az agrokulturális örökségünk fenntartásához is (SZŰCS et al., 2018).

A világ meghatározó marhahústermelő valamint –exportőr országaival (USA, Brazília, India, Argentína) ellentétben, Magyarországon a vágómarha-előállítás csaknem kétharmada tejtermelő állományból származik (selejt tehén, holstein hízbika), és az értékeőbb marhahúst termelő húshasznú állomány csak az egyharmadát adja. Ez a tendencia jellemző az Európai Unió valamennyi tagállamára, mely a szarvasmarha-állomány összetételével magyarázható (POPP et al., 2017).

Az 1. ábra hazánk szarvasmarha-állomány változását mutatja be az elmúlt 20 évben.



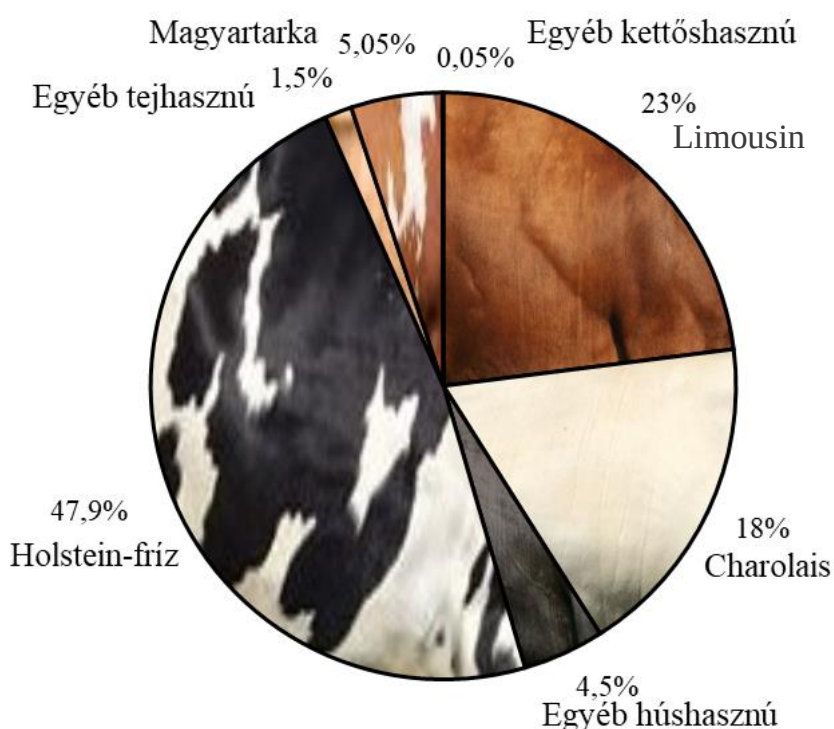
1. ábra: A szarvasmarha-állomány változása 2000-2021

Forrás: KSH (2021a), saját szerkesztés

2011-től 2019-ig folyamatos növekedést mutatott hazánk szarvasmarha-állománya, majd ezt követően az utóbbi 2 évben csökkent, a tehénállomány folyamatos emelkedése mellett. 2021

decemberében 902 ezer egyed volt, melyből 420 ezer tehen. Előbbi 31 ezerrel, azaz 3,3%-al kevesebb, míg utóbbi 6 ezerrel gyarapodott a 2020-as évhez viszonyítva. A felvásárolt vágómarha (18%-al), a felvásárlási átlagár (13%-al), és az élőmarha exportja (22%-al) is nőtt az egy évvel korábbi adatokhoz képest. Ennek következményeként az elmúlt időszakban tapasztalt állománygyarapodás után csökkenés észlelhető. (KSH, 2021b).

A szarvasmarhák közel 60%-a gazdasági szervezetek, 40%-a pedig egyéni vállalkozók tulajdonában állnak, utóbbi esetében az elmúlt években folyamatosan nőtt a létszám, főként a húshasznúaké, amely 2010 óta megduplázódott. 2020-ban a tehenek 49,4%-át a tejhasznú (204 ezer egyed), 45,5%-át a húshasznú (188 ezer egyed), 5,1%-át a kettős hasznosítású (21 ezer egyed) fajták adták (KSH, 2021c). A tejelő állomány túlnyomórészt holstein-fríz fajtából áll, a kettős hasznosítású állományt pedig elsősorban a magyartarka fajta jelenti. Az Európai Unió csatlakozást követően a húsmarha létszám folyamatosan nőtt, azonban a fajták összetétele igen változatos. A legnagyobb arányban a limousine (23%) és a charolais (18%) fajta dominál (KSH, 2019). A fajták összetétele az alábbi ábrán látható.



2. ábra: A magyarországi szarvasmarha állomány fajtaösszetétele

Forrás: KSH (2019), saját szerkesztés

A húsmarhatartásban elkülönül a borjút előállító anyai vonal és a végtermék-előállító apai vonal. Előbbi vonal képviselőire jellemző a jó borjúnevelő készség, a jó legelőkészség, a jó termékenység, az igénytelenség, az ellenállóság, a hosszabb hasznos élettartam, a korai

ivarérés, és a kisebb testsúly. Ilyen fajták például az angus és a hereford. Az apai vonal megtestesítői későn érő, nagy testű fajták, melyek főként a növekedési erélyükben, a súlygyarapodásukban, takarmányhasznosításukban, színhús kihozatalukban, és egyéb húsminőségi tulajdonságokban kiemelkedő képességűek. Ide tartozik a limousin, a blonde d'Aquitaine és a charolais is.

A charolais fajtát a világ legeredményesebb húsmarhái közé sorolhatjuk. Széles körű elterjedését jó alkalmazkodó képességének és kiváló hústermelő képességének köszönheti. A különböző ökológiai adottságokhoz igazodva számos típusa (tenyésztői, hentes, köztes, könnyűellő és ranch) alakult ki, melyek közül hazánkban is több jelen van. Gondos tenyésztői munka eredményeként az állomány nagyfokú előrehaladása érhető el, melynek alapfeltétele az egyedi tulajdonságok értékelése. A kitűzött tenyészcélnak leginkább megfelelő egyedeket tenyésztik tovább (célpárosítás), a tenyésztő számára kedvezőtlen tulajdonságú állatokat pedig kiselejtezik (szelekció).

1. Célkitűzés

Magyarország húsmarha populációjának jelentős részét a charolais fajta jelenti fajtatisztán illetve keresztezési partnerként. A húshasznú szarvasmarhák esetében a jó szaporodásbiológiai teljesítmény mellett, nagyon fontos a borjúnevelő-képesség, ugyanis a választott borjú az ágazat egyetlen terméke. Ebből következik, hogy a választási súly a jövedelmezőséget nagymértékben meghatározza. Ezért lényeges a tulajdonságok genetikai paramétereinek értékelése.

A tulajdonságok leírása érdekében alakultak ki a különböző tenyésztértékbecslési módszerek, melyek a mai napig folyamatosan fejlődnek, korszerűsödnek. Céljuk a tenyészállatok genetikai képességének, örökítőképességének becslése, valamint az egyedek rangsorolása. A tenyésztértéket fenotípusos teljesítmények illetve rokonsági kapcsolatok figyelembevételével különböző módszerekkel számszerűsítjük. Eleinte az állatok származása (szülők, oldalági rokonok) alapján következtettek a fenotípusos tenyésztértékre, azonban ennek megbízhatósága erősen függött a rokonsági foktól. Majd figyelembe vették a saját teljesítmény eredményeket is. Végezetül pedig az ivadékok teljesítményét is bevonták a tenyésztértékbecslésbe. A módszer további pontosítása végett megalkották a Legjobb Lineáris Torzítatlan Becslést (BLUP), mely a környezeti tényezőkkel is számol.

A tenyésztértékbecslési módszerek fejlődése mellett a genetika is robbanásszerű fejlődésnek indult 1953 után, amikor Crick és Watson leírták a DNS szerkezetét. Ezt követte többek között a PCR technológia kidolgozása, valamint a DNS megismerését szolgáló mikroszatellit és SNP vizsgálatok. A biotechnológia fejlődésével már a magzatok várható termelését is előre lehet jelezni. A nagy áteresztőképességű egynukleotid-polimorfizmus (SNP) genotipizálási módszerek bevezetése megnyitotta az utat a genomikai szelekció megvalósítása felé (MEUWISSEN et al. 2001). A genomikai tenyésztértékbecslést ma már rutinszerűen alkalmazzák számos állatfajban az egyedek genomikai tenyésztértéke alapján történő rangsorolására (JAHUEY-MARTÍNEZ et al., 2020).

A Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete megteremtette annak lehetőségét, hogy a tenyésztők kedvezményes áron genetikai vizsgálatot végeztethetnek állataikon fülporcminavétel alkalmazásával. A Breedplan központja, az ausztráliai Agricultural Business Research Institute (ABRI) végzi a tenyésztértékek kiszámítását a Gulyás Törzskönyvezési és Telepírányítási Rendszer adatai alapján. A genomvizsgálatok előnye a pontosabb tenyésztértékek mellett, a letális gének felderítése, a kvalitatív és kvantitatív értékmérőket erősen befolyásoló gének keresése, vagy épp a szarvaltságot okozó gén(ek) vizsgálata. Az így kapott információk pedig elősegítik a tenyésztői döntéseket.

Dolgozatom témáját azért választottam, mert pályakezdő tenyésztőként én is a charolais fajta mellett köteleztem el magam, és a jövőben nagy hasznát veszem az egyesület kínálta lehetőségeknek.

Kutatásom célja a hazai charolais bikák friss genomikai tenyészérték adatainak feldolgozása.

Dolgozatomban a következő kérdésekre kerestem a választ:

- A genomikai tenyészértéket befolyásolja-e a bika születési éve?
- A különböző értékmérők eltérnek-e a szarvalt illetve a szarvatlan állatoknál?
- Van-e különbség a hazai és a külföldi bikák genomikai tenyészértéke között?
- A termékenyítési engedély alapján mutatkozik-e eltérés az egyes bikák teljesítményében?
- Hogyan változik a genomikai tenyészérték a Q204X és az F94L miosztatin gének jelenlétének hatására?
- A valós STV eredmények igazolják-e a genomikai tenyészérték megbízhatóságát?

2. Irodalmi áttekintés

Korábban a kettős hasznosítású állományok széles körben elterjedtek voltak, mára azonban létszámuk visszaszorult. A tej és a hús külön-külön előállítására növeli a gazdaságosságot, ezért specializált fajták, típusok alakultak ki (SZABÓ, 2013).

A húsmarha fajták kialakulása az eltérő klimatikus adottságoknak köszönhető. Franciaország és Olaszország dús fűvű legelőin, bőséges takarmány mellett a nagytestű szarvasmarha fajták (charolais, limousin, blonde d'Aquitaine) jöttek létre, míg Nagy-Británia területén kisebb testű húsmarhát (hereford, aberdeen angus, shorthorn) tenyésztettek ki. A 20. századtól beszélhetünk tudatos tenyésztésről és fajtákról. A nagytestű húsmarhák sovány húsú egyedeit részesítették előnyben, míg az angolok a faggyúsabb húsú marhákat tenyésztették tovább (BODÓ, 2005).

A francia húsmarhafajtákat – csakúgy, mint a belga fajtákat - gazdaságosan lehet hizlalni, hiszen későn faggyúsodnak és nagy felnőttkori testtömeggel rendelkeznek. Éppen ezért keresztezésekben végtermék-előállító apai partnerként van nagy jelentőségük (BODÓ, 2005).

2.1 A charolais fajta kialakulása, elterjedése és jellemzése

A charolais fajta Franciaországból a Loire folyó partjáról származik (BODÓ, 2005). A Jura-hegység vidéki szarvasmarhájából fejlődött ki. Felmenői tarkák és izomszegényebbek voltak, főként húsát, de tejét és igaerejét is felhasználták. Utóbbit a testnagyság növelésével fejlesztették, melyre a 18. századtól tudatosan szelektáltak. Koraérés végett shorthorn fajtával nemesítettek, ezáltal a fehér szín is rögzült (TŐZSÉR et al., 2003). Azonban a keresztezés hatására nagyobb mennyiségű faggyú termelődött, mely ellen a 19. század közepétől eredményesen szelektáltak (VATTAMÁNY, 2005). Egyes elméletek alapján azonban a „fehér marhát” a rómaiak hagyták hátra megszállásuk után (DOMOKOS – TŐZSÉR, 2015). A század végére 2 törzskönyvezési szervezet is létrejött: 1864-ben először Neversben, majd 1887-ben Charollesben, melyek 1919-ben egyesültek. A központot Neversben alakították ki, a fajta névadója pedig Charolles lett (TŐZSÉR et al., 2003), melyet Claude Mathieu nevezett el (DOMOKOS – TŐZSÉR, 2015). 1952-től termelésellenőrzés is működik. Ekkor már a hústermelése kapott nagyobb hangsúlyt (VATTAMÁNY, 2005). Az 1970-es évektől az anyai tulajdonságok javítására törekedtek, melynek eredményeként javult a koraérés, csökkent a nehézellés és nőtt a választott borjak száma, a növekedési erély rovása nélkül (SZABÓ, 2013).

A charolais Franciaország legnagyobb létszámban előforduló szarvasmarhafajtája (SZABÓ et al., 2006). Világszintű elterjedését jelzi, hogy csaknem 80 országban létezik tenyésztői egyesülete. (DOMOKOS, 2000). Franciaországból először Mexikóba exportálták ki a charolais

szarvasmarhafajtát 1930-ban a hústermelése miatt, és elsősorban a testtömegre végezték a szelekciót. Elsődleges céljuk volt, hogy a testsúlyt az ellési problémák növekedése nélkül növeljék, ezért a tenyésztők az alacsony születési súlyú és nagy választási súlyú állatokat választották ki tovább tenyésztésre. Az állatok szelektálásakor más tulajdonságokat, például a herezacskó körméretet és a testalkatot is figyelembe vették a jobb termelési szint elérése érdekében (JAHUEY-MARTÍNEZ et al., 2019). A fajta Mexikóból került az USA-ba 1936-ban, majd onnan Kanadába 1955-ben (HENWOOD – CARRUTHERS, 1986). Hazánkban 1971 óta zajlik fajtatiszta tenyésztése. 1992-ben pedig létrejött a Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete (TAKÁCS, 2007). A magyar tenyésztési program főleg az elléslefolyásra valamint a reprodukciós tulajdonságra összpontosít, a súlygyarapodási értékmérők, illetve a húsminőségi paraméterek fejlesztése mellett (MCTE, 2021).

A charolais tejfölsárga színű, nagy rámajú és erős csontozatú nagytestű szarvasmarha. A tehenek kifejtettkori tömege 600-850 kg, míg a bikáké 900-1200 kg között van (SZABÓ et al., 2006). TŐZSÉR et al., (2001) a kifejtett tehenek élősúlyát 668 kg-nak mérték. A bikák kiállítási kondíciójukban 1400 kg fölötti testtömeggel rendelkeznek (BODÓ, 2005). A tehenek átlagos marmagassága 137 cm-re tehető (BENE et al., 2007). Egyes bikák marmagassága elérheti akár a 170 cm-t is (MEILLER – VANNIER, 1994). Megállapították, hogy a testméretek és a testsúly között közepes, valamint szoros pozitív korreláció van (BENE et al., 2005). A charolais mély mellkassal, hosszú, széles törzzsel rendelkezik, mely nagy mennyiségű izomtömeg megtartására képes. Lábai szilárdak, háta egyenes és jól izmolt. Fara mélyre húzódó, kerek. Feje rövid, homloka és szutyka széles. Bőre finom és rugalmas (MEILLER – VANNIER, 1994). Megjelenhetnek túlizmolt egyedek is, melyek napjainkban kedvezőtlen megítélésűek (HORN et al., 1995).

A fajtára jellemző, hogy későn érik, az üszők 18-20 hónaposan vehetők tenyésztésbe (SZABÓ et al., 2006). TŐZSÉR et al., (2003) megállapításai szerint az extenzíven tartott charolais üszöket 2 éves korukban termékenyítik. A korai tenyésztésbe vétel ugyanis befolyásolja az egyed hasznos élettartalmát. ZSUPPÁN et al., (2009) elsőként számoltak be a magyar állományra jellemző átlagos első ellési életkorról, mely 2,76 volt, az átlagos teljes élettartam pedig 8,41 év. A két ellés közti időt befolyásolja az elléskori testsúly és a kondíció, valamint az első ivarzás ideje is. A nagyobb testsúly, a jobb kondíció, és a korai ivarérés csökkenti a két ellés közti időt (MIALON et al., 2000). PHOCAST – SAPA (2016) kutatásából kiderül, hogy a nagy testsúlyra történt szelekció nincs negatív hatással az anyai tulajdonságokra, valamint a reprodukcióra sem.

SZABÓ et al., (2006) szerint az elléslefolyásuk gyakran komplikációkkal járhat, azonban ma már vannak könnyű ellésre szelektált vonalak is. MÉSZÁROS (2005) felhívta a figyelmet a borjú homlokának és csípőjének szélességére, melyek elléskor nehézséget okozhatnak. Habár e tulajdonság örökölhetősége alacsony, a bikák szelektálása során figyelembe veszik a közvetlen és közvetett elléslefolyást is (DOMOKOS, 2000). ERIKSSON et al., (2004a) a svéd charolais szarvasmarhák hasított test súlyának és a nehézellés közötti összefüggést vizsgálták, ahol pozitív gyenge korrelációt tapasztaltak (0,12-0,4). Megállapították, hogy a svédországi charolais üszők 6%-a nehezen ellik (ERIKSSON et al., 2004b).

Ivartól függően 40-42 kg-os a születési súly (MÉSZÁROS, 2005). Ez pozitív korrelációban van a növekedési eréllyel, az izomzattal, és a hasított test súlyával (ERIKSSON et al., 2004a), valamint a vemhességi idővel (CROWLEY, 1965) de szoros negatív összefüggést mutat az elléslefolyással (MUJIBI – CREWS, 2009). Növekedési erélyük nagy, napi 1,3-1,6 kg-os súlygyarapodás jellemző, de előfordul a 2 kg/nap-os is. A 205 napra korrigált választási súly bikák esetében 270-320 kg, üszöknél pedig 235-285 kg között mozog (DOMOKOS, 2000), mely függ az ellés idejétől – a decembertől áprilisig született borjak választási súlya több (KALM et al., 1978). Emellett befolyásolja az anya tögybimbó alakulása is, ugyanis az a tehén, melynek nincs egy kedvező állású bimbója sem kisebb borjút nevel (VERTSÉNÉ et al., 2008).

Vágóértékük kiváló. TŐZSÉR et al., (2003) 61,32 vágási százalékról számolt be. Azonban az ivar befolyásolhatja ezt, ugyanis HOLLÓ et al., (2005) 63,97% valamint 57,12% húskihozatalt mértek bikák és tinók esetében. MÉSZÁROS (2005) szerint nem ritka a 70%-os vágási százalék sem, hiszen a charolais sovány-hústermelésben világelső (VATTAMÁNY, 2005). TŐZSÉR et al., (2004) a charolais bikák (86,4 cm²) és üszők (80,2 cm²) rostélyos területe között nem talált szignifikáns eltérést. A charolais tinók hosszú hátizom területe 80,98±9,67 cm² volt (TŐZSÉR et al., 2005). TŐZSÉR et al., (2009) szerint a charolais bikák rostélyos területe 94,12 cm², a fartájék bőr alatti faggyúvastagsága pedig 0,817 cm volt. Előbbit az ivar, utóbbit pedig az életkor befolyásolja a legjobban (POLGÁR et al., 2020).

A jó minőségű marhahús előállításához elengedhetetlen a charolais fajta használata keresztezésben vagy fajtatisztán, ugyanis rövidíti a hizlalási időt, növeli a hizlalási végsúlyt valamint javítja a színhústermelést is (VATTAMÁNY, 2005).

Vérmérsékletét tekintve kiemelő, hogy a fias tehén és a tenyészbika is könnyen kezelhető, nyugodt természetű (MÉSZÁROS, 2005). SZENTLÉLEKI et al., (2009) az aubrac és a charolais választott borjak temperamentumáról számoltak be. Elemzésükben a charolais választási borjak nyugtalanabbak voltak, az aubrackal szemben. Valamint szignifikáns

különbséget találtak a temperamentum és a választási súly között. K-NÉ SZENTLÉLEKI et al., (2018) vizsgálatában az aubrac borjúk ingerlékenyebbek voltak, mint a charolais társaik. Azonban az ivar nem volt hatással a választási borjak viselkedésére. Egy másik kísérletben az anyatehenek vérmérsékletét pontoszták az ellést követő 3. napon, a gondozó-borjú kontaktusa során. Megállapították, hogy a tehenek borjaikat figyelemmel kísérték, de semmilyen támadó szándékot nem mutattak (V-NÉ ZÁNDOKI et al., 2009). A tenyészbika-jelöltek esetében SZENTLÉLEKI et al., kijelentették, hogy a szarvaltság nem befolyásolja az egyedek vérmérsékletét (2005).

TŐZSÉR et al., (2003) megfogalmazása alapján a típus a hasonló küllemű és élettani sajátosságú egyedeket jelenti, melyek szinte azonos termelési céllal rendelkeznek. A charolais fajtának 5 típusát különíthetjük el. A hentes típusú charolais bikáit elsősorban keresztezésekben használják, ugyanis alacsonyabbak, de robosztusabb felépítésűek, kifejezett izomzattal rendelkeznek (VATTAMÁNY, 2005). Azonban gyakorivá váltak a nehézellések, ezért tudatos szelekció útján kitenyésztették a tenyésztői típust (TŐZSÉR et al., 2003). Ezen egyedek magasabbak, nagytömegű izomzattal rendelkeznek, általában későn érnek és nagyobb végsúlyra hízlalhatók. Széles medencéjük miatt viszonylag könnyen ellenek (VATTAMÁNY, 2005). A végletek elkerülése végett kialakították a köztes típust, mely a tenyésztői és hentes típus közötti átmenetet jelenti (TŐZSÉR et al., 2003).

A negyedik típus, a ranch típus, Amerikában jött létre. Jellemzően hosszú, de kevésbé széles, kisebb izomzattal rendelkező egyedek sorolhatóak ide. A legextenzívebb tartáshoz is alkalmazkodnak, rendszerint könnyen ellenek (VATTAMÁNY, 2005). A kisebb egyedek korábban vehetők tenyésztésbe is. Az USA-ban rendszerint 15 hónaposan termékenyítik az üszőket (DOMOKOS, 2010). Számos szarvatlan egyed is előfordul az állományban, de fontos megjegyezni, hogy a szarvatlanság nem feltétlen velejárója a ranch típusnak, főleg nem a gyengébb izmoltságnak (DOMOKOS – TŐZSÉR, 2015). Manapság a szarvatlanság elsősorban a vevők, ezáltal a tenyésztők által is kívánatosnak vélt tulajdonság, mely nem egyenlő az állat teljesítményével, mégis magasabb árat jelent. A tulajdonságot két gén befolyásolja. A szarvatlanság domináns a szarvaltsággal szemben, tehát PP és Pp egyedek is fenotípusosan szarvatlanok lesznek, míg a pp egyedek szarváltak. Természetesen az egyedek szarvtalanítása is lehetséges, ám ez folyamatos és pontos munkavégzést követel (BALIKA, 2010). A szarv alakját, méretét további gének határozzák meg (HORN et al., 1995).

A könnyűellő típus kialakulása 1970-ben kezdődött Franciaországban tudatos szelekciós programmal. A cél, az ellési nehézségek minimalizálása volt a ráma és az izmoltság megőrzésével (DOMOKOS – TŐZSÉR, 2015).

Az izomhipertrófia régóta közismert néhány húshasznú szarvasmarha fajtában. Először a 19. század elején egy angol tenyésztő számolt be róla. A culard jelleg együtt jár az értékes húsrészek megnövekedett hányadával (az izomrostok számának és méretének növekedése végett), viszont az ellési problémákkal, és csökkentett fertilitással is (VERESS – BAKOS, 2009; KIŠACOVÁ et al., 2009). Azonban a kettős izomzatú fenotípusra heterozigóta borjak születéskor kissé nehezebbek, de az elléslefolyásuk hasonló a nem hordozó borjakéhoz (CASAS et al., 1998). VARGA et al., 1997-ben megállapították a 2. kromoszómán található egyetlen felelős nagyhatású gént, melyet MCPHERRON et al., mutattak ki (1997). Az izomzat növekedését rögzítő miosztatin gén elégtelen működése okozza a dupla farúságot. Eddig hat mutációja ismert, melyek eltérő gyakorisággal vannak jelen a hiperizmolt szarvasmarhafajtákban. Ezen kívül néhány kisebb hatású gén is befolyásolja az izmoltságot (VERESS – BAKOS, 2009).

A charolais fajta a Q204X miosztatin mutáció okozta dupla izomzatú fenotípus hordozója (JAHUEY-MARTÍNEZ et al., 2019). KIŠACOVÁ et al., (2009) a magyar charolais állomány 100 egyedének vizsgálatáról számoltak be. Az egyedek 10%-a heterozigótán hordozta az említett mutációt. Franciaországban ez az arány 9%-os (LEVÉZIEL et al., 2006). A Q204X pozitív összefüggésbe hozható a hasított féltest súlyával, faggyúsodásával és a testalkattal is (PURFIELD et al., 2019). A legtöbb tanulmány alátámasztja, hogy az allél heterozigóta jelenléte viszonylag nagy hatással van a hasított test jellemzőire (ALLAIS et al., 2010) anélkül, hogy negatívan befolyásolná a termékenységet (ARTHUR, 1995). CUSHMAN et al., (2015) több húshasznú fajtán (köztük a charolais szarvasmarhán is) végeztek kutatást, mely során megállapították, hogy az F94L miosztatin polimorfizmus összefüggésbe hozható az ivarérettség kezdetének késésével. Ez azonban nem eredményezte az ellési nap növekedését vagy a vemhességi arány csökkenését az első tenyészidőszakban. VANKAN et al., szerint az F94L mutáció más miosztatin mutációkkal ellentétben nem jár együtt csökkent termékenységgel és nehézelléssel (2010).

2.2 A hagyományos és genomikai tenyésztérbécslés lényege, szerepe a szarvasmarhatenyésztésben

Tenyésztés, vagy nemesítés során az egyedek genetikai képességeinek nemzedékről nemzedékre történő fejlődésére, változására irányuló tevékenységek összességét értjük (SZABÓ et al., 2006). A házasítás óta a szarvasmarhák számos kereskedelmi szempontból fontos tulajdonságban, többek között az alkalmazkodásban, a küllemi tulajdonságokban és a termelés tekintetében jelentős genetikai javulást értek el. Az intenzív szelekciós nyomásra válaszul a szarvasmarha genomja a funkcionális genetikai variánsok mögöttes régióiban változásokon ment keresztül (RANDHAWA et al., 2016). Szelekció során azon egyedeket választjuk ki továbbtenyésztésre, amelyek a tenyészcéloknak legjobban megfelelnek (MAGDA et al., 2001). A hatékony szelekció az állatok összehasonlításán és a közöttük lévő különbségek felmérésén alapul. Az állatok genetikai tulajdonságait kell értékelni annak érdekében, hogy az állományunkat szelekcióval javíthassuk (TÖRÖK – DOMOKOS, 2012). A tenyésztérbécslés szelekciós eszközként való használata hatékony a genetikai fejlődés elérésében (PARRA-BRACAMONTE et al., 2016).

Tenyésztérbécslés során az egyedek várható örökítőkéességét előrejelezzük, amely a környezeti hatásokkal együtt az ivadékok fenotípusáért felelős (SZABÓ et al., 2006). A korszerű szarvasmarhatenyésztésben - az optimális genetikai előrehaladás érdekében - nélkülözhetetlen a tenyészállatok tenyésztérbécslése, mely az egyed genotípusának számszerű értéke a populációátlaghoz viszonyítva (HOLLÓ et al., 2011). SZABÓ et al., szerint a tenyésztérbécs egy viszonylagos szám, hiszen függ az adott populáció átlagától és a (piaci igényekhez igazodott) tenyészcélban meghatározott tulajdonságoktól is (2011a).

Megkülönböztetünk általános és különleges tenyésztérbécsletet. Általános tenyésztérbécsletet kapunk, ha nagyszámú populációban véletlenszerű párosítást végzünk, és az ivadékokat szelekció nélkül vizsgáljuk. Ekkor a tenyésztérbécslet egy adott tulajdonságért felelős gének additív hatásainak átlageredménye határozza meg. A dominancia és episztatikus génhatások mértéke elhanyagolandó, ugyanis pozitív és negatív irányban kiegyenlítik egymást. Az additív génhatás fenotípusban jól kifejeződik és nagy eséllyel ismétlődik (SZABÓ et al., 2011b). A speciális tenyésztérbécslet esetén az egyedeket a populáció meghatározott egyedeihez párosítjuk, és az így létrejött ivadékok teljesítményét értékeljük. Ebben az esetben az additív, domináns, illetve episztatikus génhatások a meghatározók, azonban fenotípusos ismétlődése kis valószínűségű (BODÓ et al., 2004).

A tulajdonságok közötti genetikai kapcsolat (mely lehet erős vagy gyenge, illetve pozitív vagy negatív is) lehetővé teszi azon tulajdonságok tenyésztértékének meghatározását is melyre nincs, vagy költséges az adatfelvételezés (TÖRÖK – DOMOKOS, 2012). A becslés történhet egyedi-, oldalági rokonok- vagy ivadékok teljesítménye alapján. (SZABÓ et al., 2006). A tenyésztértékek figyelembe vétele a hazai húsmarha tenyésztés során csak a tenyészutánpótlás szaporítóanyag kiválasztására korlátozódik, az egyéb tenyésztői döntések során még nem hangsúlyosak (DOMOKOS et al., 2009).

Az állattenyésztésben a diszciplínás felfedezések és a használatukhoz kötődő lehetőségek hamar megjelennek, és a klasszikus tenyésztési és tenyésztértékbecslési sémákat néhány év alatt merőben megváltoztatják, melyhez korábban évtizedekre volt szükség. Az áttörés akkor valósult meg, amikor a DNS nukleotidpár szintig megismerhetővé vált. Ezt követően a fejlődés exponenciális mértékben felgyorsult. 2009-ben a szarvasmarha és a ló, 2012-ben pedig a sertés genomszekvenálása történt. Mára már több száz faj, fajta genomazonosítása megvalósult, köztük számos gazdasági haszonállat, illetve veszélyeztetett, vagy kutatási célból vizsgált állatok is (BOGNÁR, 2013).

Az állattenyésztés az elmúlt évtizedek egyik legjelentősebb változásával - a genomikai szelekció bevezetésével - néz szembe (CALUS, 2010). Ennek alapját, a genomikai tenyésztértékbecslést (GTÉB) ma már rutinszerűen alkalmazzák számos állatfajban az egyedek genomikai tenyésztértéke (GTÉ) alapján történő rangsorolására (JAHUEY-MARTÍNEZ et al., 2020). Megfelelő számú vizsgálatot és statisztikai elemzést követően, a laboratóriumok már csak bizonyos számú nukleotidpár változásra vonatkozó tesztek végzését végzik el. Ezeket a mutációkat Single Nucleotid Polimorfizmusnak, azaz SNP-nek nevezzük (BOGNÁR, 2013). A nagy áteresztőképességű egynukleotid-polimorfizmus (SNP) genotipizálási módszerek bevezetése megnyitotta az utat a genomikai szelekció megvalósítása felé (MEUWISSEN et al. 2001). Az SNP paneleket használó legújabb genomikai vizsgálatok a mennyiségi tulajdonsági lókuszok (QTL) megtalálására összpontosítanak (JAHUEY-MARTÍNEZ et al., 2019). A szarvasmarhák esetében az egyes állatok SNP-profiljait egy kis műanyag chip segítségével vizsgálják, amely a genomban elszórtan elhelyezkedő akár 50 000 SNP-t is diagnosztizál (SEIDEL, 2010). Ezen chipen elérhető áron beszerezhetők, és rendkívül gyorsan kimutatják az eredményt. Valójában a „bead chip” egy speciálisan kezelt tárgylemezhez hasonlítható, amelyen az apró gyöngyök felszínén meghatározott DNS, RNS szakaszokkal reakcióba lépő, rövid oligonukleotid láncolatok vannak (BOGNÁR, 2013). Az alapelv az, hogy a nagy marker-sűrűség miatt minden egyes mennyiségi tulajdonsági lókusz (QTL) legalább egy közeli

markerrel kapcsolati egyensúlyban (LD) van. Az eljárás során ismert fenotípusú és genotípusú állatokból álló referenciapopulációt állítanak össze a markerhatások becsléséhez. Ezt követően a fiatal egyedek tenyésztértékei akár 0,85-ös pontossággal is megjósolhatók (CALUS, 2010).

Számos tanulmány kimutatta, hogy a genomikai szelekció lényegesen pontosabb, mint a fiatal állatok hagyományos szelekciója, különösen az alacsony öröklődőképességű tulajdonságok esetében (MEUWISSEN et al. 2001). A nagy áteresztőképességű genotipizálási technikák gyors fejlődésével és költségcsökkenésével az állattenyésztésben a genomikai szelekció várhatóan fontos eszközzé válik a fiatal állatok, az alacsony öröklődőképességű tulajdonságok és a nehezen mérhető tulajdonságok szelekciójában (SARGOLZAEI et al., 2009; SZABÓ et al., 2017). A jövőben a tenyészállatjelöltek genomvizsgálat nélkül nehezen lesznek eladhatóak (SZABÓ et al., 2017). SEIDEL (2010) szerint az embriók biopsziás vizsgálata és SNP-elemzéssel történő szűrése nagymértékben növeli e technológia értékét, a generációs intervallumok minimalizálásával.

A tejelő szarvasmarhák számos tulajdonsága esetében a genetikai javulás mértéke csaknem megduplázható, ha a genetikai értékelés jelenlegi módszerein kívül SNP-információkat is használnak (SEIDEL, 2010). A genomikai tenyésztértékbecslés a húsmarhák esetében jóval bonyolultabb, mint a tejhasznosításúak esetében. Alkalmazása a világfajták esetében ma már gyakorlat, de csak néhány tulajdonságra terjed ki (SZABÓ et al., 2017). MOKRY et al., (2013) szerint a GTÉB jelentősége a húsminőség javításában is megmutatkozik. Ez a tulajdonság számos értékmérőt magába foglal, melyek mindegyike figyelmet igényel az állattenyésztőktől. A hátszalonna vastagságának hagyományos szelekciós módszerekkel történő javítása kihívást jelentett az alacsony öröklőhetőség miatt. Ezért a tulajdonsághoz kapcsolódó egynukleotid-polimorfizmusok (SNP-k) azonosítására szolgáló új módszerek alkalmazása fontos stratégiát jelent a hasított test és a húsminőség genetikai javítása szempontjából.

A természetes szelekció hatásának azonosítása az állandó genetikai variáció mintázataiból már régóta érdekli a populációgenetikai közösséget. Számos fajra vonatkozó nagyszámú egynukleotid-polimorfizmus (SNP) adathalmazok és a nagy áteresztőképességű SNP-genotipizálási módszerek elérhetőségének köszönhetően ma már lehetségesek a szelekciós hullámok kimutatására irányuló teljes genomikai felmérések (ROCHA et al., 2014).

2.3 A genomikai tenyészték megbízhatósága

A genomikai szelekció sikeres alkalmazása a becsült genomikai tenyésztékek pontosságától függ, amelyet WANG et al., (2014) szerint leginkább a becslési módszer határoz meg. A Bayes-típusú és a BLUP-típusú módszerek a két fő módszer, amelyeket széles körben tanulmányoznak és használnak.

SARGOLZAEI et al., (2009) a lineáris becslési módszerek közül, a G-BLUP és az R-BLUP összehasonlítását mutatták be genomikai tenyésztékbecslés szempontjából. A G-BLUP-ot nagyon időigényesnek találták. Azonban nagy számú állat esetében még mindig hatékonyan becsülhető genomtenyészték az R-BLUP segítségével. Következtetésként megfogalmazták, hogy a GTÉB jelenleg (2009) lineáris modellre korlátozódik, de a jövőben kiterjesztik nemlineáris modellekre (BayesA, Bayes B) is.

WANG et al., (2014) a Bayes-, valamint a BLUP- módszerek hatékonyságát mutatták be. A szimulált és valós adatokból származó eredmények azt mutatták, hogy a Bayes-módszerek pontossága nagyobb, mint a BLUP-módszereké, különösen azon tulajdonságok esetében, amelyeket nagy hatású QTL befolyásol. Azonban a Bayes-módszerek elmélete és számítása viszonylag bonyolult, így a gyakorlatban való alkalmazásuk kevésbé elterjedt, mint a BLUP-módszereké. Viszont a gyors algoritmusok fejlesztésével és a számítógépes hardverek javulásával a Bayes-módszerek számítási problémája várhatóan megoldódik. Ezenkívül a tulajdonságok genetikai felépítésének további tanulmányozása pontosabb előzetes információkkal fogja ellátni a Bayes-módszereket, ami a genomikai tenyésztékek pontossága terén jelentkező előnyüket még inkább előtérbe helyezi. Ezért WANG et al., (2014) szerint a Bayes-módszerek alkalmazása szélesebb körű lesz.

SUN et al., (2011) a genomikai tenyésztékbecsléshez használt Bayes módszerek pontosságáról számoltak be. Ebben a tanulmányban a BayesA és BayesB módszerek módosítását (Bayes π) is alkalmazták. Eredményük szerint a poligén hatások nélküli Bayes π módszer bizonyult a legjobb módszernek, mivel a legnagyobb pontossággal és a legkisebb torzítással rendelkezett.

A genomikai előrejelzések pontossága erősen függ a referenciapopulációk jellemzőitől, mint például az állatok száma, a markerek száma és a rögzített fenotípus öröklődőképessége. Egy másik fontos tényező a referenciapopulációban lévő állatok és az értékelt állatok közötti kapcsolat (CALUS, 2010).

CHEN et al., (2013) angus és charolais tinók takarmányértékesítésére (RFI) vonatkozó genomikai tenyésztérbecslés pontosságát vizsgálták fajtán belül, fajták között, valamint a két fajta adatainak összevonásával az Illumina Bovine SNP50 Beadchip segítségével. Eredményeik akkor voltak a legpontosabbak, amikor fajtán belül végezték a becslést. Azonban megállapították, hogy a két fajtából származó adatok összevonása növelte a becslés pontosságát.

CHEN et al., (2015) az Illumina BovineSNP50 Beadchip-en genomikai tenyésztérbecslés előrejelzésének pontosságát vizsgálták angus és charolais tinókon. A kutatás során arra következtettek, hogy a genetikai kapcsolat vagy rokonság nagy hatással van a genomikai tenyésztérbecslés előrejelzésének pontosságára az ebben a vizsgálatban használt markerpanel sűrűsége mellett.

A referenciapopuláción kívül a markersűrűség is befolyásoló lehet. GUNIA et al., (2014) a francia húsmarhafajták genomikai értékelésének kidolgozását, valamint a különböző genomikai szelekciós stratégiák előrejelzésének pontosságának és torzításának értékelését ismertették. Egy 2682 charolais bikából és tehénből álló, nagy sűrűségű SNP pannellel (777K SNP) genotipizált referenciapopuláció alapján tesztelték a különböző marker sűrűségek (50K versus 777K) hatását a becslés pontosságára. Megállapították, hogy a markerek sűrűségének 50K-ról 777K-ra történő növelésekor nem volt megfigyelhető pontosságnövekedés.

Megállapítható tehát, hogy a becslés megbízhatósága nagymértékben függ a referenciaként használt populáció egyedeinek számától. Azonban egy bizonyos nagyságrend után már nem éri meg tovább növelni a referencia populáció létszámát. A tenyésztérbecslés pontosságához nélkülözhetetlen a fenotípusos termelések és a genetikai tulajdonságok együttes ismerete, mely a hagyományos ivadékteljesítmény-vizsgálat elvégzésével valósítható meg a legmegbízhatóbban. Ehhez szükségeltetik a legnagyobb beruházás és a legtöbb idő. Az ITV mégis kikerülhetetlen, ugyanis a referencia adatbázis gyorsan erodálódik az egymást követő generációk fejlődésének hatására (BOGNÁR, 2013; SZABÓ et al., 2017).

SZABÓ et al., (2017) szerint Magyarországon nincs lehetőségünk a tenyésztett húsmarhafajták egyikében sem önálló referencia populációt létrehozni, éppenezért fontos lenne a nemzetközi együttműködés, illetve a több országra kiterjedő referencia populáció létrehozása, hogy a genomtenyésztérbecslés megbízhatósága növekedjen.

A hagyományos és a genomikai tenyésztérbecslés összehasonlítását számos tanulmány vizsgálta. MUIR (2007) a genomikai tenyésztérbecslés előrejelzésének pontosságát és az ez

alapján történő szelekciót a hagyományos legjobb lineáris torzítatlan előrejelzéssel (BLUP) összehasonlítva számos alternatíva esetében vizsgálták, beleértve az alacsony örökletességet, a referencia egyedek számát, a markersűrűséget, a kezdeti eloszlásokat és az effektív populációméretet. A genomikai tenyésztértékbecslés az alacsony öröklődőképességű tulajdonságok esetében kitűnően teljesített. Azonban MUIR (2007) szerint a szelekció gyorsan csökkent a genomtenyésztértékbecslés pontosságát. A klasszikus BLUP szelekció minden vizsgált esetben meghaladta a GTÉB szelekcióval elérhető. A GTÉB még így is előnyt jelenthet a hagyományos BLUP-hoz képest az ivarhoz kötött tulajdonságok, a drágán mérhető tulajdonságok vagy a csak rokonokon mérhető tulajdonságok esetében. Éppen ezért MUIR (2007) egy kombinált megközelítést javasolt, amely mindkét módszertan előnyeit kihasználja.

JAHUEY-MARTÍNEZ et al., 2020-ban publikált tanulmányában a mexikói charolais állományon végzett genomtenyésztértékbecslés pontosságát vizsgálták a születési és választási súlyokra vonatkozóan. Összesen 823 állatot vizsgáltak 77000 SNP segítségével. Eredményeik azt mutatják, hogy a genom alapú tenyésztértékbecslés a BLUP-hoz hasonló pontossággal bír az említett tulajdonságokra vonatkozóan. Illetve, felhívták a figyelmet a referenciapopuláció méretének és összetételének fontosságára is.

ROCHA et al., (2014) a kimutatott ősi allélok megbízhatóságát vizsgálta. Az általuk becsült ősi allélok 97%-ban megegyeztek a BovineSNP50 BeadChip SNP-k genotipizálásával kimutatott ősi allélokkal, vagyis az azonosítás megbízhatónak tekinthető.

2.4 A genomikai tenyésztértékbecslés a charolais fajtánál

A charolais szarvasmarha esetében RANDHAWA et al., (2016) 17 kromoszómán 28 genomi régiót határoztak meg. JAHUEY-MARTÍNEZ et al., (2019) a mexikói charolais törzskönyvezett állat genotípusadatait vizsgálták. A kutatás célja az volt, hogy a charolais szarvasmarhánál az iHS módszertan felhasználásával azonosítsák a szelekció alatt álló genomi régiókat. A 4. kromoszómán 2 régiót azonosítottak, melyek 21 gént tartalmaznak és az átlagos napi súlygyarapodással, a testmélységgel, a két ellés közti idővel, a tejelő jelleggel, a lábszerkezettel, a farszélességgel, a rárával, és az erősséggel függnek össze. Az 5. kromoszómán 5 régiót találtak, ahol 66 QTL-t hoztak kapcsolatba a testmélységgel, az ellés lefolyással, az üszők vemhességi arányával, a faggyúvastagsággal a 12. bordánál, a lábszerkezettel, a lábállással, a körömszőggel, a vemhesség hosszával, az intramuszkuláris zsírral, a hosszú hasznos élettartammal, a hosszú hátizommal, a márványossági pontszámmal, a rárával, és a holtellések arányával. A 6. kromoszómán 7 régióban összesen 106 QTL-t

azonosítottak, melyek az átlagos napi súlygyarapodást, az egyéves kori testsúlyt, az ellés lefolyását, a hasított test súlyát, a testalkatot, a szárazanyagfelvételt, a faggyúvastagságot a 12. bordánál, és a színhúskihozataalt határozzák meg. Végezetül a 14. kromoszómán 7 régiót, 104 QTL-t és 10 gént vizsgáltak, melyek főként az első elléskor várható életkorral, az ivarérettség korával, a súlygyarapodással, az elléslefofolyással, a hasított test súlyával, az involúciós idővel, a színhústermeléssel, a takarmányfelvétellel, a herezacskó körmérettel, és a bőr alatti faggyúvastagsággal hoznak összefüggésbe. Ezek a genomi régiók és a hozzájuk kapcsolódó gének alapul szolgálhatnak a haplotípus-asszociációs vizsgálatokhoz és a növekedési tulajdonságokkal kapcsolatos okozó gének azonosításához.

DE LA ROSA REYNA et al., (2010) az IGF1 nagyhatású gén és a növekedési erély kapcsolatát vizsgálták a mexikói charolais és beefmaster szarvasmarhafajták esetében. Szignifikáns kapcsolatot találtak a választás előtti súlygyarapodás, a választási súly és a 210 napra korrigált választási súly, valamint az IGF1 gén között.

3. Anyagok és módszerek

Dolgozatomban charolais bikák genomikai tenyésztértékbecslésének eredményeit vizsgáltam és értékeltem. Adataim a magyarországi törzsállatoktól származnak. A tenyésztértékeket az ausztráliai Agricultural Business Research Institute (ABRI) számította ki. Az adatokat a Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete bocsájtotta rendelkezésemre.

Az egyesület 1992-ben alapult, 19 alapító taggal, melyek közül öt rendelkezett húsmarhával – 1700 anyatehénnel. Jelenleg 245 tagra és 12457 anyatehénre bővült a létszám. A Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete 1999-ben vette fel a kapcsolatot az ausztráliai szervezettel, a BreedPlan-nel, és 2000 óta végeznek együttműködve tenyésztértékszámításokat. A BreedPlan tenyésztértékek mindig abban a mértékegységben vannak kifejezve, amiben az alapadatot mérjük (pl. kg, nap, stb.), és az első tenyésztérték-számításkori fajtaátlaghoz, mint kiindulópont (nullponthoz) viszonyítják. Párhuzamosan képes minden állatra, minden tulajdonságra tenyésztértéket számítani, mivel több tulajdonságra kiterjedő egyedmodellt alkalmaz. A BreedPlan felhasználja az egyed saját információit, illetve a rokonainak és ivadékainak teljesítmény-adatait. Figyelembe veszi az egyes tulajdonságok közötti összefüggéseket, így olyan tulajdonságra is képes tenyésztértéket számolni, melyre nincs alapadat. Az import állatok eredeti teljesítményadataival is számol. Kiszűri a környezeti tényezőket, melyek befolyásolják az egyed teljesítményét, valamint a tenyésztői döntéseket, amelyek tenyésztérték-számítást torzító hatásúak. Az egyesület célja a leghatékonyabb tenyésztés elérése, éppen ezért indult el a charolais genomikai tenyésztértékbecslése. Az első genom adatokat tartalmazó tenyésztértékeket tavaly ősszel kapta meg az egyesület.

Dolgozatomban az alábbi értékmérők genomikai tenyésztértékeit dolgoztam fel:

- | | |
|----------------------------|---|
| ➤ Közvetlen ellés lefolyás | ➤ Kifejlettkori súly |
| ➤ Lányai ellés lefolyása | ➤ Hosszú hátizom területe |
| ➤ Vemhességi idő hossza | ➤ P8 bőr alatti faggyú vastagság |
| ➤ Herekörméret | ➤ Rostélyos tájéki bőr alatti faggyúvastagság |
| ➤ Születési súly | ➤ Márványozottság (Inrtamuszkuális faggyú) |
| ➤ 200 napos súly | |
| ➤ 400 napos súly | |
| ➤ 600 napos súly | |

A tenyésztértékbecsléshez szükséges fülporcmintát a tenyésztők vették le és az egyesület küldte ki Ausztráliába, a BreedPlan központjába, ahol kiszámították a genomikai tenyésztértékeket. A labor 50 K-s Illumina alapú beadchipet használ, a VersaSNP 50K V1.3-at.

A 61250 db bika adatsorát Excel táblázatban kaptam meg. Az egyedek egyéb jellemző paraméterei (szarvaltság, termékenyítési engedély) az egyesület törzskönyvezési és telepírányítási rendszeréből a Gulyás programból származtak. A táblázatban szerepelt az összes Magyarországon releváns charolais bika, amelyek lehetnek importból származtatott szaporító anyagok, vagy köztenyésztésen kívüli, akár távoli ősök is. Közülük 59989 db bikának ismert a születési dátuma, 16511 db bikának a szarvaltsági állapota, valamint 3976 db bika rendelkezik termékenyítési engedéllyel. Ezen kívül a MCTE rendelkezésemre bocsájtotta 3076 db bika STV eredményét (205 napos index és STV alatti súlygyarapodás), illetve 5006 db bika miosztatin génhordozását. Emellett 2869 db bikának ellenőriztem a származását. 2 ősi sorig azonos származású egyedeket tekintettem értékelhetőnek, így 406 magyar, 241 francia és 22 kanadai bika adatait elemeztem.

A korábban felsorolt tulajdonságokra több összehasonlítást végeztem, az alábbi csoportosítások szerint:

- | | |
|--------------------------|------------------------------|
| ➤ Születési év: | ➤ Származási ország: |
| ○ 2001 előtt | ○ Magyarország |
| ○ 2001-2005 | ○ Franciaország |
| ○ 2006-2010 | ○ Kanada |
| ○ 2011-2015 | ➤ Termékenyítési engedély: |
| ○ 2016-2022 | ○ természetes |
| ➤ Sarvaltság: | ○ mesterséges |
| ○ Sarvalt | ➤ Miosztatin mutációk: |
| ○ Heterozigóta sarvatlan | ○ Q204X hordozó/ nem hordozó |
| ○ Homozigóta sarvatlan | ○ F94L hordozó/ nem hordozó |

A kapott eredményeket átlagoltam, illetve szórást és variancia koefficienszt számoltam rájuk. A csoportok közti szignifikáns eltéréseket felső indexbe írt eltérő betűvel jelöltem $P < 0,001 = ***$, $P < 0,01 = **$, és $P < 0,05 = *$ szinten. A nem szignifikáns különbségeket azonos felső indexbe írt betűvel, valamint n.s.-el jeleztem. A 205 napos index és az STV alatti súlygyarapodás összefüggését a becsült 200 napos súly tenyésztértékkel, a variancia analízist illetve a HSD-tesztet az R Stúdió segítségével számoltam ki.

4. Eredmények és értékelésük

Dolgozatomban a hazai charolais bikák genomikai tenyésztértékeit hasonlítottam össze születési év, szarvaltsági állapot, származási ország és termékenyítési engedély szerint. Elemeztem a Q204X és az F96L miosztatin gének hordozásának hatását is. Összefüggést kerestem a 200 napos súly tenyésztértéke és a 205 napos index, illetve az STV alatti súlygyarapodás között.

4.1 A születési év hatása a genomikai tenyésztértékekre

Az 1. táblázatban a születési év hatását mutatom be a növekedési eréllyel kapcsolatos genomtenyésztértékekre.

1. táblázat: A születési év hatása a növekedési erély genomikai tenyésztértékeire

Születési év		Születési súly	200 napos súly	400 napos súly	600 napos súly	Felnőttkori súly
	átlag	0,89^a	5,17^a	10,64^a	15,54^a	15,89^a
2001 előtt	szórás	1,01	5,24	7,67	9,27	9,55
n=11289	CV%	113,48	101,41	72,11	59,64	60,07
	átlag	0,96^{cb}	6,11^b	11,76^b	16,65^b	16,68^b
2001-2005	szórás	1,07	5,58	8,15	9,99	10,39
n=5685	CV%	111,48	91,38	69,27	60,01	62,30
	átlag	0,89^a	5,91^b	11,81^b	17,23^c	17,95^c
2006-2010	szórás	1,05	5,77	8,18	10,09	10,29
n=11804	CV%	118,02	97,66	69,29	58,55	57,30
	átlag	0,93^b	7,20^c	13,65^c	19,28^d	20,52^d
2011-2015	szórás	1,12	6,77	9,70	11,81	12,53
n=14605	CV%	120,40	94,07	71,10	61,27	61,05
	átlag	1,00^c	9,01^d	16,18^d	22,19^e	23,07^e
2016-2022	szórás	1,21	7,24	10,68	12,92	13,15
n=16606	CV%	120,96	80,34	65,99	58,20	56,99
Szignifikancia szint		***	***	***	***	***

Forrás: saját szerkesztés

Az 1. táblázatban jól látható, ahogy az évjárat hatása megmutatkozik. A legtöbb kategória között különbség figyelhető meg. A születési súly kivételével, minden egyes tenyésztérték (200-, 400- és 600 napos valamint felnőttkori súly) az évek előrehaladtával növekvő tendenciát mutat. Ez jól igazolja a tenyésztői munka eredményességét és a genetikai előrehaladást. A születési súly GTÉ is növekvő tendenciát mutat, azonban a 2001-2005-ös évek után visszaesés figyelhető meg.

2. táblázat: A születési év hatása a termékenységgel kapcsolatos paraméterek genomikai tenyésztéseire

Születési év		Ellés lefolyása közvetlen	Lányai ellés lefolyása	Vemhességi idő	Herekörméret
2001 előtt n=11289	átlag	0,78 ^d	0,63 ^b	-0,21 ^a	0,02 ^a
	szórás	3,77	2,48	0,62	0,36
	CV%	483,81	393,81	297,17	1775,09
2001-2005 n=5685	átlag	0,194 ^{ab}	-0,04 ^a	-0,27 ^b	0,17 ^b
	szórás	3,51	2,67	0,71	0,44
	CV%	1809,08	6663,68	263,30	256,70
2006-2010 n=11804	átlag	0,44 ^c	0,09 ^a	-0,29 ^b	0,16 ^b
	szórás	3,40	2,81	0,70	0,44
	CV%	772,49	3122,09	242,26	272,11
2011-2015 n=14605	átlag	0,187 ^a	0,10 ^a	-0,41 ^c	0,18 ^b
	szórás	3,83	2,89	0,81	0,48
	CV%	2049,64	2887,01	196,59	266,36
2016-2022 n=16606	átlag	0,38 ^{bc}	0,14 ^a	-0,59 ^d	0,18 ^b
	szórás	4,07	3,13	0,87	0,44
	CV%	1070,11	2234,70	147,14	243,54
Szignifikancia szint		***	***	***	***

Forrás: saját szerkesztés

A termékenységgel összefüggő tenyésztési értékek változását a születési év hatására a 2. táblázat szemlélteti. Minden vizsgált genomtenyésztési értéket befolyásolt a születési év. Megfigyelhető, hogy a közvetlen ellés lefolyás alakulása az évek alatt igen változó. A lányai ellés lefolyása 2001 előtt jobb volt, mint az elmúlt 20 évben. Észrevehető az is, hogy a vemhességi idő évről-évre csökkenést mutat, mely kedvező, hiszen ha ez a GTÉ kisebb akkor könnyebb ellés és jobb születés utáni súlygyarapodás várható. A herekörméret pedig 2001 után született bikáknál nagyobb volt, mint az ezredforduló előtt, ami pedig a jobb termékenységgel hozható összefüggésbe.

3. táblázat: A születési év hatása a húsminőségi genomikai tenyésztésekre

Születési év		P8 bőr alatti faggyúvast.	Hosszú hátizom ter.	Rostélyostájéki bőr alatti faggyúvast.	Márványozottság
2001 előtt n=11289	átlag	-0,04 ^b	0,47 ^a	-0,12 ^a	0,11 ^a
	szórás	0,23	0,89	0,11	0,11
	CV%	563,10	189,91	87,92	99,96
2001-2005 n=5685	átlag	-0,09 ^a	0,53 ^a	-0,10 ^b	0,12 ^a
	szórás	0,29	1,10	0,16	0,11
	CV%	317,42	208,08	158,78	88,42
2006-2010 n=11804	átlag	-0,05 ^{ab}	0,65 ^b	-0,05 ^c	0,13 ^b
	szórás	0,27	1,15	0,17	0,08
	CV%	547,76	177,02	339,21	60,64
2011-2015 n=14605	átlag	0,01 ^c	0,87 ^c	-0,04 ^c	0,12 ^a
	szórás	0,32	1,35	0,18	0,10
	CV%	3199,12	154,90	443,97	81,96
2016-2022 n=16606	átlag	-0,04 ^b	1,14 ^d	-0,04 ^c	0,11 ^a
	szórás	0,37	1,53	0,19	0,12
	CV%	913,04	134,64	474,14	104,64
Szignifikancia szint		***	***	***	***

Forrás: saját szerkesztés

A 3. táblázatban a születési év hatása látható a különböző húsminőségi paraméterek genomikai tenyésztéseire. Minden vizsgált paraméter esetében különbséget tapasztaltam. A P8 bőr alatti faggyúvastagság az évek során igen változó tendenciát mutat. A hosszú hátizom területe a születési évek előrehaladtával növekvő tendenciát mutat. A rostélyostájéki bőr alatti faggyúvastagsága is emelkedésnek indult, de 2006-tól nem változott. A márványozottság genomtenyésztése a 2006-2010-es évjáratú bikák kivételével egységes képet mutat.

Összességében megállapítható, hogy az idő előrehaladtával a bikák növekedési eréllyel kapcsolatos genomtenyésztései nőnek. Az elléssel összefüggő paraméterek változó, de inkább csökkenő tendenciát mutatnak, a herekörméret pedig stagnál. A húsminőségi paramétereket inkább stagnáló, és növekvő tendenciák jellemzik.

4.2 A szarvaltság hatása a genomikai tenyésztértékekre

A szakirodalmak szerint az egyedek szarvaltsága vagy szarvnélkülisége befolyásolhat egyes értékmérő tulajdonságokat, ezért elemzést végeztem arra vonatkozóan, hogy a szarvaltság az általam vizsgált genomikai tenyésztértékekre milyen hatással van.

4. táblázat: **A szarvaltság hatása a növekedési eréllyel összefüggő genomikai tenyésztértékekre 1**

Megnevezés	Szarvalt n=12987			Szarvatlan n=3524			Szign. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Születési súly	1,12 ^a	1,17	104,47	1,14 ^a	1,34	116,70	n.s.
200 napos súly	9,40^a	7,57	80,51	12,38^b	7,55	60,96	***
400 napos súly	16,23^a	11,21	69,07	20,48^b	12,47	60,87	***
600 napos súly	22,04^a	13,55	61,47	26,93^b	15,11	56,10	***
Felnőttkori súly	22,00^a	13,99	63,58	26,45^b	16,72	63,20	***

Forrás: saját szerkesztés

A 4. táblázat a szarvaltsági állapot hatását szemlélteti a növekedési erélyre. A születési súlyt leszámítva, minden vizsgált paraméter esetében elmondható, hogy a szarvatlan egyedek jobb tenyésztértékekkel rendelkeznek, mint a szarváltak.

5. táblázat: **A szarvaltság hatása a növekedési eréllyel összefüggő genomikai tenyésztértékekre 2**

Megnevezés	Homozigóta szarvatlan n=229			Heterozigóta szarvatlan n=881			Szarvalt n=12987			Szign. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Születési súly	0,85^a	1,63	192,60	1,19^b	1,46	122,16	1,12^b	1,17	104,47	***
200 napos súly	12,36^b	7,61	61,57	14,18^c	7,69	54,19	9,40^a	7,57	80,51	***
400 napos súly	21,08^b	13,58	64,39	23,35^c	13,36	57,22	16,23^a	11,21	69,07	***
600 napos súly	26,88^b	16,19	60,23	30,15^c	16,03	53,16	22,04^a	13,55	61,47	***
Felnőttkori súly	27,60^b	19,07	69,07	29,31^b	17,83	60,84	22,00^a	13,99	63,58	***

Forrás: saját szerkesztés

Az 5. táblázatban láthatóak azon egyedek tenyésztértéke, melyekről igazoltan tudjuk, hogy homozigóta vagy heterozigóta szarvatlanok, összehasonlítva egymással, valamint szarvált társaikkal. A születési súly esetében a homozigóta szarvatlanok kisebb genomtenyésztértékkel rendelkeznek, mint a heterozigóta szarvatlanok és a szarváltak. A 200, 400 és a 600 napos súly

GTÉ esetében a szarvatlanok jobban teljesítenek, mint a szarváltak, de közülük is a heterozigóta szarvatlanok csoportja nagyobb genomikai tenyésztéssel rendelkeznek. A felnőttkori súly genomtenyészték esetében szintén a szarvatlan egyedek mutatkoznak nagyobbak. A vizsgált paraméterben a homozigóta és a heterozigóta egyedek között nincs különbség. Az itt bemutatott értékek összhangba vannak a 4. táblázattal.

6. táblázat: A szarvaltság hatása a termékenységgel kapcsolatos genomikai tenyésztékekre 1

Megnevezés	Szarvált n=12987			Szarvatlan n=3524			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Ellés lefolyása közvetlen	-0,04 ^a	4,04	11300,54	0,27 ^b	4,88	1787,19	***
Lányai ellés lefolyása	0,01	2,96	33225,12	-0,06	3,40	5748,36	n.s.
Vemhességi idő	-0,55 ^b	0,86	157,44	-0,85 ^a	1,09	127,19	***
Herekörméret	0,19 ^a	0,48	258,14	0,24 ^b	0,56	232,91	***

Forrás: saját szerkesztés

A 6. táblázatban megfigyelhető a szarvált és szarvatlan egyedek termékenységgel összefüggő paramétereinek összehasonlítása. Megállapítható, hogy a szarvált egyedek ellés lefolyása nehezebb, vemhességi idő és a herekörméret GTÉ-e hátrányosabb, mint a szarvatlan egyedeké.

7. táblázat: A szarvaltság hatása a termékenységgel kapcsolatos genomikai tenyésztékekre 2

Megnevezés	Homozigóta szarvatlan n=229			Heterozigóta szarvatlan n=881			Szarvált n=12987			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Ellés lefolyása közvetlen	1,32 ^b	5,53	420,32	0,57 ^b	5,05	892,32	-0,04 ^a	4,04	11300,54	***
Lányai ellés lefolyása	0,63 ^b	3,33	524,41	0,17 ^{ab}	3,35	1993,03	0,01 ^a	2,96	33225,12	*
Vemhességi idő	-1,23 ^c	1,06	85,84	-1,04 ^b	1,11	106,48	-0,55 ^a	0,86	-157,44	***
Herekörméret	0,15 ^a	0,58	390,27	0,22 ^a	0,60	268,03	0,19 ^a	0,48	258,14	n.s.

Forrás: saját szerkesztés

A 7. táblázatban a szarvatlan egyedek 2 csoportja a homozigóta és a heterozigóta szarvatlanok, valamint a szarvált egyedek összehasonlítását láthatjuk. A közvetlen ellés lefolyás GTÉ esetében a homozigóta és a heterozigóta egyedek között nincs különbség, mindkét csoport egyedei könnyebben ellenek, mint a szarvált egyedek. A közvetett (lányai) ellés lefolyás esetében a szarvált egyedek tenyésztéke nem különbözik a heterozigóta szarvatlan egyedek tenyésztékétől, azonban a homozigóta szarvatlan egyedek tenyésztékeinél kisebb. A vemhességi idő GTÉ a szarváltak esetében a legkedvezőtlenebb, a homozigóta szarvatlan

egyedeknél pedig a legkedvezőbb. A herekörméret genomikai tenyésztékében ebben a csoportosításban nem tapasztaltam különbségeket. Az utóbbi két megállapítás ellentétben áll a 6. táblázatban foglaltakkal. Ennek oka valószínűleg az, hogy nem minden szarvatlan egyedről tudjuk, hogy homozigóta vagy heterozigóta, és emiatt ebben az összehasonlításban kevesebb egyedszámmal számoltam.

8. táblázat: A szarvaltság hatása a húsmínóséggel kapcsolatos genomikai tenyésztékére 1

Megnevezés	Szarvált n=12987			Szarvatlan n=3524			Szign. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
P8 bőr alatti faggyúvast.	-0,05^a	0,36	707,64	0,01^b	0,40	4457,15	***
Hosszú hátizom terület	0,91^a	1,48	162,70	1,24^b	1,89	152,45	***
Rostélyostájéki bőr alatti faggyúvast.	-0,08^a	0,18	222,59	0,01^b	0,20	1832,24	***
Márványozottság	0,10^a	0,12	115,88	0,12^b	0,11	87,38	***

Forrás: saját szerkesztés

A 8. táblázatban a szarvaltság hatását mutatom be a húsmínóségi paraméterek genomtenyésztékére vonatkozóan. Jól látható, hogy minden vizsgált tulajdonság esetében a szarvatlan egyedek nagyobb genomikai tenyésztékkel rendelkeznek.

9. táblázat: A szarvaltság hatása a húsmínóséggel összefüggő genomikai tenyésztékére 2

Megnevezés	Homozigóta szarvatlan n=229			Heterozigóta szarvatlan n=881			Szarvált n=12987			Szign. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
P8 bőr alatti faggyúvast.	0,07^c	0,42	593,35	-0,01^b	0,43	4265,22	-0,05^a	0,36	707,64	***
Hosszú hátizom terület	1,37^b	2,26	164,37	1,53^b	2,18	142,32	0,91^a	1,48	162,70	***
Rostélyostájéki bőr alatti faggyúvast.	0,05^c	0,23	418,86	0,003^b	0,21	6861,55	-0,08^a	0,18	222,59	***
Márványozottság	0,13^b	0,10	79,52	0,13^b	0,12	94,47	0,10^a	0,12	115,88	***

Forrás: saját szerkesztés

A 9. táblázatban is jól megfigyelhetők az előbb említett tendenciák, azaz a szarvált egyedek minden paraméter esetében kisebb genomikai tenyésztékkel rendelkeznek. A homozigóta szarvatlan egyedek P8, valamint rostélyostájéki bőr alatt vastagabb faggyúrétggel rendelkeznek, mint a heterozigóta szarvatlan társaik.

4.3 A genomikai tenyésztékek alakulása bikák termékenyítési engedélye szerint történő felosztása alapján

10. táblázat: A növekedési eréllyel kapcsolatos genomikai tenyésztékek alakulása a bikák termékenyítési engedélye szerinti felosztása alapján

Megnevezés	Mesterséges n=392			Természetes n=3584			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Születési súly	1,32^a	1,17	88,54	1,45^b	1,21	83,17	*
200 napos súly	14,20 ^a	8,06	56,78	14,82 ^a	7,53	50,80	n.s
400 napos súly	23,13 ^a	13,36	57,75	23,84 ^a	12,71	53,31	n.s
600 napos súly	30,54 ^a	15,90	52,06	30,27 ^a	15,29	50,51	n.s
Felnőttkori súly	30,57 ^a	18,66	61,03	28,86 ^a	16,96	58,76	n.s

Forrás: saját szerkesztés

A 10. táblázatban a mesterséges, valamint a természetes engedéllyel rendelkező bikák növekedési tenyésztékeit szemléltetem. A születési súly genomikai tenyészték esetében különbség figyelhető meg, miszerint a mesterségesen termékenyítő bikák születési súlya kisebb. A többi paraméter esetében nem észleltem eltérést.

11. táblázat: A termékenységgel kapcsolatos genomikai tenyésztékek alakulása a bikák termékenyítési engedélye szerinti felosztása alapján

Megnevezés	Mesterséges n=392			Természetes n=3584			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Ellés lefolyása közvetlen	-0,05 ^a	5,34	10740,70	-0,38 ^a	4,96	1291,82	n.s.
Lányai ellés lefolyása	0,05 ^a	3,66	7741,32	0,001 ^a	3,30	181878,64	n.s.
Vemhességi idő	-1,00 ^a	1,45	145,38	-0,89 ^a	0,99	111,14	n.s.
Herekörméret	0,11^a	0,53	481,86	0,24^b	0,60	248,95	***

Forrás: saját szerkesztés

A bikák termékenyítési engedélye szerint történő felosztásának hatását a termékenységi paraméterekre a 11. ábra mutatja be. A herekörméret tenyésztéke tekintetében különbséget találtam, ugyanis a természetes fedeztetési engedéllyel rendelkező bikák nagyobb herekörmérettel rendelkeznek. A többi vizsgált tulajdonság esetében nincs statisztikailag bizonyítható eltérés.

12. táblázat: A húsminőséggel összefüggő genomikai tenyésztékek alakulása a bikák termékenyítési engedélye szerinti felosztása alapján

Megnevezés	Mesterséges n=392			Természetes n=3584			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
P8 bőr alatti faggyúvast.	-0,11 ^a	0,38	331,88	0,01 ^b	0,41	3385,78	***
Hosszú hátizom terület	1,36 ^a	1,91	140,37	1,24 ^a	1,84	148,65	n.s
Rostélyostájéki bőr alatti faggyúvast.	-0,09 ^a	0,20	220,80	-0,05 ^b	0,21	449,59	**
Márványozottság	0,09 ^a	0,14	145,28	0,11 ^a	0,13	115,40	n.s.

Forrás: saját szerkesztés

A 12. táblázat a termékenyítési engedély szintjének hatását szemlélteti a különböző húsminőségi paraméterek genomikai tenyésztékeire. A P8 bőr alatti faggyúvastagság valamint a rostélyostájéki bőr alatti faggyúvastagság genomtenyésztékek esetében differencia figyelhető meg, hisz a mesterséges termékenyítési engedéllyel rendelkező bikáknál kisebb az említett tulajdonságok tenyésztéke.

4.4 A genomikai tenyésztékek alakulása a bikák származási országa alapján

13. táblázat: A növekedési eréllyel kapcsolatos genomikai tenyésztékek alakulása a bikák származási országa alapján

Megnevezés	Magyarország n=406			Franciaország n=241			Kanada n=22			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Születési súly	1,52 ^c	1,21	79,76	1,23 ^b	1,06	85,95	0,09 ^a	1,71	1911,25	***
200 napos súly	14,64 ^b	6,97	47,62	13,18 ^b	8,97	68,05	4,26 ^a	4,71	110,53	***
400 napos súly	23,71 ^b	11,67	49,23	21,92 ^b	13,06	59,59	5,45 ^a	11,07	203,15	***
600 napos súly	29,26 ^b	14,93	51,03	29,33 ^b	15,56	53,05	10,30 ^a	14,19	137,81	***
Felnőttkori súly	26,05 ^b	17,39	66,74	32,35 ^c	17,70	54,72	13,81 ^a	23,41	169,51	***

Forrás: saját szerkesztés

A származási ország hatását a növekedési eréllyel összefüggő genomtenyésztékekre a 13. táblázat mutatja be. Minden vizsgált paraméter esetében különbséget tapasztaltam. A magyar származású bikák rendelkeznek a legnagyobb születési súllyal, a kanadai származású egyedek pedig a legkisebbel. A 200, 400 és 600 napos súly tekintetében pedig megállapítható, hogy a kanadai bikák kisebb tenyésztékekkel rendelkeznek, mint a magyar vagy francia származású egyedek. A francia származású bikáknak van a legnagyobb felnőttkori súly genomtenyésztéke, míg a kanadai egyedeknek a legkisebb.

14. táblázat: A termékenységgel kapcsolatos genomikai tenyésztékek alakulása a bikák származási országa alapján

Megnevezés	Magyarország n=406			Franciaország n=241			Kanada n=22			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Ellés lefolyása közvetlen	-0,78 ^a	5,28	678,41	-1,04 ^a	5,23	503,75	3,76 ^b	5,78	153,80	***
Lányai ellés lefolyása	-0,47 ^a	3,45	734,58	-0,12 ^{ab}	3,44	2960,92	1,74 ^b	4,14	237,73	*
Vemhességi idő	-0,73 ^b	0,82	111,80	-1,08 ^a	1,23	113,72	-1,12 ^a	1,02	91,02	***
Herekörméret	0,19 ^a	0,62	322,94	0,08 ^a	0,48	578,01	0,39 ^a	0,58	147,81	n.s.

Forrás: saját szerkesztés

A 14. táblázatban a származási ország hatása látható a termékenységgel összefüggő genomtenyésztékekre. A kanadai származású egyedek közvetlen ellés lefolyása kedvezőbb, mint a francia és magyar származású egyedeké. A közvetett ellés lefolyás tekintetében is a kanadai származású egyedek genomikai tenyésztékei jobbak, azonban csak a magyar származásúaktól tér el statisztikailag igazolt módon. A vemhességi idő esetében a magyar

származású egyedek genomtenyésztértéke a nagyobb, azaz kedvezőtlenebb. A herekörméret GTÉ-et nem befolyásolta a bikák származási országa.

15. táblázat: A húsminőséggel kapcsolatos genomikai tenyésztértékek alakulása a bikák származási országa alapján

Megnevezés	Magyarország n=406			Franciaország n=241			Kanada n=22			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
P8 bőr alatti faggyúvast.	0,12 ^b	0,35	301,25	-0,20 ^a	0,34	172,12	-0,06 ^{ab}	0,42	684,75	***
Hosszú hátizom terület	0,94 ^b	1,79	191,05	1,56 ^c	1,61	102,85	-0,36 ^a	2,10	580,81	***
Rostélyostájéki bőr alatti faggyúvast.	0,01 ^a	0,19	3932,59	-0,09 ^{ab}	0,19	221,62	0,03 ^a	0,19	745,90	***
Márványozottság	0,15 ^b	0,10	65,04	0,07 ^a	0,12	178,60	0,16 ^b	0,07	46,70	***

Forrás: saját szerkesztés

A 15. táblázat a húsminőségi genomtenyésztértékek változását mutatja be a származási ország függvényében. Minden vizsgált paraméter esetében szignifikáns különbséget tapasztaltam. A magyar származású egyedek vastagabb P8 bőr alatti faggyúval rendelkeznek, mint a kanadai származásúak. A francia származású egyedek hosszú hátizom területe a legnagyobb, míg a kanadai származású bikáké a legkisebb. A rostélyostájéki bőr alatti faggyúvastagságra a származási ország nincs hatással. A márványozottság GTÉ esetében pedig megfigyelhető, hogy a francia származású bikák kevesebb intramuszkuláris faggyúval rendelkeznek.

4.5 A Q204X és az F94L miosztatin gének hatása a genomikai tenyésztésekre

Több szakirodalom vizsgálja a miosztatin gének hatását az egyes paraméterekre, ezért elemeztem, hogy a Q204X és az F94L miosztatin gének a különböző genomikai tenyésztéseket hogyan befolyásolják.

16. táblázat: **Q204X gén hatása a növekedési eréllyel összefüggő genomikai tenyésztésekre**

Megnevezés	Q204X hordozó n=164			Nem hordozó n=4842			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Születési súly	1,62 ^a	1,29	79,25	1,47 ^a	1,26	85,84	n.s
200 napos súly	17,58 ^b	7,74	44,04	15,82 ^a	7,16	45,25	**
400 napos súly	27,78 ^b	13,93	50,13	24,39 ^a	12,98	53,24	**
600 napos súly	36,23 ^b	15,69	43,30	31,25 ^a	15,56	49,77	***
Felnőttkori súly	34,41 ^b	15,53	45,12	29,54 ^a	17,47	59,14	***

Forrás: saját szerkesztés

17. táblázat: **Az F94L gén hatása a növekedési eréllyel összefüggő genomikai tenyésztésekre**

Megnevezés	F94L hordozó n=86			Nem hordozó n=4920			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Születési súly	0,04 ^a	0,16	377,83	0,11 ^b	0,12	108,72	***
200 napos súly	16,66 ^a	7,89	47,38	15,86 ^a	7,17	45,21	n.s
400 napos súly	26,79 ^a	14,51	54,15	24,46 ^a	13,00	53,14	n.s
600 napos súly	35,93 ^b	17,65	49,12	31,34 ^a	15,53	49,57	**
Felnőttkori súly	35,79 ^b	17,84	49,84	29,60 ^a	17,41	58,82	***

Forrás: saját szerkesztés

A 16-17. táblázatban a miosztatin gének hatása látható a növekedési eréllyel kapcsolatos genomtenyésztésekre. A születési súly genomikai tenyésztését a Q204X gén nem befolyásolta, azonban az F94L heterozigóta jelenléte csökkentette. A Q204X heterozigóta hordozása statisztikailag igazoltan növeli a 200-, a 400-, a 600 napos, valamint a felnőttkori súly tenyésztését. Az F94L miosztatin génhordozó bikák pedig nagyobb 600 napos és felnőttkori súly genomtenyésztéssel rendelkeznek.

18. táblázat: A Q204X gén hatása a termékenységgel összefüggő genomikai tenyésztésekre

Megnevezés	Q204X hordozó n=164			Nem hordozó n=4842			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Ellés lefolyása közvetlen	-1,10 ^a	4,68	424,73	-0,56 ^a	5,04	901,73	n.s.
Lányai ellés lefolyása	-0,49 ^a	2,71	556,63	-0,14 ^a	3,37	2453,09	n.s.
Vemhességi idő	-0,90 ^a	1,05	116,55	-0,97 ^a	0,99	102,13	n.s.
Herekörméret	0,04 ^a	0,56	1583,28	0,23 ^b	0,61	265,76	***

Forrás: saját szerkesztés

19. táblázat: Az F94L gén hatása a termékenységgel összefüggő genomikai tenyésztésekre

Megnevezés	F94L hordozó n=86			Nem hordozó n=4920			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
Ellés lefolyása közvetlen	-0,83 ^a	4,80	580,49	-0,57 ^a	5,03	879,78	n.s.
Lányai ellés lefolyása	-0,59 ^a	2,82	477,38	-0,14 ^a	3,36	2401,26	n.s.
Vemhességi idő	-1,19 ^a	1,19	99,80	-0,96 ^b	0,98	102,55	*
Herekörméret	0,24 ^a	0,63	266,19	0,22 ^a	0,61	273,23	n.s.

Forrás: saját szerkesztés

A 18-19. táblázat a miosztatin gének jelenlétének hatását szemlélteti a termékenységgel kapcsolatos genomtenyésztésekre. A közvetlen és közvetett ellés lefolyás genomikai tenyésztékét nem befolyásolják az említett gének jelenléte. A vemhességi idő GTÉ-e jobb az F94L génhordozó egyedek esetében. A Q204X heterozigóta jelenléte pedig csökkenti a herekörméret genomtenyésztékét.

20. táblázat: A Q204X gén hatása a húsminőséggel összefüggő genomikai tenyésztértékekre

Megnevezés	Q204X hordozó n=164			Nem hordozó n=4842			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
P8 bőr alatti faggyúvast.	-0,25 ^a	0,43	173,49	0,02 ^b	0,42	2461,96	***
Hosszú hátizom terület	2,53 ^b	2,36	92,98	1,21 ^a	1,89	155,76	***
Rostélyostájéki bőr alatti faggyúvast.	-0,10 ^a	0,22	212,54	-0,05 ^b	0,21	458,42	**
Márványozottság	0,04 ^a	0,16	377,83	0,11 ^b	0,12	108,72	***

Forrás: saját szerkesztés

21. táblázat: Az F94L gén hatása a húsminőséggel összefüggő genomikai tenyésztértékekre

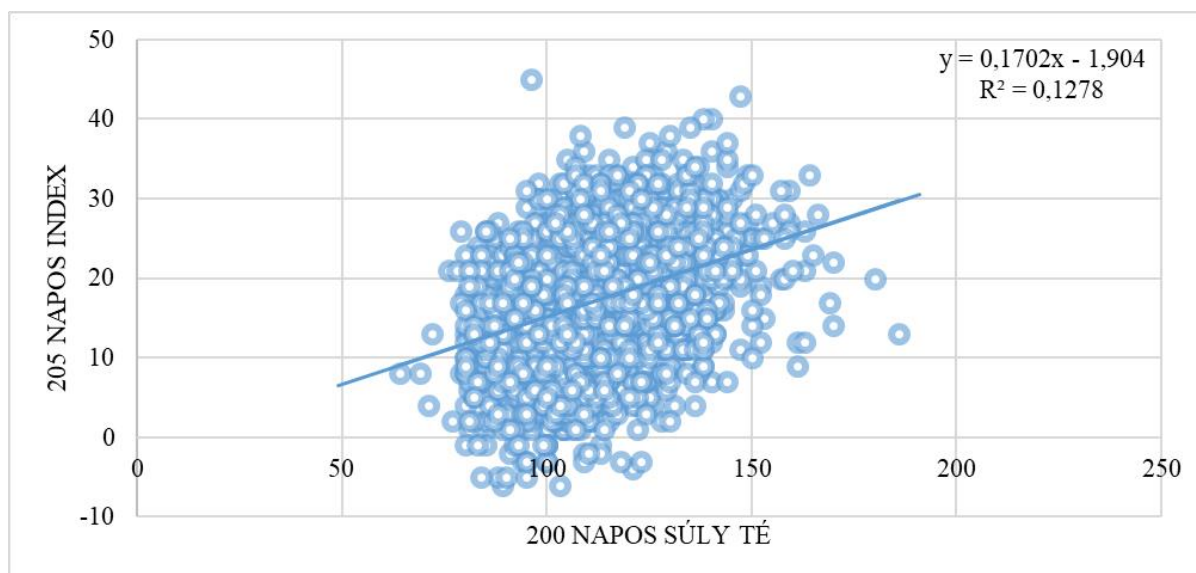
Megnevezés	F94L hordozó n=86			Nem hordozó n=4920			Szn. szint
	átlag	szórás	CV%	átlag	szórás	CV%	
P8 bőr alatti faggyúvast.	0,00 ^a	0,48	17931,17	0,01 ^a	0,42	5246,26	n.s.
Hosszú hátizom terület	1,55 ^a	2,12	136,78	1,25 ^a	1,91	153,16	n.s.
Rostélyostájéki bőr alatti faggyúvast.	-0,07 ^a	0,20	289,12	-0,05 ^a	0,21	444,29	n.s.
Márványozottság	0,14 ^a	0,13	92,30	0,11 ^a	0,13	114,09	n.s.

Forrás: saját szerkesztés

A húsminőségi genomtenyésztértékek változása a miosztatin gének jelenlétének függvényében a 20-21. táblázat mutatja be. Jól látható, hogy a Q204X heterozigóta hordozása növeli a hosszú hátizom területének genomikai tenyésztértékét, és csökkenti a P8 valamint a rostélyostájéki bőr alatti faggyúvastagság, illetve a herekörméret genomtenyésztértékét. Az F94L gén jelenléte nem befolyásolja a vizsgált húsminőségi paramétereket.

4.6 Az STV vizsgálat és a genomikai tenyészték összefüggése

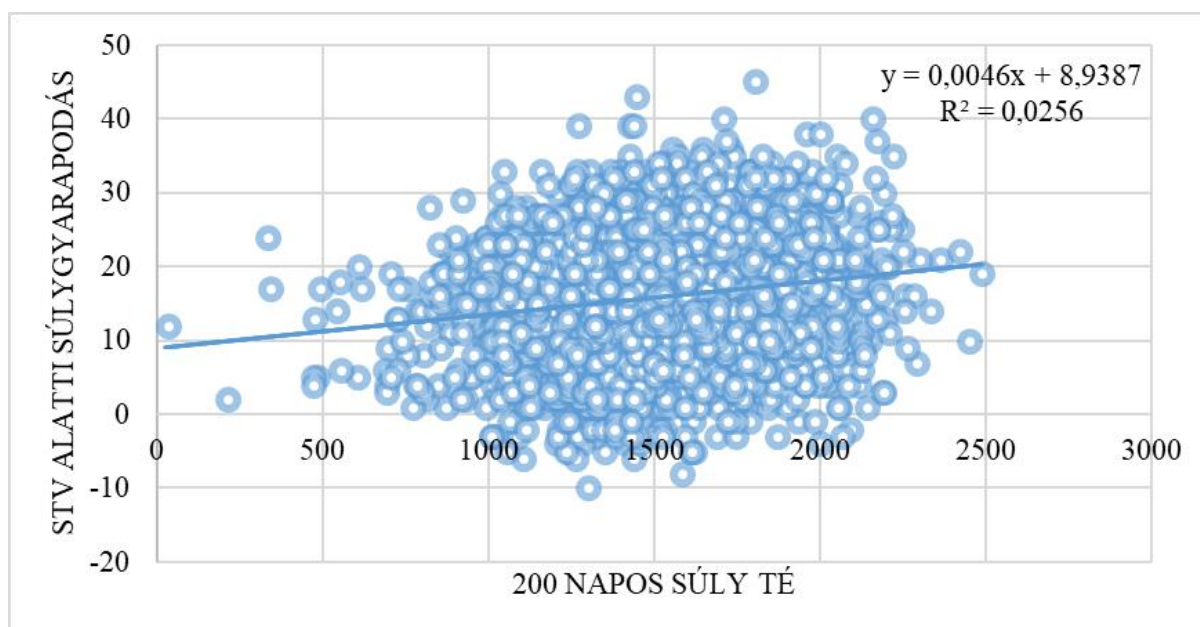
A 205 napos index valamint a 200 napos súly genomtenyészték közötti összefüggést a 3. ábra szemlélteti. A két tulajdonság közti korreláció laza, mindössze 0,36.



3. ábra: 205 napos index és a 200 napos súly tenyészték közti összefüggés

Forrás: saját szerkesztés

A 4. ábrán az STV alatti súlygyarapodás valamint a 200 napos súly genomikai tenyészték kapcsolata látható. A köztük lévő korreláció igen alacsony, 0,16.



4. ábra: Az STV alatti súlygyarapodás és a 200 napos súly tenyészték közti összefüggés

Forrás: saját szerkesztés

5. Következtetések és javaslatok

Dolgozatomban a hazai charolais bikák genomikai tenyésztértékeit hasonlítottam össze születési év, szarvaltsági állapot, származási ország és termékenyítési engedély szerint. Elemeztem a Q204X és az F96L miosztatin gének hordozásának hatását is, valamint összefüggést kerestem a 200 napos súly tenyésztértéke és a 205 napos index, illetve az STV alatti súlygyarapodás között.

A bikák születési éve minden vizsgált paramétert befolyásolt. A legtöbb növekedési eréllyel összefüggő genomtenyésztérték az évek előrehaladtával folyamatosan nőtt, kivéve a születési súly tenyésztértékét. A termékenységgel összefüggő genomtenyésztértéknél egyértelmű trendet nem találtam. A születési év a húsminőségi genomikai tenyésztértékekre hatást gyakorolt. A hosszú hátizom területe és a rostélyostájéki bőr alatti faggyúvastagság növekedést mutatott, míg az intramuszkuláris faggyú nem változott. Megállapítható tehát, hogy a bikák születési éve befolyásolta a vizsgált tulajdonságok tenyésztértékeit, mely tükrözi a genetikai előrehaladást és a tenyésztés eredményét.

A bikák szarvaltsági állapota a legtöbb vizsgált genomikai tenyésztértéket befolyásolta. A szarvatlan egyedek nagyobb növekedési erély tenyésztértékekkel rendelkeztek. Emellett kedvezőbb az elléslefolyásuk és nagyobb a hosszú hátizom területük azonban vastagabb rostélyostájéki és P8 faggyúréteggel rendelkeznek. Eredményeimet GOONEWARDENE et al., (1999) és RANDHAWA et al., (2021) vizsgálatai is alátámasztják.

A születési súlyra, a herekörméretre, a rostélyostájéki és P8 bőr alatti faggyúvastagság genomikai tenyésztértékére hatással volt a bikák termékenyítési engedély szerinti felosztása. A mesterséges engedéllyel rendelkező bikák kisebb genomikai tenyésztértékekkel rendelkeztek az említett paraméterek esetében. A herekörméret genomtenyésztértéke esetében ez hátrányos, míg a húsminőségi genomtenyésztértékek tekintetében előnyös megállapítás.

A bikák származási országa a legtöbb vizsgált genomtenyésztértéket befolyásolta. A kanadai származású egyedek kisebb növekedési eréllyel rendelkeztek, mint a magyar és francia származásúak. A magyar bikák a francia egyedektől nagyobb születési súllyal, de kisebb felnőttkori súllyal jellemezhetők. A kanadai származású egyedek közvetlen és közvetett ellés lefolyása kedvezőbb. A magyar származásúak pedig kedvezőtlenebb vemhességi idő GTÉ-el rendelkeznek. Húsminőséget tekintve a francia bikáknak van a legnagyobb hosszú hátizom területük és a legkisebb márványozottság tenyésztértékük. A P8 bőr alatti faggyú a magyar bikák esetében a legvastagabb.

A különböző miosztatin mutációk hatással voltak számos vizsgált paraméterre. A Q204X gén heterozigóta jelenléte a születési súly kivételével növelte a növekedési erély tenyésztértékeit. Az F94L pedig csökkentette a születési súlyt és növelte a 600 napos és felnőttkori súly tenyésztértéket. A termékenység esetében megállapítható, hogy a Q204X hordozása csökkenti a herekörméretet, az F94L pedig a vemhességi időt. Előbbi negatív, utóbbi pozitív jellemző. A Q204X mutáció hordozása növelte a hosszú hátizom területét és csökkentette a P8 és rostélyostájéki bőr alatti faggyúvastagságot, valamint a márványozottság mértékét is. Az F94L gén jelenléte nem befolyásolta a húsminőségi paramétereket. VANKAN et al., (2010) illetve PURFIELD et al., (2019) kutatási eredményei összhangban vannak az általam tapasztaltakkal.

A valós STV eredmények és a 200 napos GTÉ közti összefüggések elemzése során nem találtam szoros összefüggést (0,16 és 0,36). A laza korrelációt KACHMAN et al., (2013) is bizonyították.

Összefoglalás

A charolais fajtát a világ legeredményesebb húsmarhái közé sorolhatjuk. Széles körű elterjedését jó alkalmazkodó képességének és kiváló hústermelő képességének köszönheti. A különböző ökológiai adottságokhoz igazodva számos típusa (tenyésztői, hentes, köztes, könnyűellő és ranch) alakult ki, melyek közül hazánkban is több jelen van.

A genomikai tenyésztértékbecslést ma már rutinszerűen alkalmazzák számos állatfajban az egyedek genomikai tenyésztértéke alapján történő rangsorolására. Használatával lerövidül a generációs intervallum, valamint nagyobb előrehaladás érhető el a gyengén öröklődő, a nehezen mérhető, vagy az ivarhoz kötött tulajdonságok esetében. További előnye a pontosabb tenyésztértékek mellett, a letális gének felderítése, a kvalitatív és kvantitatív értékmérőket erősen befolyásoló gének keresése, vagy a szarvaltságot okozó gén(ek) vizsgálata. A Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete megteremtette annak lehetőségét, hogy a tenyésztők kedvezményes áron genetikai vizsgálatot végeztethetnek állataikon fülporcmintavétel alkalmazásával. A Breedplan központja, az ausztráliai Agricultural Business Research Institute (ABRI) végzi a tenyésztértékek kiszámítását a Gulyás Törzskönyvezési és Telepirányítási Rendszer adatai alapján.

Kutatásom célja a hazai charolais bikák friss genomtenyésztérték adatainak feldolgozása. Összesen 61250 bika genomtenyésztérték adatait dolgoztam fel. A bikák növekedési eréllyel, termékenységgel valamint húsmínóséggel összefüggő genomtenyésztértékeit hasonlítottam össze születési év, szarvaltsági állapot, származási ország és termékenyítési engedély szerint. Elemeztem a Q204X és az F96L miosztatin gének hordozásának hatását is, valamint összefüggést kerestem a 200 napos súly tenyésztértéke és a 205 napos index, illetve az STV alatti súlygyarapodás között is. Az adatokat variancia-analízissel, valamint HSD-tesztel értékeltem, R Stúdió felhasználásával.

A bikák születési éve minden vizsgált paramétert befolyásolt. A legtöbb növekedési eréllyel összefüggő genomtenyésztérték az évek előrehaladtával folyamatosan nőtt, kivéve a születési súly tenyésztértékét. A termékenységgel összefüggő genomtenyésztértéknél egyértelmű trendet nem találtam. A születési év a húsmínóségi genomikai tenyésztértékekre hatást gyakorolt. A hosszú hátizom területe és a rostélyostájéki bőr alatti faggyúvastagság növekedést mutatott, míg az intramuszkuláris faggyú nem változott. Megállapítható tehát, hogy a bikák születési éve befolyásolta a vizsgált tulajdonságok tenyésztértékeit, mely tükrözi a genetikai előrehaladást és a tenyésztés eredményét.

A bikák szarvaltsági állapota a legtöbb vizsgált genomikai tenyésztérteket befolyásolta. A szarvatlan egyedek nagyobb növekedési erély tenyésztértekekkel rendelkeztek. Emellett kedvezőbb az elléslefolyásuk és nagyobb a hosszú hátizom területük azonban vastagabb rostélyostájéki és P8 faggyúréteggel rendelkeznek. Eredményeimet GOONEWARDENE et al., (1999) és RANDHAWA et al., (2021) vizsgálatai is alátámasztják.

A születési súlya, a herekörméretre, a rostélyostájéki és P8 bőr alatti faggyúvastagság genomikai tenyésztértekeire hatással volt a bikák termékenyítési engedély szerinti felosztása. A mesterséges engedéllyel rendelkező bikák kisebb genomikai tenyésztértekekkel rendelkeztek az említett paraméterek esetében. A herekörméret genomtenyésztérteke esetében ez hátrányos, míg a húsminőségi genomtenyésztértekek tekintetében előnyös megállapítás.

A bikák származási országa a legtöbb vizsgált genomtenyésztérteket befolyásolta. A kanadai származású egyedek kisebb növekedési eréllyel rendelkeztek, mint a magyar és francia származásúak. A magyar bikák a francia egyedektől nagyobb születési súllyal, de kisebb felnőttkori súllyal jellemezhetők. A kanadai származású egyedek közvetlen és közvetett ellés lefolyása kedvezőbb. A magyar származásúak pedig kedvezőtlenebb vemhességi idő genomtenyésztértekekkel rendelkeznek. Húsminőséget tekintve a francia bikáknak van a legnagyobb hosszú hátizom területük és a legkisebb márványozottság tenyésztértekekük. A P8 bőr alatti faggyú a magyar bikák esetében a legvastagabb.

A különböző miosztatin mutációk hatással voltak számos vizsgált paraméterre. A Q204X gén heterozigóta jelenléte a születési súly kivételével növelte a növekedési erély tenyésztértekeit. Az F94L gén pedig csökkentette a születési súlyt és növelte a 600 napos és felnőttkori súly tenyésztérteket. A termékenység esetében megállapítható, hogy a Q204X gén hordozása csökkent a herekörméretet, az F94L gén pedig a vemhességi időt. Előbbi negatív, utóbbi pozitív jellemző. A Q204X mutáció hordozása növelte a hosszú hátizom területét és csökkentette a P8 és rostélyostájéki bőr alatti faggyúvastagságot, valamint a márványozottság mértékét is. Az F94L gén jelenléte nem befolyásolta a húsminőségi paramétereket. VANKAN et al., (2010) illetve PURFIELD et al., (2019) kutatási eredményei összhangban vannak az általam tapasztaltakkal.

A valós STV eredmények és a 200 napos GTÉ közti összefüggések elemzése során nem találtam szoros összefüggést (0,16 és 0,36). A laza korrelációt KACHMAN et al., (2013) is bizonyították.

A genomikai tenyészték megjelenése forradalmasította a tenyésztékbecslést és a szelekciót. Ma már szinte minden szarvasmarha fajtánál alkalmazzák, hiszen hozzájárul az eredményesebb, hatékonyabb tenyésztéshez. Az általam végzett elemzések, illetve a kapott eredményeim elősegíthetik a tenyésztői döntéseket, a charolais fajta hatékonyabb termelését vagy akár a tenyésztőszervezetek munkáját.

Irodalomjegyzék

- ALLAIS, S. – LEVÉZIEL, H. – PAYET-DUPRAT, N. – HOCQUETTE, J. F. – LEPETIT, J. – ROUSSET, S. – DENOYELLE, C. – BERNARD-CAPEL, C. – JOURNAUX, L. – BONNOT, A. – RENAND G. (2010): The two mutations, Q204X and nt821, of the myostatin gene affect carcass and meat quality in young heterozygous bulls of French beef breeds. *Journal of Animal Science*, Volume 88. Issue 2. pp. 446–454. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2385>
- ARTHUR, P. F. (1995): Double muscling in cattle: a review. *Australian Journal of Agricultural Research* Volume 46. Issue 8. pp. 1493-1515. DOI:10.1071/AR9951493
- BALIKA S. (2010): Néhány gondolat a szarvtalanságról. *Magyar Állattenyésztők Lapja*, 38. évfolyam, 11. szám, pp. 6-7.
- BENE SZ. – NAGY B. – NAGY L. – SZABÓ F. (2005): Különböző húshasznú szarvasmarha fajták teheneinek testméretei. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 54. évfolyam 4. szám pp. 305-316.
- BENE SZ. – NAGY B. – NAGY L. – KISS B. – POLGÁR P., J. – SZABÓ F. (2007) Comparison of body measurements of beef cows of different breeds. *Archives Animal Breeding*, volume 50. issue 4. pp. 363–373.
- BODÓ I. – DINNYÉS A. – FARKASNÉ BALI PAPP Á. – FÉSÜS L. – HIDAS A. – HOLLÓ I. – HORVAINÉ SZABÓ M. – KOMLÓSI I. – KOVÁCS A. – LENGYEL A. – MIHÓK S. – NAGY N. – POLGÁR J. P. – SZABÓ F. – SZABÓNÉ WILLIN E. – TŐZSÉR J. (2004): Általános állattenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 382 p.
- BODÓ I. (2005): A húsmarhafajták 54-79. In: *Húsmarhatenyésztés* (Szerk.: SZABÓ F.) Mezőgazda Kiadó, Budapest. 375 p.
- BOGNÁR L. (2013): A genomikus tenyésztéértébecslés. *Holstein Magazin*. XXI. évfolyam 6. szám 26-29.
- CALUS, M.P.L. (2010): Genomic breeding value prediction: methods and procedures, *Animal*, volume 4 , issue 2. pp 157–164. doi:10.1017/S1751731109991352
- CASAS, E. – KEELE, J. W. – SHACKELFORD, S.D. – KOOHMARAIE, M. – SONSTEGARD, T. S. – SMITH, T. P. – KAPPES, S. M. – STONE, R. T. (1998): Association of the muscle hypertrophy locus with carcass traits in beef cattle. *Journal of Animal Science*, Volume 76. Number 2. pp. 468-473. doi: 10.2527/1998.762468x.
- CHEN, L. – VINSKY, M. – LI, C. (2015) Accuracy of predicting genomic breeding values for carcass merit traits in Angus and Charolais beef cattle. *Animal Genetics*. Volume 46, issue 1. 55-59 pp. <https://doi.org/10.1111/age.12238>

- CHEN, L. – SCHENKEL, F. – VINSKY, M. – JR. CREWS, D. H. – LI, C. (2013): Accuracy of predicting genomic breeding values for residual feed intake in Angus and Charolais beef cattle. *Journal of Animal Science*. doi: 10.2527/jas.2013-5715.
- CROWLEY, J. P. (1965): The effect of charolais bulls on calving performance. *Irish Journal of Agricultural Research*, Vol. 4, No. 2, pp. 205-213. <https://www.jstor.org/stable/25555375>
- CUSHMAN, R. A., - TAIT JR., R. G. - MCNEEL, A. K. - FORBES, E. D. - AMUNDSON, O. L. - LENTS, C. A. - LINDHOLM-PERRY, A. K. - PERRY, G. A. - WOOD, J. R. - CUPP, A. S. - SMITH, T. P. L. - FREETLY, H. C. – BENNETT, G. L. (2015): A polymorphism in myostatin influences puberty but not fertility in beef heifers, whereas μ -calpain affects first calf birth weight. *Journal of Animal Science*, Volume 93. Issue 1. pp.117–126. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-8505>
- DE LA ROSA REYNA, X.F. – MONTOYA, H.M. – CASTRELLÓN, V.V. – RINCÓN, A.M.S. – BRACAMONTE, M.P. – VERA, W.A. (2010): Polymorphisms in the IGF1 gene and their effect on growth traits in Mexican beef cattle, *GMR: Genetics and Molecular Research*, online journal, 9 p. DOI 10.4238/vol9-2gmr745
- DOMOKOS Z. (2000): A charolais szarvasmarha. *Kistermelők Lapja*, 44. évfolyam, 1. szám, pp. 9.
- DOMOKOS Z. (2010): Charolais tenyésztése az USA-ban. *Magyar Állattenyésztők Lapja*, 38. évfolyam, 8. szám, pp. 4-5.
- DOMOKOS Z. – TŐZSÉR J. – PÓTI P. (2009): Központi sajtótájékoztató-vizsgálat a charolais fajtában. *Magyar Állattenyésztők Lapja*, 37. évfolyam, 12. szám, pp. 10-11.
- DOMOKOS Z. – TŐZSÉR J. (2015): A charolais szarvasmarha fajta és típusainak kialakulása. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 64. évfolyam, 1. szám, pp. 8-20.
- ERIKSSON, S. – NASHOLM, A. – JOHANSSON, K. – PHILIPSSON J. (2004a): Genetic relationships between calving and carcass traits for Charolais and Hereford cattle in Sweden. *Journal of Animal Science*, Volume 82. Issue 8. pp. 2269–2276. <https://doi.org/10.2527/2004.8282269x>
- ERIKSSON, S. – NASHOLM, A. – JOHANSSON, K. – PHILIPSSON J. (2004b): Genetic parameters for calving difficulty, stillbirth, and birth weight for Hereford and Charolais at first and later parities. *Journal of Animal Science*, Volume 82. Issue 2. pp. 375–383. <https://doi.org/10.2527/2004.822375x>
- GOONEWARDENE, L. A. – PANG, H. – BERG, R. T. – PRICE, M. A. (1999): A comparison of reproductive and growth traits of horned and polled cattle in three synthetic beef lines.

- Canadian Journal of Animal Science, Volume 79. Number 2. pp. 123-127.
<https://doi.org/10.4141/A98-096>
- GUNIA, M. – SAINTILAN, R. – VENOT, E. – HOZÉ, C. – FOUILLOUX, M. N. – PHOCAS, F.(2014): Genomic prediction in French Charolais beef cattle using high-density single nucleotide polymorphism markers, Journal of Animal Science. Volume 92, Issue 8, pp. 3258–3269, <https://doi.org/10.2527/jas.2013-7478>
- HENWOOD, S. – CARRUTHERS, B. (1986): White Gold. The Story of Charolais in Canada. The Canadian Charolais Association, Calgary. 108 p.
- HOLLÓ I. – H-NÉ SZABÓ M. – JÁVOR A. – K-NÉ GAÁL K. – KOVÁCS G. – KOVÁCS J. – KUKOVICS S. – MIHÓK S. – MUCSI I. – POLGÁR J. P. – RAJNAI CS. – SÜTŐ Z. – SZABÓ F. – SZ-NÉ WILLIN E. – TŐZSÉR J. (2006): Állattenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 285 p.
- HOLLÓ I. – SZABÓ F. – TŐZSÉR J. – HÚTH B. (2011): Szarvasmarhatenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 220 p.
- HOLLÓ G. – ZÁNDOKI R. – POHN G. – VARGA-VISI É. – REPA I. (2005) Charolais fajtájú bikák és tinók vágási, csontozási eredménye és húsának zsírsav-összetétele. Acta Agraria Kaposváriensis. 9. évfolyam, 1. szám, pp. 1-8.
- HORN P. – BEDŐ S. – BODA I. – BODÓ I. – BUCSY L. – DOHY J. – HECKER W. – HOLLÓ I. – IVÁNCSIS J. – LENGYEL A. – LOVAS L. – MIHÓK S. – MUCSI I. – NAGY N. – STEFLER J. – VERESS L. – ZOMBORSZKY Z. (1999): Állattenyésztés 1. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 592. p.
- JAHUEY-MARTÍNEZ F. J. – PARRA-BRACAMONTE G. M. – SIFUENTES-RINCÓN A. M. – MORENO-MEDINA V. R. (2019): Signatures of selection in Charolais beef cattle identified by genome-wide analysis. Journal of Animal Breeding and Genetics pp. 378-389 <https://doi.org/10.1111/jbg.12399>
- JAHUEY-MARTÍNEZ F. J., – PARRA-BRACAMONTE, G. M. – GARRICK, D. J. – LÓPEZ-VILLALOBOS, N. – MARTÍNEZ-GONZÁLEZ, J. C. – SIFUENTES-RINCÓN, A. M. – LÓPEZ-BUSTAMANTE, L. A. (2020): Accuracies of direct genomic breeding values for birth and weaning weights of registered Charolais cattle in Mexico. Animal Production Science. Volume 60. Number 6. 772–779 pp.
<https://doi.org/10.1071/AN18363>
- KACHMAN, SD. – SPANGLER, M.L. – BENNETT, G.L. – HANFORD, K.J. – KUEHN, L.A. – SNELLING, W.A. – THALLMAN, R.M. – SAATCHI, M. – GARRICK, D.J. – SCHNABEL, R.D. – TAYLOR, J.F. – POLLAK, E.J. (2013): Comparison of molecular

- breeding values based on within- and across-breed training in beef cattle. *Genetics Selection Evolution*, Volume 45. Number 30. pp. 1186-1297.
<https://doi.org/10.1186/1297-9686-45-30>
- KALM, E. – PABST, W. – LINDHE, B. – LANGHOLZ, H.-J. (1978): Estimation of breeding values of beef bulls — Hereford and Charolais — based on data from the field recording scheme in Sweden I. Environmental effects on birth weight, 200-day weight and yearling weight. *Livestock Production Science*, Volume 5. Issue 4. pp. 379-391.
[https://doi.org/10.1016/0301-6226\(78\)90033-7](https://doi.org/10.1016/0301-6226(78)90033-7)
- KIŠACOVÁ, J. – KÚBEK, A. – MELUŠ, V. – ČANAKYOVÁ, Z. – ŘEHOUT, V. (2009): Genetic polymorphism of Myf-5 and myostatin in Charolais breed. *Journal of Agrobiology*, Volume 26. Number 1. pp. 7-11.
- KOSZTOLÁNYINÉ SZENTLÉLEKI A. – VERTSÉNÉ ZÁNDOKI R. – TŐZSÉR J. (2018): Újabb adatok aubrac és charolais egyedek vérmérsékletére egy hazai tenyészetben. *Animal welfare, ethology and housing systems*, 14. évfolyam, 2. szám, pp. 63-77.
- LEVÉZIEL, H. – HOCQUETTE, J.F. – LEPETIT, J. – DENOYELLE, C. – DODELIN, V. – PAYET, N. – MALAFOSSE, A. – RENAND, G. (2006): Q204X myostatin mutation effects on carcass and meat quality traits in heterozygous charolais young bulls. 65-66. In: 52nd International Congress of Meat Science and Technology: Harnessing and exploiting global opportunities. (Szerk.: TROY et al.,) Wageningen Academic Publishers, Dublin, 754 p.
- MAGDA S. – MARSELEK S. – A-NÉ HAMAR E. – LIEBMANN L. (2001): Állattenyésztés. Szaktudás Kiadó Ház, Budapest. 243 p.
- MCPHERRON, A. C. - LAWLER, A. M. - LEE, S. J.(1997): Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF-beta superfamily member. *Nature*, volume 387. pp. 83-90.
- MEILLER, D. – VANNIER, P. (1994): Le Charolais. Édition ANCR, Chalon-sur-Saone Cedex, pp. 46- 51.
- MEUWISSEN, T.H.E. – HAYES, B.J. – GODDARD, M. E. (2001) Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157, 1819-1829 pp.
- MÉSZÁROS M. (2005): A charolais marha. *Kistermelők Lapja*, 49. évfolyam, 11. szám pp. 12-13.
- MIALON, M-M. – RENAND, G. – KRAUSS, D. – MÉNISSIER, F. (2000): Genetic variability of the length of postpartum anoestrus in Charolais cows and its relationship with age at puberty. *Genetics Selection Evolution*, Volume 32, Number 4. pp 403 – 414.
<https://doi.org/10.1051/gse:2000127>

- MOKRY, F. B. – HIGA, R. H. – de ALVARENGA, M. M. – de LIMA, A. O. – MEIRELLES, S. L. C. – BARBOSA da SILVA, M. V. G. – CARDOSO, F. F. – MORGADO de OLIVERIRA, M. – URBINATI, I. – NICIURA, S. C. M. – TULLIO, R. R. – MELLO de ALENCAR. M. – CORREIDA de ALMEIDA REGITANO, L. (2013). Genome-wide association study for backfat thickness in Canchim beef cattle using Random Forest approach. *BMC Genetics*, 14(1), 47. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-14-47>
- MUIR W. M. (2007): Comparison of genomic and traditional BLUP-estimated breeding value accuracy and selection response under alternative trait and genomic parameters, *Journal of Animal Breeding and Genetics*. Vol. 124 pp. 342–355 <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00700.x>
- MUJIBI, F. D. N. – CREWS, D. H. Jr. (2009): Genetic parameters for calving ease, gestation length, and birth weight in Charolais cattle. *Journal of Animal Science*, Volume 87. Issue 9. pp. 2759–2766. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1141>
- PARRA-BRACAMONTE, G. M. – LOPEZ-VILLALOBOS N. – MORRIS, S. T. – SIFUENTES-RINCÓN A. M. – LOPEZ-BUSTAMANTE, L. A. (2016): Genetic trends for live weight traits reflect breeding strategies in registered Charolais Farms in Mexico. *Tropical Animal Health and Production*, Volume 48. pp. 1729–1738.
- PHOCAST, F. – SAPA, J. (2016): Genetic parameters for growth, reproductive performance, calving ease and suckling performance in beef cattle heifers. *Animal Science*, Volume 79. Issue 1. pp. 41 – 48. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1357729800054515>
- POLGÁR J. P. – TÖRÖK M. – KOVÁCS Á. – BENE SZ. (2020): Néhány tényező hatása charolais növendékmarhák hústermelési paramétereire utlrahangos mérések alapján. *Animal welfare, ethology and housing systems, Gödöllő*. Volume 16. Issue 2. pp. 170-176 [10.17205/SZIE.AWETH.2020.2.170](https://doi.org/10.17205/SZIE.AWETH.2020.2.170)
- POPP J. – OLÁH J. – SZENDERÁK J. – HARANGI-RÁKOS M. (2017): A marhahús előállítás nemzetközi és hazai piaci kilátásai, *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 66. évfolyam, 4. szám, pp. 276-299.
- PURFIELD, D.C. – EVANS, R. D. – BERRY, D. P. (2019): Reaffirmation of known major genes and the identification of novel candidate genes associated with carcass-related metrics based on whole genome sequence within a large multi-breed cattle population. *BMC Genomics*, Volume 20. Number 720. 17 p. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6071-9>

- RANDHAWA, I. A. S. – KHATKAR, M. S. – THOMSON, P. C. – RAADSMA H. W. (2016): A Meta-Assembly of Selection Signatures in Cattle. PLoS ONE. Volume 11. Issue 4. 30 p. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0153013>
- RANDHAWA, I. A. S. – MCGOWAN, M. R. – PORTO-NETO, L. R. – HAYES, B. J. – LYONS, R. E. (2021): Comparison of Genetic Merit for Weight and Meat Traits between the Polled and Horned Cattle in Multiple Beef Breeds. Animals, Volume 11. Number 3. pp. 870-888. <https://doi.org/10.3390/ani11030870>
- ROCHA, D. – BILLEREY, C. – SAMSON, F. – BOICHARD, D. – BOUSSAHA, M. (2014): Identification of the putative ancestral allele of bovine single-nucleotide polymorphisms. Journal of Animal Breeding and Genetics. 131. pp. 483–486. <https://doi.org/10.1111/jbg.12095>
- SARGOLZAEI, M. – SCHENKEL, F. S. – VANRADEN, P. M. (2009): gebv: Genomic breeding value estimator for livestock, In: Proceedings of the Dairy Cattle Breeding and Genetics Meeting, University of Guelph, Guelph, ON, Canada. pp. 3-11.
- SEIDEL, G.E. (2010): Brief introduction to whole-genome selection in cattle using single nucleotide polymorphisms. Reprod. Fert. Develop., 22. 138-144. doi: 10.1071/RD09220.
- SUN, X. – HABIER, D. – FERNANDO, R. L. – GARRICK, D. J. – DEKKERS, J. C.M (2011): Genomic breeding value prediction and QTL mapping of QTLMAS2010 data using Bayesian Methods. BMC Proceedings, Volume 5. Number 3. pp. 1-8. doi:10.1186/1753-6561-5-S3-S13
- SZABÓ F. (2013): Genetikai trendek, típusmódosulások a húsmarhatenyésztésben. Magyar Állattenyésztők Lapja, 41. évfolyam, 2. szám, pp. 13-15.
- SZABÓ F. – BOKOR Á. – POLGÁR J. P. – BENE SZ. (2011a): Állatnemesítés. Pannon Egyetem, Kaposvári Egyetem, 61 p.
- SZABÓ F. – KOMLÓSI I. – POSTA J. (2011b): Állattenyésztési genetika. Debreceni Egyetem, Nyugat-Magyarországi Egyetem, Pannon Egyetem, 144 p.
- SZABÓ F. – TEMPFLI K. – DONAGH, B. (2017): Genomikai tenyésztérbecslés a húsmarhatenyésztésben. Állattenyésztés és takarmányozás. 66. évfolyam, 4. sz. 316-330 pp.
- SZENTLÉLEKI A. – ZÁNDOKI R. – DOMOKOS Z. – BUJDOSÓ M. – TŐZSÉR J. (2005): Szarvált és szarvatlan charolais tenyészbika-jelöltek vérmérsékletének és reprodukciós kapacitásának vizsgálata. Animal welfare, ethology and housing systems, Gödöllő. Volume 1. Issue 2. pp. 110-120.

- SZENTLÉLEKI A. – DOMOKOS Z. – BOTTURA, C. – ALBERTI, M. – TŐZSÉR J. (2009): Assessment of temperament and its effect on weaning performance for Aubrac and Charolais weaned calves. *Acta Agraria Debreceniensis*, number 33. pp. 161–169. <https://doi.org/10.34101/actaagrar/33/2865>
- SZŰCS I. – APÁTI F. – NÁBRÁDI A. – SZŐLLŐSI L. (2018): Üzemtan. Debreceni Egyetem, Debrecen. 327 p.
- TAKÁCS A. (2007): A charolais és aubrac tenyésztése Magyarországon. *Magyar Állattenyésztők Lapja*, 35. évfolyam, 12. szám, pp. 8-9.
- TŐZSÉR J. – BÉKÉSI GY. – BÉRES P. – BODÓ I. – BUJDOSÓ M. – DOMOKOS Z. – KORCHMA CS. – REPOVSZKI J. – ZÁNDOKI R. (2003): A charolais fajta és magyarországi tenyésztése. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 266 p.
- TŐZSÉR, J. – DOMOKOS, Z. – ALFÖLDI, L. – HOLLÓ, G. – RUSZNÉK, J.(2001): Különböző génarányú charolais tehenészet teheneinek testméretei. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 50. évfolyam, 1. szám, p. 15.
- TŐZSÉR, J. – DOMOKOS, Z. – BUJDOSÓ, M. – SZENTLÉLEKI, A. – BAKUS, G. – ZÁNDOKI, R. – MINORICS, R. (2004): Hosszú hátizom területének mérése real-time ultrahangkészülékkel a charolais fajtában. *Acta Agraria Kaposváriensis*, 8. évfolyam, 2. szám, pp. 11-21.
- TŐZSÉR J. – DOMOKOS Z. – SZENTLÉLEKI A. – BOTTURA, C. – MASSIMILIANO, A. – KOVÁCS A. – BALOGH P. – BUNDSCHUH A. (2009): Adatok aubrac és charolais hizóbikák ultrahanggal mért hosszú hátizom területéről és bőr alatti faggyúvastagságáról. *Acta Agronomica Óváriensis*, 51. évfolyam, 2. szám, pp. 53-61.
- TŐZSÉR J. – DOMOKOS Z. – SZENTLÉLEKI A. – MINORICS R. – BAKUS G. – ZÁNDOKI R. – KOVÁCS T. – SVÁB L. (2005): Charolais és magyar szürke fajtájú tinók hosszú hátizom területének mérése ultrahang képek alapján. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 54. évfolyam, 4. szám, pp. 331-338.
- TÖRÖK M. – DOMOKOS Z. (2012): Tenyésztéértébecslés a hazai Charolais marhaállományon. *Őstermelő: gazdálkodók lapja*, 16. évf. 5. sz. 83-85. pp.
- VANKAN, D. M. – WAINE, D. R. – FORTES, M. R. S. (2010): Real-time PCR genotyping and frequency of the myostatin F94L mutation in beef cattle breeds. *Animal*, volume 4. number 4. pp. 530–534. doi:10.1017/S175173110999139X
- VATTAMÁNY G. (2005): Nagytestű húsmarhafajta: a charolais. *Értékálló Aranykorona*, 5. évfolyam, 6-7. szám, pp. 27-29.

- VARGA, L. – SZABÓ, GY. – DARVASI, A. – MÜLLER, G. – SASS, M. – SOLLER, M. (1997): Inheritance and mapping of Compact (Cmpt), a new mutation causing hypermuscularity in mice. *Genetics*, volume 147. pp. 755-764.
- VERESS GY. – BAKOS K. (2009): A miosztatin gén szerepe a különböző háziállatfajták hiperizmoltságának kialakulásában. *Irodalmi összefoglaló. Magyar Állatorvosok Lapja*, 131. évfolyam, 8. szám, pp. 483-488.
- VERTSÉNÉ ZÁNDOKI R. – TÁBORI I. – DOMOKOS Z. – TŐZSÉR J. (2008): Charolais tehenek tőgybimbó-alakulása és összefüggése a borjak 205 napos választási súlyával. *Animal welfare, ethology and housing systems*, 4. évfolyam, 2. szám, pp. 243-249.
- VERTSÉNÉ ZÁNDOKI R. – TÁBORI I. – TŐZSÉR J. (2009): Charolais tehenek viselkedésének értékelése az ellést követő időszakban. *Animal welfare, ethology and housing systems*, 5. évfolyam, 4. szám, pp. 291-297.
- WANG, C. – DING, X. – LIU, J. – YIN, Z. – ZHANG, Q. (2014): Bayesian methods for genomic breeding value estimation, *Yi Chuan = Hereditas*, Volume 36. Issue 2. pp. 111-118. DOI: [10.3724/sp.j.1005.2014.00111](https://doi.org/10.3724/sp.j.1005.2014.00111)
- ZSUPPÁN ZS. – BENE SZ. – DOMOKOS Z. – SZABÓ F. (2009): Húsmarha állományok néhány reprodukciós élettartam, és növekedési tulajdonságának értékelése 2. Közlemény: Charolais tehenek első ellési életkorának és élettartamának vizsgálata. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 58. évfolyam, 4. szám, pp. 293-304.

Internet hivatkozások:

- KSH (2019): Állatállomány, 2019. december 1: A tehének száma 2,2, a tehéntej felvásárlási ára 5,6%-kal nőtt,
<https://www.ksh.hu/docs/hun/xftp/stattukor/allat/2019/index.html#atehenekszma22atehntejfelvsrlsira56kalntt> Letöltve: 2022. 09. 06.
- KSH (2021a): Szarvasmarha-állomány megye és régió szerint, december 1.
https://www.ksh.hu/stadat_files/mez/hu/mez0087.html Letöltve: 2022. 08. 25.
- KSH (2021b): Állatállomány, 2021. december 1: A szarvasmarha-állomány az elmúlt évtizedben bekövetkezett folyamatos bővülést követően csökkent, a vágómarhák felvásárlási átlagára nőtt,
<https://www.ksh.hu/docs/hun/xftp/stattukor/allat/2021/index.html> Letöltve: 2022. 08. 25.
- KSH (2021c): A szarvasmarha-állomány kor és ivar szerinti megoszlása gazdálkodási formák szerint,
https://www.ksh.hu/docs/hun/xstadat/xstadat_evkozi/e_oma002e.html?down=157
Letöltve: 2022. 08. 25.
- MCTE (2021): A charolais és az aubrac fajták tenyésztési programja. Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete,
<http://charolais.hu/ujweb/index.php/hu/szabalyzatok/tenyesztesi-program> Letöltve: 2022. 09. 22.

Ábrák, táblázatok jegyzéke

Ábrák jegyzéke

1. ábra: A szarvasmarha-állomány változása 2000-2021	3
2. ábra: A magyarországi szarvasmarha állomány fajtaösszetétele	4
3. ábra: 205 napos index és a 200 napos súly tenyésztési érték közti összefüggés	35
4. ábra: Az STV alatti súlygyarapodás és a 200 napos súly tenyésztési érték közti összefüggés ..	35

Táblázatok jegyzéke

1. táblázat: A születési év hatása a növekedési erély genomikai tenyésztési értékeire	22
2. táblázat: A születési év hatása a termékenységgel kapcsolatos paraméterek genomikai tenyésztési értékeire	23
3. táblázat: A születési év hatása a húsminőségi genomikai tenyésztési értékekre	24
4. táblázat: A szarvaltság hatása a növekedési eréllyel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre 1.	25
5. táblázat: A szarvaltság hatása a növekedési eréllyel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre 2.	25
6. táblázat: A szarvaltság hatása a termékenységgel kapcsolatos genomikai tenyésztési értékekre 1.	26
7. táblázat: A szarvaltság hatása a termékenységgel kapcsolatos genomikai tenyésztési értékekre 2.	26
8. táblázat: A szarvaltság hatása a húsminőséggel kapcsolatos genomikai tenyésztési értékekre 1.	27
9. táblázat: A szarvaltság hatása a húsminőséggel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre 2.	27
10. táblázat: A növekedési eréllyel kapcsolatos genomikai tenyésztési értékek alakulása a bikák termékenyítési engedélye szerinti felosztása alapján	28
11. táblázat: A termékenységgel kapcsolatos genomikai tenyésztési értékek alakulása a bikák termékenyítési engedélye szerinti felosztása alapján	28
12. táblázat: A húsminőséggel összefüggő genomikai tenyésztési értékek alakulása a bikák termékenyítési engedélye szerinti felosztása alapján	29
13. táblázat: A növekedési eréllyel kapcsolatos genomikai tenyésztési értékek alakulása a bikák származási országa alapján	30
14. táblázat: A termékenységgel kapcsolatos genomikai tenyésztési értékek alakulása a bikák származási országa alapján	30
15. táblázat: A húsminőséggel kapcsolatos genomikai tenyésztési értékek alakulása a bikák származási országa alapján	31
16. táblázat: Q204X gén hatása a növekedési eréllyel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre	32
17. táblázat: Az F94L gén hatása a növekedési eréllyel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre	32
18. táblázat: A Q204X gén hatása a termékenységgel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre ...	33
19. táblázat: Az F94L gén hatása a termékenységgel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre	33
20. táblázat: A Q204X gén hatása a húsminőséggel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre	34
21. táblázat: Az F94L gén hatása a húsminőséggel összefüggő genomikai tenyésztési értékekre	34