

ÁLLATTENYÉSZTÉS és TAKARMÁNYOZÁS

2024. 73. 1

Alapítás éve: 1952

ÁLLATTENYÉSZTÉS – TARTÁS – TAKARMÁNYOZÁS



› A magyar merinó helyzete
a merinó fajtacsoporton belül

› Precíziós nemesítési eljárások
alkalmazása az állattenyésztésben

› A szemes cirok használata
a takarmányozásban

› A fenntartható húsmarhatartás
kihívásai

› Magyar tarka bikák hizlalási
és vágási eredményei

TARTALOM - CONTENTS

<i>Mézes Miklós: Köszönet az Elődöknek</i>	1
<i>Gáspárdy András: In memoriam Dr. Bodó Imre</i>	2
<i>Zsolnai Attila - Egerszegi István - Rózsa László - Mezőszentgyörgyi Dávid - Anton István: A magyar merinó helye a merinó fajtacsoporton belül, a genetikai hasonlóság hálózata és a napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó markerek (Position of Hungarian Merino among other Merinos, within-breed genetic similarity network and markers associated with daily weight gain)</i>	6
<i>Tóth Ariel - Husvéth Ferenc - Tóth Zoltán: Szemes cirok, mint a kukorica lehetséges alternatívája a takarmányozásban - Irodalmi áttekintés (Sorghum as a potential alternative to corn in animal nutrition - Literature review)</i>	20
<i>Lázár Bence - Gócza Elen: Precíziós nemesítési eljárások alkalmazása a fenntartható és felelős állattenyésztés elősegítésére (The use of precision breeding techniques to promote sustainable and responsible livestock production)</i>	30
<i>Márton Judit - Bene Szabolcs - Szabó Ferenc: A fenntartható húsmarhatartás, húsmarhatenyésztés aktualitási, kihívásai (Relevance of sustainability of beef cattle farming)</i>	47
<i>Polgár J. Péter - Szabó Ferenc - Kovács Ákos - Kovács-Mesterházy Zoltán - Bene Szabolcs: Populációgenetikai paraméterek, tenyésztéstelek és trendek magyar tarka bikák hizlalási és vágási eredményei alapján (bullsSome population genetic aspects of beef production of dual purpose Hungarian Simmental slaughtered bulls)</i>	59
Útmutató a kéziratok összeállításához	71

Címlap kép (Frontpage photograph)

Nóniusz mén Mezőhegyesen (Fotó: Bene Szabolcs)

Nonius stallion in Mezőhegyes (Photo: Szabolcs Bene)

KÖSZÖNET AZ ELŐDÖKNEK

Az Állattenyésztés és Takarmányozás című folyóiratot 1952-ben alapította Czákó József professzor Állattenyésztés néven, aki sok éven keresztül az időközben Állattenyésztés és Takarmányozás címmel megjelenő folyóirat főszerkesztője volt. Őt követte a főszerkesztőként Gundel János majd Fésüs László, akik továbbfejlesztették a folyóirat struktúráját folyamatosan erősítve annak tudományos rangját. Őket követte a folyóirat legutóbbi főszerkesztője Fébel Hedvig, aki mellett abban a megtiszteltetésben részesültem, hogy a laptulajdonos felkérésére társ-főszerkesztő lehettem. Közös munkánk során mindent megtettünk annak érdekében, hogy nemcsak megőrizzük az egyetlen hazai állattenyésztéssel és takarmányozással foglalkozó hazai tudományos folyóirat rangját, de azt a lehetőségekhez mérten fejlesszük. Ebben a munkában kiemelkedően fontos szerepe volt a folyóirat technikai szerkesztőjének Sipiczki Bojánának, aki a tartalom mellett a folyóiratban megjelent cikkek egységes formai arculatát biztosította.

Az elmúlt évben bekövetkezett változások miatt a folyóirat főszerkesztője és technikai szerkesztője lemondott megbízatásáról, így helyettük a laptulajdonos, a Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft. új főszerkesztőt, társ-főszerkesztőt és technikai szerkesztőt bízott meg.

A jelenlegi szerkesztőség nevében szeretnénk megköszönni Fébel Hedvig és Sipiczki Bojáná rendkívül alapos és szakszerű munkáját, amelyet az új szerkesztőség is igyekszik megőrizni és a lehetőségekhez mérten tovább fejleszteni annak érdekében, hogy a hazai állattenyésztéssel és takarmányozással foglalkozó kutatóknak publikációs lehetőséget biztosítsunk.

*Mézes Miklós
társ-főszerkesztő*

IN MEMORIAM
PROF. EMER. DR. BODÓ IMRE
(1932-2023)

Bodó Imre 1932. október 4-én született Budapesten. Édesapja, id. Bodó Imre az örkénytábori Lovaglótanár-képző Intézet katonatisztje és tanára volt.

A budapesti és az örkénytábori általános iskolái után a Kőszegi Hunyadi Mátyás Katonai Alreáliskolában („Cögerei”) és a budapesti piarista gimnáziumban (Gymnasium Scholarum Piarum); utóbbiban tett 1951-ben kitűnő eredménnyel érettségi vizsgát. A második világháborúban, mint diák Németországban amerikai hadifogságba került, de – habár erős fagyásokkal – szerencsésen hazajutott onnan.



A Gödöllői Agrártudományi Egyetemen 1956-ban kitüntetéses mezőgazdasági mérnöki diplomát szerzett. A kizárástól kiváló tanulmányi eredménye mentette meg, mert származása miatt el akarták távolítani az egyetemről. A forradalom alatt gyakornokként, a forradalom alatt a harci cselekményektől távol az egyetem herceghalmi gyakorlógazdaságában, dolgozott, ennek ellenére, az 1957-es megtorlás során, koholt vádak alapján, erőszakot sem nélkülöző vizsgálati fogságba vetették, – ahonnan ugyan bizonyíték híján kiengedték és az eljárást megszüntették, de állását elvesztette, a fővárosból kitiltották, nem volt lehetősége kutatási vagy oktatási területen elhelyezkedni.

Igy mezőgazdasági üzemekben kapott állást. 1961-től a Hortobágyi Állami Gazdaságba, ahol kezdetben a szarvasmarha tenyésztésért felelős állattenyésztő beosztást kapta. Végül a főállattenyésztői munkakört töltötte be. 70 ezer hektáros területen 4000 szarvasmarha, 7500 juh, 800 ló (benne a nóniusz törzsménes), 600 koca és szaporulata, több milliós létszámú baromfi (tyúk, kacska, gyöngytyúk, liba) termelése tartozott irányítása alá. A Magyar Szocialista Munkáspárt az '50-es évek végén elrendelte, hogy a magyar szürke marha tenyésztését fel kell függeszteni; ennek szellemében minden bikaborjút vágóhídra küldeni parancsoltak, és elrendelték a tehének szovjet kosztromai fajtával való átkezesztését. Ez a magyar szürkemarha fajtatiszta tenyésztésének végét jelentette volna. Bodó Imre, akkor, ezt az utasítást nem hajtotta végre, noha a szabotázs még a hatvanas években is főbenjáró bűnnek számított. A gulyások segítségével, akik előtt szakmai hozzáértése és emberi kiállása folytán hamar nagy tekintélyt szerzett, sikerült nyolc bikaborjút elrejtetni, azaz a tenyésztés számára megmenteni. Szó szerint igaz az az anekdota, hogy az illegálisan beállított Morgó nevű bika még tenyésztésben volt, amikor a kosztromai keresztezésre parancsot adó vezető már nem volt hivatalban. Amikor a pártban végül az 1960-as évek második felében új szelek kezdtek fújni, mégiscsak újrameztették volna a magyar szürke fajta tiszta vérben való tenyésztését. Ekkor egy, de az Állami Gazdaságok Országos Központjában, Budapesten szervezett megbeszélésen kiderült, hogy egyetlen szürkét tenyésztő gazdaságban sincsenek már bikák. Drámai jelenet volt, amikor a hátsó sorban

felállt Bodó Imre, hogy Hortobágyon bizony van még nyolc bika. Sikerült neki ama döntést kiharcolnia, hogy 200-as létszámú tehénállomány is megmaradhasson tiszta vérben. A ma hungarikumként számontartott, és több, mint 10 000 állatot számláló magyar szürke állomány mind ennek a nyolc bikának az ivadéka!

Bodó Imre 1971-ben hét gyermekének könnyebb iskoláztatása érdekében munkahelyet és munkakört váltott.

Először a herceghalmi Állattenyésztési Kutatóintézetben a lótenyésztési osztályon helyezkedett el, majd bekapcsolódott a húsmarhatenyésztés hazai megindításának munkájába, 1978-tól szaktanácsadója lett a szarvasmarhatenyésztő szövetkezetek TAURINA néven működött közös vállalkozásának.

Horn Artúr akadémikus meghívására 1975-ben került az Állatorvostudományi Egyetem Állattenyésztési Tanszékére, ahol 1984-ben egyetemi tanárrá nevezték ki. Nyugdíjazásáig a tanszék vezetője volt, részvételével indult meg az állattenyésztés angol nyelvű oktatása is. Egyetemi előadásait nem csupán a tárgyi tudás, hanem a megélt szakmai gyakorlat és tapasztalat tette egyedülállóan vonzóvá, diákjaival való barátián közvetlen kapcsolatát pedig hitelessé.

1998-tól a Debreceni Agrártudományi Egyetem Állattenyésztési és Takarmányozástani Tanszékén adta át tudását és tapasztalatait, valamint oktatási területe itt is az általános állattenyésztésre, szarvasmarha-, ló- és kutyatenyésztésre, valamint a génmegőrzésre terjedt ki. Tíz éven át a doktori iskola vezetője volt.

Egyetemi doktorátust a magyar szürke marha tenyésztésének kérdéseiről írott értekezésével szerzett 1967-ben. Kandidátusi címet a lótenyésztés populációgenetikai kérdéseivel kapcsolatos dolgozatának megvédéséért kapott 1977-ben, akadémiai doktori munkáját pedig 1991-ben védte meg Géntartalékok megőrzése az állattenyésztésben címmel. Díszdoktorrá 1995-ben avatták a Debreceni Agrártudományi Egyetemen.

Tudományos érdeklődésének középpontjában a különböző háziállatfajok nemesítési kérdésein felül elsősorban a genetikai sokféleség leírása és védelme állt. Angol, francia és német nyelven előadó és vitaképes volt.

Különböző nyelvű publikációinak száma hatalmas (8 könyv, 10 könyvfejezet, 40 folyóiratcikk, 100 feletti közlemény). Szerzői közösségben megjelent fontos munkája a Genetic Conservation of Domestic Livestock (1992), a Conservation Genetics of endangered horse breeds (2005), illetve a Der Lipizzaner im Spiegel der Wissenschaft (2011). Nemzetközi szakmai elismertségét tükrözi, hogy többek között felkérték a negyedik alkalmazott genetikai világkongresszus (Edinburgh, Skócia, 1990) génforrásokkal, genetikai tartalékokkal kapcsolatos vitaülésének szervezésére és azon előadás tartására. 1995-ben a hasonló témájú tsukubai (Japán) nemzetközi konferencia bevezető előadását tartotta. Az ötödik alkalmazott genetikai konferencián (Guelph, Kanada) felkért társszerzője volt az Európáról szóló beszámolónak. Kezdeményezője volt egy sikeres INCO-COPERNICUS pályázatnak (osztrák, szlovén és svájci egyetemek együttműködésével), amelyben az állattenyésztési és molekuláris genetikai paraméterek együttes használatával történt a genetikai sokféleség feltárása a lipicai fajtán belül.

A hazai gyakorlattal állandóan élő kapcsolatot tartott. Bodó Imre elévülhetetlen, s legnevezetesebb érdeme páratlan nemzeti értékünk, a magyar szürke szarvasmarha fajta megmentése. Amint 1991-ben megkezdődhetett a hazai állattenyésztő egyesületek szervezése létrehozója és első elnöke lett a Magyar

Szürke Szarvasmarhát Tenyésztők Egyesületének, 2012-től pedig örökös elnöke. Szintén első elnöke (2010-től tiszteletbeli elnöke) a Furioso North Star Lótenyésztő Egyesületnek.

Elnökségi tagja volt a Magyar Állattenyésztők Szövetségének (MÁSZ), valamint 2008 és 2017 között elnöke, majd tiszteletbeli elnöke a MÁSZ Állattenyésztés-történeti Szakbizottságának.

Az itthoni tevékenységen kívül különböző nemzetközi szervezetek munkájából is tevékenyen kivette a részét. 1982-től, annak megszűntéig, 1992-ig tagja volt a FAO Expert Panel for Conservation of Animal Genetic Resources szervezetnek, amely világszinten foglalkozott a veszélyeztetett háziállatfajták megmentésével.

1985-től 2000-ig tagja volt az Európai Állattenyésztők Szövetsége keretében működő, az európai kontinensen meglévő genetikai sokféleség nyilvántartását és megőrzését célul kitűző munkacsoportnak.

1986-1992-ig alelnöke volt az Európai Állattenyésztők Szövetsége Lótenyésztési Osztályának. 1985-1990-ig a Nemzetközi Lipicai Tenyésztő Szövetség (LIF) tenyésztési bizottságát vezette, az 1990 és 1994 közötti időszakra pedig ennek elnökévé választották.

1991-től igazgatósági tagja volt a Budapesten megalakult – az egész világra kiterjedően tevékenykedő – Rare Breeds International NGO szervezetnek.

1997 decemberében a SAVE (Safeguard of Agricultural Varieties in Europe) igazgatóhelyettesévé és intézőbizottsági tagjává választották. E szervezet Európában foglalkozik a ritka és pusztulófélben lévő háziállatfajták, valamint növénytermesztési és kertészeti értékek feltárásával és megmentésével.

Kezdeményezője volt a környező országok együttműködését szervező DAGENE (International Association for the Conservation of Animal Breeds in the Danube Region) egyesület létrehozásának; ennek 1989. évi megalakulása óta előbb alelnöke, 1998 és 2010 között elnöke, majd tiszteletbeli elnöke volt.

Számos kitüntetésben részesült: Újhelyi Imre Díj, Nagyváthy János Emlékérem, EAAP Distinguished Service Award, Pro Natura Emlékérem, Horn Artúr-díj, Magyar Köztársasági Érdemrend Lovagkeresztje, Pro Scientiis Agriculturae Debrecen, Akadémiai Díj, Konkoly-Thege Díj, Életfa Díj, Életfa Emlékplakett ezüst fokozata, Jánossy Andor-díj, Kozma Ferenc-díj.

Mai korunkban példa nélküli, hogy közel két évtizedes „gumicsizmás” gyakorlati munka után bárki ilyen sikeres legyen a tudományos pályán, s ugyanakkor egy pillanatra se szakadjon el egykori gazdatársaitól s a szakma mindennapi gondjaitól. Bodó Imre derűlátása, szorgalma, munkabírása nélkül mindez elképzelhetetlen lett volna. Mi más adhat ehhez erőt, mint az erős hit és a szerető család. Bodó Imre az Új Ember egy korábbi számában a következőket írta. „Ehhez pedig áldozatvállalás kell. Ezt a fogalmat sokan elavultnak tartják. Pedig e nélkül nem lehet a társadalom fejlődését elképzelni. Ráadásul nincs is szó igazán nagy áldozatról. Az élet boldogságát nem a pénz, hanem az öröm adja. A szülők számára a gyerekek nagyobb örömet jelentenek, mint amit pénzzel meg lehet szerezni. A földi életben nagyon fontos az öröm, a boldogság. Erre törekszik valamilyen formában mindenki. Biztos, hogy a pénz is tud örömet szerezni, ez azonban nem hasonlítható ahhoz, amit egy-egy gyermek tud nyújtani a szülőnek. Sajnos, sokan csak későn vagy sohasem ébrednek rá erre az igazságra. Pedig ezen a ponton az egyén és a nemzet igazi érdeke találkozik.”

90. születésnapja alkalmából ünnepélyes keretek között köszöntöttük Bodó Imrét az Állatorvostudományi Egyetemen. „Az első önálló állattenyésztési tanszék alapításának 150 éves évfordulója (1973-2023) alkalmából rendezett ünnepi ülésen, november végén már nem tudott személyesen megjelenni. Bodó Imre professzor emeritus, az Állattenyésztési Tanszék nagyhírű professzora, kiváló állattenyésztési szakember 2023. december 18-án, életének 92. évében elhunyt. Temetésére katolikus szentmise keretében 2024. január 11-én Budapesten került sor. Professzorát az Állatorvostudományi Egyetem saját halottjának tekinti. Sótonyi Péter rektor véleményformáló tanítóként, Hecker Walter pedig együttműködő barátként, a gyászmisét bemutató ferences atya pedig olyan oszlopként jellemezte Bodó Imrét, amelyre mindannyian feltekintünk és támaszkodhatunk is. Ő volt az az ember, kedves barát, munkatárs, akire mindig jó érzéssel és tisztelettel gondolunk és emlékét örökre megőrizzük.

Nyugodjék békében!

Gáspárdy András
a MÁSZ Állattenyésztés-történeti Szakbizottság elnöke

A MAGYAR MERINÓ HELYE A MERINÓ FAJTACSOPORTON BELÜL, A GENETIKAI HASONLÓSÁG HÁLÓZATA ÉS A NAPI SÚLYGYARAPODÁSHOZ KAPCSOLÓDÓ MARKEREK

ZSOLNAI ATTILA – EGRSZEGI ISTVÁN – RÓZSALÁSZLÓ –
MEZŐSZENTGYÖRGYI DÁVID – ANTON ISTVÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

Jelen tanulmányunkban célunk volt, hogy a magyar merinót a merinó eredetű juhajták között pozícionáljuk, feltárjuk a fajtán belüli genetikai hasonlósági hálózat jellemzőit, és kiemeljük a napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó egy pontos genetikai polimorfizmusokat. A magyar merinót ($n=138$) Ovine SNP50 Bead Chip-en (Illumina, San Diego, CA) genotipizáltuk, majd 30 merinó, illetve merinóból származó fajta közé soroltuk ($n=555$). A populáció jellemzőit PLINK, SVS, Admixture és Treemix szoftverek alkalmazásával határoztuk meg, a fajtán belüli genetikai hálózatot python networkx 2.3 könyvtárral elemeztük. A magyar merinó napi súlygyarapodását 60 napra standardizált értékkel jellemeztük, mely a Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége adatbázisából állt rendelkezésünkre. A napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszt azonosítására több lókuszos vegyes modellt alkalmaztunk. A fajta írott történetét alátámasztva a magyar merinóhoz legközelebbi fajták az estremadurai merinó és a rambouillet (francia fésűsmerinó) voltak (páronkénti F_{ST} értékek 0,035 és 0,036). A magyar merinó esetében a páronkénti hasonlósági értékek hálózatelemzése egy erősen centralizált kapcsolódási mintázatot mutatott ki, ahol a központi csomópontban lévő állat 0,936-nak megfelelő központossági értéket mutatott. A napi súlygyarapodás vizsgálata a magyar merinóban öt kapcsolódó lókuszt tárt fel. Közülük kettő, az OAR8_17854216.1 és az s42441.1 a 8. és 9. kromoszómán ($-\log_{10}p > 22$; téves felfedezési arány $< 5,5e-20$) és egy lókuszt a 20. kromoszómán, s28948.1 ($-\log_{10}p = 13,46$; téves felfedezési arány $= 4,1e-11$) helyezkedik el. Ezek a lókusztok közel voltak a más kutatócsoportok által beszámolt markerekhez, melyek a napi súlygyarapodással, a hat hónapos súllyal és az elválasztás utáni gyarapodással voltak kapcsolatban. Meghatározásra került a magyar merinó helyzete a merinó fajtacsoporton belül. Leírtuk a mintázott egyedek hasonlósági hálózatát, és meghatároztunk néhány, a magyar merinó napi súlygyarapodásának növelésére alkalmas markert.

SUMMARY

Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L. – Mezőszentgyörgyi, D. – Anton, I.: POSITION OF HUNGARIAN MERINO AMONG OTHER MERINOS, WITHIN-BREED GENETIC SIMILARITY NETWORK AND MARKERS ASSOCIATED WITH DAILY WEIGHT GAIN

In this study, we aimed to position the Hungarian Merino among other Merino-derived sheep breeds, explore the characteristics of our sampled animals' genetic similarity network within the breed, and highlight SNPs associated with daily weight-gain. Hungarian Merino ($n=138$) was genotyped on Ovine SNP50 Bead Chip (Illumina, San Diego, CA) and positioned among 30 Merino and Merino-derived breeds ($n=555$). Population characteristics were obtained via PLINK, SVS, Admixture, and Treemix software, within-breed network was analysed with python networkx 2.3 library. Daily weight gain of Hungarian Merino was standardised to 60 days and was collected from the database of the Association of Hungarian Sheep and Goat Breeders. For the identification of loci associated with daily weight gain, a multi-locus mixed-model was used. Supporting the breed's written history, the closest breeds to Hungarian Merino were Estremadura and Rambouillet (pairwise F_{ST} values are 0.035 and 0.036, respectively). Among Hungarian Merino, a highly centralised connectedness has been revealed by network analysis of pairwise values of identity-by-state, where the animal in the central node had a betweenness centrality value equal to 0.936. Probing of daily weight gain against the SNP data of Hungarian Merinos revealed five associated loci. Two of them, OAR8_17854216.1 and s42441.1 on chromosome 8 and 9 ($-\log_{10}p > 22$, false discovery rate $< 5.5e-20$) and one locus on

chromosome 20, s28948.1 ($-\log_{10} p=13.46$, false discovery rate= $4.1e-11$), were close to the markers reported in other breeds concerning daily weight gain, six-month weight, and post-weaning gain. The position of Hungarian Merino among other Merino breeds has been determined. We have described the similarity network of the individuals to be applied in breeding practices and highlighted several markers useful for elevating the daily weight gain of Hungarian Merino. (<https://doi.org/10.5713/ab.21.0459>)

BEVEZETÉS

A merinó világszerte elterjedt finom gyapjút termelő juh fajta, amely a világ juhállományának körülbelül egynegyedét képviseli (Szabó és mtsai, 2016). Az első európai finomgyapjas juhok megjelenése Spanyolország déli régiójában és Olaszországban az i.e. I. századra nyúlik vissza. Ezeket az állatokat helyi és importált arab juhokkal keresztezték (Diez-Tascón és mtsai, 2000), ami valószínűleg egy olyan fajtát eredményezett, amely a merinó korai ősenek tekinthető. Ciani és mtsai (2015) szerint a merinó fajta ibériai eredetű, melyet egyéb mediterrán fajtákkal kereszteztek. 1760-ig a merinók Spanyolországból történő exportértékesítése tilos volt. Ettől kezdve kis állományokat több európai országba exportáltak (Éber, 1996). Az első nyáj 1765-ben érkezett Magyarországra Mária Terézia osztrák császárné (Nagy és mtsai, 2011) rendelete nyomán. Ezt a behozatalt két másik követte 1773-ban és 1775-ben (Kovácsy, 1923). Az utolsó merinóexportot Spanyolországból Magyarországra 1802-ben jegyezték fel.

Az ipari forradalom Nagy-Britanniában a termelékenység jelentős javulását eredményezte. A gyapjú- és textilipar fejlődése megnövelte a gyapjú iránti globális keresletet. A gyapjú mennyiségére és minőségére vonatkozó szelekció számos merinó változatot hozott létre világszerte (Jávorka és mtsai, 2014). A magyar fésűs merinó fajtát import merinókból, a helyi racka fajtából és német juhokból tenyésztették ki (Schandl, 1966). A magyar fajta fejlődéséhez hozzájárult a franciaországi rambouillet juh (1816) és az észak-német fésűs juh importja is (Kovácsy, 1923). Az első magyar törzskönyvet 1859-ben vezették be, ebben az időszakban a merinó eredetű juhok a magyar juhpopuláció 31,5%-át képviselték (Éber, 1996).

A XIX. század végén Magyarországon a nyugat-európai húshasznosítású irányzat ellenére továbbra is a gyapjúelőállítás volt a fő termelési cél (Veress és mtsai, 1982). Az I. és II. világháború után a keresztezések finom és rövid gyapjas populációt eredményeztek, amely a précoce és rambouillet kosok tenyésztésével homogénebbé vált (Kovácsy, 1923; Veress és mtsai, 1982). Az 1950-es években a fajtát az egykori Szovjetunióból származó finom gyapjas változatokkal (aszkán, kaukázusi, sztavropoli és groznij merinó) formálták át. Ez a döntés a fajta testtömegének és gyapjútermelő képességének jelentős növekedéséhez vezetett (Vahid és Kóbori, 2002). Az 1960-as években a fajta hústermelési potenciáljának javítása érdekében francia précoce-t és német húsmerinót importáltak Magyarországra. Az 1970-1980-as években számos kísérlet történt a merinó állományok termelési paramétereinek és szaporodásának javítására. E célból került be Magyarországra a kent, a corriedale és az ausztrál booroola merinó (Fésűs és mtsai, 2002). Ezek a keresztezések jobb izmoltságot és gyapjúminőséget eredményeznek (Szabó és mtsai, 2016; Vahid és Kóbori, 2002).

Az 1980-as években a gyapjútermelés háttérbe szorult, a magyar merinót kettős hasznosítású (hús- és tejtermelő) fajtának tekintették (Horn, 1995). 1989-ben az egykori szocialista rendszer átalakulását az agrártámogatások drasztikus változása követte. Ebben az időszakban az exportált bányahús vált a juhtenyésztés fő termékévé, a bányások átlagos napi súlygyarapodása körülbelül 250 g/nap volt (Jávor, 2005).

A 2010-es években a tenyésztési tevékenység jelentős visszaesése miatt a magyar merinó veszélyeztetett kategóriába került. Ezt követően a magyar kormány egy összehangolt génmegőrzési program keretében támogatja a fajta tenyésztését. 2023-ban a magyar merinó állomány 8217 anyajuhból állt. A 2004-ben feljegyzett 39 magyar genealógiai vonalból mindössze 11 létezett (Szabó és mtsai, 2016).

Vizsgálataink során három célt tűztünk ki magunk elé:

1.) Mivel a magyar merinó genetikai helyzete SNP markerek alapján még nem ismert, Ciani és mtsai (2015) adatbázisát használtuk fel a fajta genetikai helyzetének meghatározására a merinó fajtacsoporton belül.

2.) Bár léteznek génhálózattal (Megdiche és mtsai, 2019), vagy a fajták közötti genetikai összefüggésekkel (Addo és mtsai, 2019) foglalkozó publikációk, mi a magyar merinó fajtán belüli genetikai hasonlósági hálózat sajátosságait kívántuk feltárni.

3.) Mivel a vizsgálatok elvégzésekor a magyar juhtenyésztés legfontosabb paramétere a bányások súlygyarapodása volt, úgy döntöttünk, hogy olyan markereket keresünk, amelyek alkalmasak a bányások napi súlygyarapodásának javítására.

Vizsgálatunk átfedésben van több, más juh fajta növekedési és hústermelési jellemzőinek vizsgálataival (Zhang és mtsai, 2013; Wang és mtsai, 2015; Lu és mtsai, 2020; Zang és mtsai, 2021), és rávilágít a juh genom azon régióira, amelyek nem csak a magyar merinó, hanem más fajták számára is használhatók.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Minták és genotipizálás

A vizsgálatba 138 magyar merinó anyajuhot vontuk be és 10 év adatait elemeztük. A 60 napra standardizált súlygyarapodást a következőképpen határoztuk meg: $60 \times \text{testtömeg}_{30-80} / \text{nap}$, ahol a testtömeg_{30-80} a bányák 30 és 80 napos kora között mért testtömege, nap a születés utáni napok tényleges száma a mérés napján. A 138 magyar merinó a teljes állomány összes vonalát reprezentálja.

A fűlminta vételeket a TypiFix™ (Agrobiogen GmbH, Hilgertshausen, Németország) szövetmintavevő rendszerrel (Internet1, 2021) végeztük. Az összehasonlító vizsgálatokhoz Ciani és mtsai által közzétett adatbázist használtuk (2015). A magyar merinók SNP tipizálását a Neogen Corporation (Ayr, Egyesült Királyság) végezte Ovine SNP50 Bead Chip (Illumina, San Diego, USA) segítségével.

Az adatok minőség-ellenőrzése magában foglalta a térképezett és polimorf markerek szűrését; a kisebb frekvenciájú allélek gyakorisága $> 0,05$ feletti volt 0,95-nél nagyobb genotipizálási aránnyal. A genotípusok sikeres tipizálási aránya 0,95 feletti volt az összes magyar merinó mintában. Az egyeztetett adatbázis, amely a Sheep Consortium (Ciani és mtsai, 2015) és a magyar adatokat is tartalmazta, összesen 31 fajtát, 693 állatot (1. táblázat) és 22265 SNP-t tartalmazott.

A magyar merinón belüli hálózat- és asszociációs elemzések esetén az adat-szűrést követően 46906 SNP-t tartottunk meg.

Populációgenetikai vizsgálatok

A megfigyelt és várható heterozigotitás (H_o , H_e), a beltenyésztési együtttható (F_{is}), a genetikai távolság (F_{st}) és a főkomponens analízis (PCA) kiszámítását az SNP & Variation Suite 8.1.1 programmal (GoldenHelix, Bozeman, US) végeztük.

A beltenyésztési együtttható = (megfigyelt - homozigóta markerek várható száma) / (genotipizált markerek száma - homozigóta markerek várható száma).

$$\text{A homozigóta markerek várható száma} = \sum_{j=1}^L (1 - 2p_j q_j \frac{T_j}{(T_j - 1)}),$$

(ahol L a genotipizált markerek száma; p és q az allélgyakoriságok; a T a j -ik marker nem hiányzó genotípus számának kétszerese.)

Az F_{st} becslésének algoritmusát *Weir és Cockerham* (1984) munkájában találhatjuk. A főkomponens analízis során a legmeghatározóbb komponenseket a standardizált kapcsolati mátrixból határoztuk meg (*Patterson és mt sai*, 2006).

Az Admixture szoftvert --cv opcióval használtuk a legvalószínűbb klaszterszám (K) meghatározására az egyes K értékeknél meghatározott keresztellenőrzési hibáinak értékeiből (*Alexander és Lange*, 2011). Az elemzés előtt a genotípusokat PLINK segítségével transzformáltuk a --recode12 opció segítségével.

A dendrogram kiszámításához a Treemix 1.13 (*Pickrell és Pritchard*, 2012) szoftvert alkalmaztuk; A blokk mérete 500, az ismétlések száma 1000. A Bootstrap értékeket a Phylip 3.697 programcsomag segítségével határoztuk meg (*Felstein*, 1989).

A magyar merinó egyedek kapcsolatára vonatkozó hálózatelemzés a párok SVS programmal (GoldenHelix, Bozeman, USA) számított IBS (Identity By State, hasonlósági érték) értékén alapult. Bármely két egyed közötti hasonlóság: ((a két allélt megosztó markerek száma + 0,5 * az egy allélt megosztó markerek száma)/markerek száma).

Fajtán belüli hálózat és kapcsoltsági vizsgálatok

Az IBS értékek alapján a magyar merinó minták hálózati tulajdonságait, mint az átmérő és a köztes centralitás, Python 3.6 szoftverrel számítottuk ki networkx 2.3 és matplotlib 3.1.1 könyvtárak segítségével. Az átmérő a csomópontpárok között megfigyelt legnagyobb távolság vagy másképpen, a két legtávolabbi csomópont közötti távolság (*Barabási*, 2017).

$$\text{Egy adott állat/csomópont közötti köztes centralitás} = \sum_{s \neq v \neq t} \frac{\sigma_{st|v}}{\sigma_{st}}$$

(ahol v a csomópontok száma; σ_{st} az s csomóponttól induló legrövidebb utak száma; t csomópont és $\sigma_{st|v}$ azon utaknak a száma, amelyek áthaladnak a v csomóponton.)

A kapcsolatok erősségét (vagy az élek súlyát) a párok IBS értéke határozza meg. Azon IBS értékeket, melyek az eloszlás 85 százaléka feletti vannak, vastag fekete vonalakkal jelöltük.

A napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszok azonosítására több lókuszos vegyes modellt alkalmaztunk (Segura és mtsai, 2012). A modell a következő volt:

$$y = X\beta + Zu + e$$

(ahol y a napi súlygyarapodás; X a fix hatások mátrixa, amely 46906 SNP-ből és kovariánsokból áll (születési dátum és hely); Z a kapcsolódó előfordulási mátrix véletlenszerű hatása minden egyedre, amely identitás mátrixszá válik, egyedenkénti egy fenotípusos mérés alapján (Thomson és mtsai, 2018); e a reziduális hatásokat jelöli; β és u pedig a rögzített és véletlenszerű hatások együtthatóit reprezentáló vektorok.) A vegyes lineáris modellekkel kapcsolatos további részleteket lásd itt: (Internet2, 2021).

EREDMÉNYEK

Populációk diverzitása és struktúrája

A megfigyelt heterozigotizás 0,262 (cordobai spanyol merinó) és 0,392 (rasa Aragonesa) között volt, a várt 0,397-es érték alatt (1. táblázat). A megfigyelt és várható heterozigóta értékek alapján a fajták beltenyésztési együtthatója 0,013 és 0,193 között mozgott (1. táblázat), kivéve a legmagasabb F_{is} értékkel (0,341) bíró cordobai spanyol merinót. A magyar merinóban ez az érték 0,054 volt. Az F_{st} számítás páronkénti értékei a 0,004 (ausztrál merinó vs. ausztrál áruterelő merinó) - 0,313 (spanyol cordobai merinó vs. szürke szarvált heathen) tartományba estek. A magyar merinó F_{st} értékei a többi fajtához viszonyítva 0,035 (spanyol estremadura merinó) és 0,184 (spanyol cordobai merinó) között alakultak (2. táblázat). Az állatok páronkénti IBS értékén alapuló főkomponens-analízis (1A-D ábra) a magyar merinó populációt a vizsgált populációk külső peremére, a rambouillet és a kínai merinó közelébe helyezte.

Az admixture analízissel vizsgált 31 fajta esetében a legvalószínűbb klaszterszám tizenkilenc volt ($K=19$, 2. ábra). Amikor K egyenlő volt a vizsgált fajta számával, a magyar merinók többsége rambouillet-vel mutatott keveredést (S1 kiegészítő ábra, Zsolnai és mtsai, 2023). A fajták filogenetikai dendrogramján a magyar merinót a rambouillet-vel, a kínai merinóval, a merinizzatával és az spanyol estremadura merinóval került közös ágra. (3. ábra, S2 kiegészítő ábra, Zsolnai és mtsai, 2023).

Hasonlósági hálózat és súlygyarapodással kapcsolt markerek

Az egyedek genetikai hálójának megjelenítéséhez 0,73 feletti IBS-értékeket (éleket) használtunk. Az elemzett sokaságban ez az érték az összes csomópont (egyed) egybefüggő hálózatának meglétét biztosította. Az élek száma 341, az átlagos fokszám 5,014, a háló átmérője 4 (4A. ábra). Az öt legmagasabb köztes centralitás értéke 0,936, 0,035, 0,034, 0,029 és 0,023 volt. Amikor a legmagasabb értékkel (0,936) rendelkező egyedét eltávolítottuk, az összekapcsolt hálózat 108 állatot és 199 élt tartalmazott (4B. ábra). Ebben az esetben az átlagos fokszám 3,682 lett, a háló átmérője pedig 10-re bővült. A legmagasabb öt köztes centralitás értéke 0,744, 0,261, 0,235, 0,185 és 0,141-re módosult.

1. táblázat

A vizsgált juhpopulációk megfigyelt és várható heterozigotizásai (Ho, He) és beltenyésztési együtthatói (F_{IS})

Fajta (1)	Mintaszám (2)	Ho	He	F _{IS}
Rasa Aragonesa	20	0,392	0,397	0,013
Castellana	22	0,386	0,397	0,028
Ojalada	24	0,383	0,397	0,035
Estremadurai spanyol merinó	13	0,381	0,397	0,041
Comisana	24	0,379	0,397	0,046
Ausztrál szarvatlan merinó	24	0,377	0,397	0,051
Ausztrál árutermelő merinó	24	0,377	0,397	0,051
Appenninica	24	0,376	0,397	0,053
Merinizzata	20	0,376	0,397	0,054
Magyar merinó	138	0,376	0,397	0,054
Kínai merinó	23	0,373	0,397	0,061
Sopravissana	24	0,373	0,397	0,062
Churra	24	0,371	0,397	0,065
Latacauda	24	0,371	0,397	0,067
Skót blackface	24	0,370	0,397	0,069
Merinó landschaf	21	0,369	0,397	0,070
Gentile di Puglia	24	0,369	0,397	0,071
Ausztrál merinó	24	0,365	0,397	0,080
Szardíniai fehér	24	0,364	0,397	0,083
Massese	24	0,361	0,397	0,090
Leccese	23	0,356	0,397	0,103
Rambouillet	24	0,356	0,397	0,105
Veluwe heathen	5	0,355	0,397	0,107
Drenthe heathen	5	0,350	0,397	0,118
Finnsheep	24	0,348	0,397	0,123
Bentheimer	5	0,341	0,397	0,141
Schoonebeker	4	0,324	0,397	0,183
Fehér szarvált heathen	3	0,324	0,397	0,184
Arawapa	24	0,323	0,397	0,186
Szürke szarvált heathen	4	0,320	0,397	0,193
Cordobai spanyol merinó	7	0,262	0,397	0,341

Table 1. Observed, expected heterozygosities (Ho, He) and inbreeding coefficients (F_{IS}) calculated on the 31 sheep populations

breed (1); number of samples (2)

2. táblázat

A magyar merinó és a vizsgált merinófajták közötti genetikai differenciáltsági együtthatók (F_{ST}) értékei

Fajta (1)	Magyar merinó (2)
Magyar merinó	0,000
Spanyol estremadura merinó	0,035
Rambouillet	0,036
Rasa Aragonesa	0,038
Kínai merinó	0,040
Sopravissana	0,042
Merinizzata	0,043
Ausztrál merinó	0,045
Ausztrál árutermelő merinó	0,047
Ausztrál szarvatlan merinó	0,050
Ojalada	0,050
Castellana	0,053
Merinó landschaf	0,055
Leccese	0,058
Churra	0,063
Latacauda	0,064
Comisana	0,065
Gentile di Puglia	0,068
Appenninica	0,071
Szardíniai fehér	0,076
Massese	0,080
Fehér szarvalt heathen	0,087
Finnsheep	0,094
Arawapa	0,098
Drenthe heathen	0,098
Skót blackface	0,099
Bentheimer	0,100
Veluwe heathen	0,103
Schoonebeker	0,117
Szürke szarvalt heathen	0,124
Spanyol cordobai merinó	0,184

Az összes pár F_{ST} -értékei és hő térképe: Zsolnai és mtsai (2023) dolgozatának kiegészítő S1 táblázatában (3)

Table 2. Pair wise coefficients of genetic differentiation (F_{ST}) values between Hungarian Merino and the investigated Merino breeds

breed (1); Hungarian Merino (2); for values and heat-map of all pairwise F_{ST} values, see Supplementary Table S1 in Zsolnai et al. (2023) work

A napi súlygyarapodás értékei 261,6 és 494,7 gramm között mozogtak. A több lókuszos vegyes modell elemzés során több lókuszt azonosítottunk, amelyek összefüggésbe hozhatók a napi súlygyarapodással (3. táblázat). A legmagasabb értékkel rendelkező lókuszek ($-\log_{10}p > 10$) a 2., 3., 8., 9. és 20. kromoszómán helyezkedtek el, a téves felfedezések aránya alacsonyabb, mint $4,1 \cdot 10^{-11}$.

MEGVITATÁS

A magyar merinó megfigyelt és várható heterozigotizációjából számított F_{is} érték 0,055 alatti. A 31 vizsgált fajta közül tíznek kicsi az F_{is} értéke, ami azt jelzi, hogy nincs lényegesen több beltenyésztett állat a vártnál.

Megállapítottuk, hogy a magyar merinó más fajtákkal mutatott genetikai távolságai, illetve a főkomponens-analízisben és a filogenetikai fán elfoglalt helyzete alátámasztja a rambouillet (Kovácsy, 1923) magyar merinó genomjához való nagymértékű hozzájárulását.

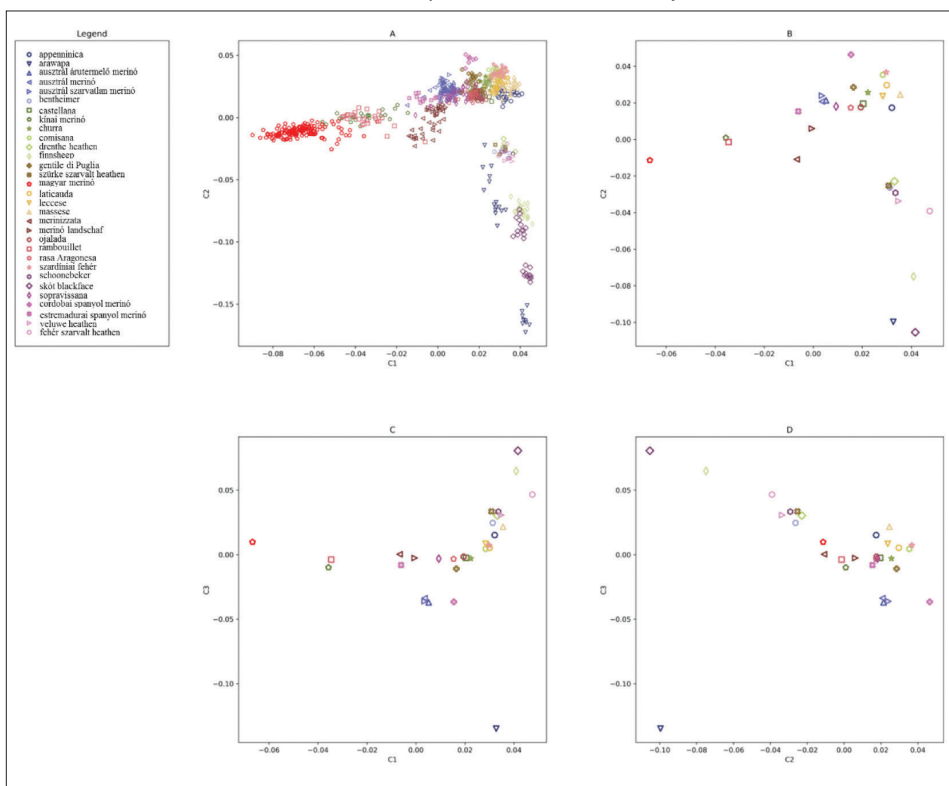
Loukovitis és mtsai (2022) mikroszatellit vizsgálatok alapján hat hazai magyar merinó állomány elemzésekor alacsony genetikai differenciálódást tapasztaltak ($F_{st} = 0,036$). *Ceccobelli és mtsai (2023)* a merinó, ill. merinó eredetű fajták filogenetikai elemzése során genetikai hasonlóságot állapítottak meg a lengyel és magyar merinó állományok között, ami megerősíti *Peter és mtsai (2007)* korábbi megfigyeléseit.

A kínai merinó és a rambouillet hasonló helyzete a PCA ábrán és a dendrogramon a két fajta szoros kapcsolatára utal. Az adatbázisban szereplő spanyol fajták közül az estremadura merinó áll a legközelebb a magyar merinóhoz, ami a fajtára gyakorolt legerősebb hatását mutatja (2. táblázat). A spanyol cordoba és a magyar merinó fajta F_{st} értéke volt a legmagasabb ($F_{st} = 0,184$), ami kizárja a spanyol cordoba merinót a magyar merinó származási köréből. A filogenetikai vizsgálatban a rambouillet van a legközelebb, az estremadura merinó a negyedik legközelebbi fajta a magyar merinóhoz képest (S2 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai, 2023*).

Az Admixture elemzésben a legvalószínűbb klaszterszám (K) 19 volt (2. ábra, S1 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai, 2023*), azonban a magyar merinó rambouillet-vel való keveréke K=29 és 31-nél volt látható (S1 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai, 2023*).

Az egyedek hálózatelemzése (4A. ábra) küllőskerék szerkezetet tárt fel (*Barabási, 2017*), amelyet valószínűleg a preferált egyed, illetve utódainak kiterjedt használata idézett elő. Amikor a genetikai hasonlósági hálóban a legnagyobb köztes centralitással rendelkező állatot eltávolítottuk, a kerékszerkezet eltűnt, és további kapcsolati részletek derültek ki. A 4B. ábrán olyan állatokat azonosíthatunk, amelyek a többiekhez képest erősen befolyásolják a fajtaösszetételt. A hálózati adatok alapján a tenyésztők kiválaszthatják az optimális tenyésztési sémákhoz megfelelő állatokat. Az életerősségek (más néven páronkénti IBS értékek az állatok között) megjelenítése elősegíti a közeli rokon állatok könnyű felismerését (4. ábra). Ezzel elkerülhető a heterozigotizáció gyors csökkenése, a beltenyésztési depresszió és a gazdasági teljesítmény romlása. A genetikai hasonlóságok vizuális megjelenítésének (4. ábra) fejlesztése tovább javíthatja a hálózati elemzés alkalmazhatóságát. Javulás érhető el interaktív, felugró ablakokkal, amelyek kereszthivatkozásokat tartalmazhatnak a tenyésztőkre, a gazdaságokra, az életkorra, az ősökre vonatkozóan. Az összefüggések időben változó megjelenítésével, amely követi a frissen

1. ábra. A főkomponens analízis eredménye



A = főkomponens-elemzés, amely a vizsgált állatok közötti kapcsolatot mutatja, a színkódokat lásd az ábra mellett (1); B-D = az A részen látható egyedek fajta szerinti átlagai. C1 = 1. komponens (sajátérték = 6,969), C2 = 2. komponens (sajátérték = 3,432), C3 = 3. komponens (sajátérték = 3,304) (2)

Figure 1. Multidimensional scaling plot depicting

A = principal component analysis displaying the relationship between animals coloured by their corresponding breed, see colour codes beside this plot (1); B-D = means of the animals on part A belonging to different breeds. C1 = 1st component (eigenvalue = 6.969), C2 = 2nd component (eigenvalue = 3.432), C3=3rd component (eigenvalue=3.304) (2)

ellett és selejtezett állatokon keresztül változó populáció genetikai változását, a tenyésztők időben képet kaphatnak a populációban végbemenő folyamatokról.

A napi súlygyarapodáshoz öt erősen kapcsolt lókuszt találtunk (3. táblázat) 138 állat felhasználásával. Bár a mintaszám kisebb a Zhang és mtsai (2013) vagy a Lu és mtsai (2020) által publikálnál, azt tapasztaltuk, hogy egy multigén tulajdonság főbb markerei 138 állat felhasználásával is meghatározhatóak. Az öt általunk megtalált marker közül kettő (OAR8_17854216.1 a 8-as kromoszómán és s42441.1 a 9-es kromoszómán) Zhang és mtsai találataihoz -1,3 és +4,8 millió bázis távolságra volt. (Zhang és mtsai, 2013). A csoport által beszámolt markerek a napi súlygyarapodáshoz, a hat hónapos súlyhoz és a választás utáni súlygya-

2. ábra. A legvalószínűbb K-értékre vonatkozó Admixture eredmények

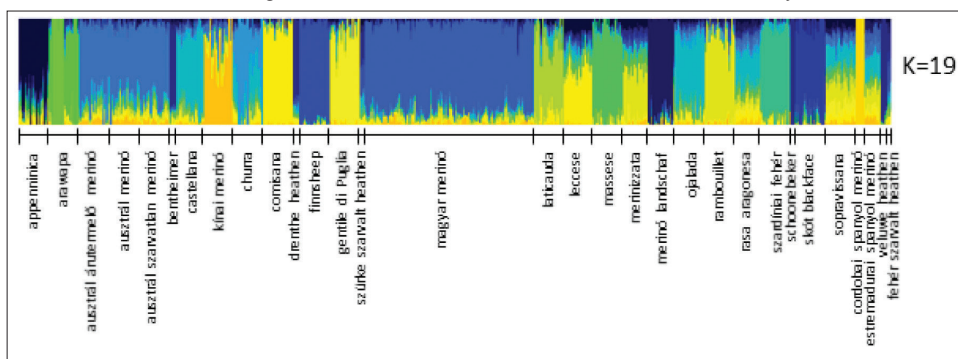


Figure 2. Admixture results concerning the most probably K value

3. ábra. A merinó és a merinóból származó fajták filogenetikai fája TreeMix és Phylip programmal szerkesztve

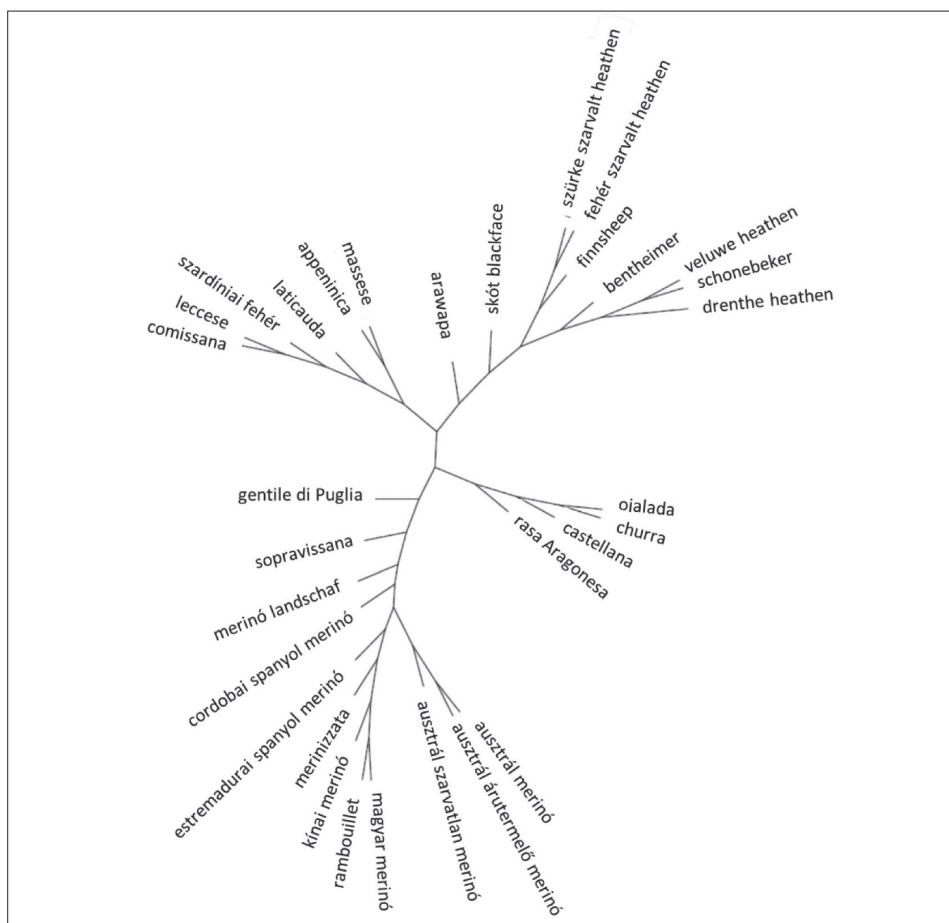
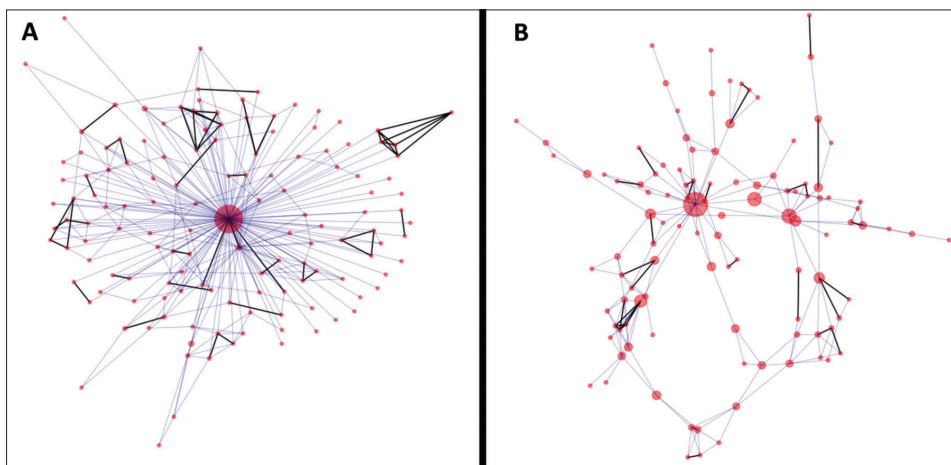


Figure 3. Phylogenetic tree of Merino and Merino-derived breeds constructed with the TreeMix and Phylip programs

4. ábra. A.-B.) A magyar merinók hálózati ábrázolása a páronkénti IBS értékek alapján.



A legnagyobb köztes centralitással rendelkező állatok, amelyeket nagyobb piros pontok ábrázolnak, olyan genetikai részhalmazokat hordoznak, amelyek különböző részhalmazai más egyedekben is megtalálhatók. B.) Az egyedek hálózata az A. ábrán látható központi állat eltávolítása után. A legmagasabb köztes centralitás értéke 0,936 az A. és 0,744 a B. ábrán.

Figure 4. A.-B.) Network representation of the Hungarian Merinos based on their pairwise identity-by-state values

The animals with the highest betweenness centrality values, depicted by larger red dots, carry sets of genetic material whose different subsets can be found in other individuals connected by lines between the nodes/animals. B.) Network of individuals after removing the central animal seen on plot A. The highest betweenness centrality values are 0.936 and 0.744 on plot A and B., respectively.

rapodáshoz kapcsolódnak. A harmadik ismertett marker (s28948.1) 11,7, illetve 1,5 millió bázisra volt a választás utáni súlygyarapodással (Zhang és mtsai, 2013), illetve a választási súllyal (Lu és mtsai, 2020) kapcsolt markertől. A fent említett három marker más kutatók által azonosított markerekhez való közelsége (Zhang és mtsai, 2013; Lu és mtsai, 2020) a magyar és a kínai merinó nagy hasonlóságával magyarázható, amelyet a főkomponensek (1. ábra), a páronkénti genetikai távolság (2. táblázat, S1 kiegészítő táblázat) és a dendrogram (3. ábra, S2 kiegészítő ábra) analízisek mutatnak be. Más kutatások még nem számoltak be a 2. és 3. kromoszómán azonosított (OAR2_137539806.1 és OAR3_188812728.1), illetve az azokkal szomszédos markerek és a súlygyarapodási mutatók kapcsoltságáról.

E tanulmány rálátást nyújt a magyar merinó helyzetére a merinó fajtacsoporton belül. Az eredmények hasznosak lehetnek a merinóból származó fajták szélesebb körén végzett egyéb kutatásokban is.

Az állatok genetikai hasonlóságán alapuló, fajtán belüli hálózatelemzése és annak megjelenítése intuitív eszközt jelenthet bármely faj tenyésztőjének, hogy könnyen bepillantást nyerhessen a populáció genetikai szerkezetébe és azonosíthassa a legnagyobb hatású egyedeket. Több fajta szerkezetének elemzésével lehetővé válik különböző országok eltérő tenyésztési gyakorlatának összehasonlítása, így információt nyerhetünk a tenyésztési módszerek fajtaszervezetre gyakorolt hatásáról.

3. táblázat

A magyar merinó napi súlygyarapodásával összefüggő lókuszek listája

marker	Chr:pozíció (1)	$-\log_{10}p$ (2)	FDR (3)	ASE (4)	Marker vagy Chr:pozíció (tulajdonság); publikáció n (5)	Delta bp (6)
OAR2_137539806.1	2:129172257	19,87	1,6e-17	0,506 $\pm 0,021$	2:206466290 (testsúly); <i>Lu és mtsai</i> (2020); 460	77,294,034*
OAR3_188812728.1	3:175738965	17,41	4,6e-15	0,506 $\pm 0,026$	3:118519704 (választási súly); <i>Lu és mtsai</i> (2020) 460	-57,219,261*
OAR8_17854216.1	8:15960500	22,70	2,4e-20	0,527 $\pm 0,017$	OAR8_16297646.1 (napi súlygyarapod., 6-hónapos súly); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329	-1,302,115
s42441.1	9:81626179	23,36	5,5e-21	0,505 $\pm 0,016$	OAR9_91721507.1 (vál. utáni súlygy.); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329	4,779,602
s28948.1	20:27936473	13,46	4,1e-11	-0,333 $\pm 0,024$	s72649.1 (vál. utáni súlygy.); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329 20:26410829 (választási súly); <i>Lu és mtsai</i> (2020) 460	-11,699,128 -1,525,644*

Chr = kromoszóma száma (1); $-\log_{10}p$ = $-\log_{10}$ transzformált p értékek (2); FDR = hamis felderítési arány (3); ASE = allél helyettesítési érték és standard hibája (4); n = állatok száma és a referált irodalom (5); delta bp = a *Zhang és mtsai* (2013), vagy *Lu és mtsai* (2020) által talált markerek távolsága a jelen tanulmányban talált markerekhez képest (6); * = az OAR2_137539806.1, OAR3_188812728.1 és s28948.1 az Oar4.0 koordinátákhoz igazított pozíció, melyek így összehasonlíthatóak a *Lu és mtsai* (2020) eredményeivel (7)

Table 3. List of loci associated with daily weight-gain of Hungarian Merinos

chromosome number (1); $-\log_{10}$ transformed p values obtained by multi-locus mixed-model algorithm (2); false discovery rate (3); allele substitution effect and its standard error (4); number of animals in the referred literature (5); distance of the markers found by *Zhang et al.* (2013) or *Lu et al.* (2020) relative to the markers found in this study (6); * = positions of OAR2_137539806.1, OAR3_188812728.1 and s28948.1 were adjusted to Oar4.0 coordinates to make it comparable to the work *Lu et al.* (2020)

Az itt ismertetett standardizált napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszek némelyike nagyon közel állt más kutatócsoportok által, nagyobb egyedszámon végzett vizsgálatokban bemutatott markerekhez (3. táblázat). Ezen markerek gyakorlati alkalmazása javíthatja a bányók napi súlygyarapodását, ami azért fontos, mert a bányáxport továbbra is jelentős bevételt jelent a tenyésztők számára.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A szerzők köszönetüket fejezik ki a Földművelésügyi Minisztérium anyagi támogatásáért és a Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség segítségéért.

IRODALOMJEGYZÉK

- Addo, S. – Klingel, S. – Hinrichs, D. – Thaller, G. (2019): Runs of Homozygosity and NetView analyses provide new insight into the genome-wide diversity and admixture of three German cattle breeds. PLOS ONE, 14. e0225847.
- Alexander, D. H. – Lange, K. (2011): Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. BMC Bioinform., 12. 246.
- Barabási, A. L. (2017): Network Science. Libri Könyvkiadó, Budapest.
- Ceccobelli, S. – Landi, V. – Senczuk, G. et al. (2023): A comprehensive analysis of the genetic diversity and environmental adaptability in worldwide Merino and Merino-derived sheep breeds. Genet. Sel. Evol., 55. 24.
- Ciani, E. – Lasagna, E. – D'Andrea, M. – Alloggio, I. – Marroni, F. – Ceccobelli, S. – Bermejo, J. V. D. – Sarti, F. M. – Kijas, J. – Lenstra, J. A. – Pilla, F. – the International Sheep Genomics Consortium (2015): Merino and Merino-derived sheep breeds: a genome-wide intercontinental study. Genet. Sel. Evol., 47. 64.
- Diez-Tascón, C. – Littlejohn, R. P. – Almeida, P. A. R. – Crawford, A. M. (2000): Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. Anim. Genet., 31. 243–251.
- Éber, E. (1996): Progress of animal husbandry in Hungary. Agroinform Kiadóház, Budapest.
- Felsenstein, J. (1989): PHYLIP - Phylogeny Inference Package (Version 3.2). Cladistics, 5. 164–166.
- Fésüs, L. – Sáfár, L. – Hajduk, P. – Székely, P. (2002): Role of Merinos in the Hungarian sheep husbandry. Magy. Állatteny. L., 30. 8–9.
- Horn, P. (1995): Cattle, sheep and horse breeding. Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- Internet1: Instruction manual typifix system. Hilgertshausen, Germany: Agrobiogen GmbH, [cited 2021 Oct 10]. Available from: Authors
- Internet2: SNP & Variation Suite v8.9.0 manual. Bozeman, US: GoldenHelix, [cited 2021 Febr 12]. Available from: Authors
- Jávor, A. (2005): Domestic trading, accurately. Magyar Mezőgazdaság, Magyar Juhászat és Kecsketenyésztés melléklete, 14. 6–7.
- Jávorka, L. – Annus, K. – Maróti-Agóts, Á. – Gáspárdy, A. (2014): Impact of Imre Festetics on the Hungarian sheep husbandry. In: 56th Georgikon Conference; 2014 Oct 2-3; Keszthely, Hungary.
- Kovácsy, B. (1923): Sheep husbandry. Athenaeum Irodalmi és Nyomdai Társulat Kiadása, Budapest.
- Loukovitis, D. – Szabó, M. – Chatziplis, D. – Monori, I. – Kusza, Sz. (2022): Genetic diversity and substructuring of the Hungarian merino sheep breed using microsatellite markers. Anim. Biotech., 34. 1701–1709.
- Lu, Z. – Yue, Y. – Yuan, C. – Liu, J. – Chen, Z. – Niu, C. – Sun, X. – Zhu, S. – Zhao, H. – Guo, T. – Yang, B (2020): Genome-wide association study of body weight traits in chinese fine-wool sheep. Animals, 10. 170.

- Megdiche, S. – Mastrangelo, S. – Hamouda, M. B. – Lenstra, J. A. – Ciani, E. (2019): A combined multi-cohort approach reveals novel and known genome-wide Selection signatures for wool traits in Merino and Merino-derived sheep breeds. *Front. Genet.*, 10. 1025.
- Nagy, Zs. – Németh, A. – Mihályfi, S. – Toldi, Gy. – Gergátz, E. – Holló, I. (2011): The short history of Hungarian sheep breeding and Hungarian Merino breed. *Acta Agr. Kaposváriensis*, 15. 19–26.
- Patterson, N. – Price, A. L. – Reich, D. (2006): Population structure and eigenanalysis. *PLOS Genet.*, 2. e190.
- Peter, C. – Bruford, M. – Perez, T. – Dalamitra, S. – Hewitt, G. – Erhardt, G. et al. (2007): Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. *Anim. Genet.*, 38. 37–44.
- Pickrell, J. K. – Pritchard J. K. (2012): Inference of population splits and mixtures from genome-wide allele frequency data. *PLOS Genet.*, 8. e1002967.
- Schandi, J. (1966): Sheep husbandry. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Segura, V. – Vilhjálmsson, B. J. – Platt, A. – Korte, A. – Seren, Ü. – Long, Q. – Nordborg, M (2012): An efficient multi-locus mixed-model approach for genome-wide association studies in structured populations. *Nat. Genet.*, 44. 825–830.
- Szabó, M. – Kusza, Sz. – Csízi, I. – Monori, I. (2016): Role of Hungarian Merinos in the sheep husbandry. *Agrártud. Közl.*, 69. 1–6.
- Thomson, T. E. – Winney, I. S. – Salles, O. C. – Pujol, B. (2018): A guide to using a multiple-matrix animal model to disentangle genetic and nongenetic causes of phenotypic variance. *PLOS ONE*, 3. e0197720.
- Vahid, Y. – Kóbori, J. (2002): Breeding and selection of Merinos. Szaktudás Kiadó Ház, Budapest.
- Veress, L. – Jankowski, S. T. – Schwark, H. J. (1982): Sheperd's book. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Wang, H. – Zhang, L. – Cao, J. – Wu, M. – Ma, X. – Liu, Z. – Liu, R. – Zhao, F. – Wei, C. – Du, L. (2015): Genome-wide specific selection in three domestic sheep breeds. *PLOS ONE*, 10. e0128688.
- Weir, B. S. – Cockerham, C. C. (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38. 1358–1370.
- Zhang, L. – Liu, J. – Zhao, F. – Ren, H. – Xu, L. – Lu, J. – Zhang, S. – Zhang, X. – Wei, C. – Lu, G. – Zheng, Y. – Du, L (2013): Genome-wide association studies for growth and meat production traits in sheep. *PLOS ONE*, 8.e66569.
- Zhang, Y. – Xue, X. – Liu, Y. – Abied, A. – Ding, Y. – Zhao, S. – Wang, W. – Ma, L. – Guo, J. – Guan, W. – Pu, Y. – Mwacharo, J. M. – Han, J. – Ma, Y. – Zhao, Q. (2021): Genome-wide comparative analyses reveal selection signatures underlying adaptation and production in Tibetan and Poll Dorset sheep. *Sci. Rep.*, 11. 2466.
- Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L. – Mezőszentgyörgyi, D. – Anton, I. (2023): Position of Hungarian Merino among other Merinos, within-breed genetic similarity network and markers associated with daily weight gain. *Anim. Biosci.*, 36. 10–18.

Érkezett: 2023. június

Szerzők címe: Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L – Mezőszentgyörgyi, D – Anton, I.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campus, Georgikon Campus

Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Kaposvár Campus,
Georgikon Campus
H-7400 Kaposvár, Guba Sándor utca 40.
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
zsolnai.attila@uni-mate.hu

SZEMES CIROK, MINT A KUKORICA LEHETSÉGES ALTERNATÍVÁJA A TAKARMÁNYOZÁSBAN

IRODALMI ÁTTEKINTÉS

TÓTH ARIEL – HUSVÉTH FERENC – TÓTH ZOLTÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

A globális klímaváltozás negatív hatásai a magyarországi kukoricatermesztésben is egyre hátróztottabban mutatkoznak meg, ezért fontos számításba venni olyan alternatív kultúrnövényeket, amelyek termesztése a megváltozott körülmények között is eredményesen folytatható, továbbá amelyek a takarmányozásban is alkalmasak lehetnek a kukorica kiváltására. A szakirodalmi áttekintés elsődleges célja a szemes cirok azon tulajdonságainak részletes ismertetése, melyek alapján a takarmányozásban a kukorica alternatívájává válhat. Számos szakirodalmi forrás alapján fejtiük ki a szemes cirok termesztésének aszályos viszonyok közötti előnyeit. Ezeken felül az áttekintés a szemes cirok és a kukorica előnyös és előnytelen beltartalmi mutatóiból és korábbi takarmányozási kísérletek eredményeiből kiindulva fejt ki, hogy a fő tenyésztett állatfajok (kérődzők, baromfifajok, sertés) esetében milyen hatásokkal járhat a kukorica szemes cirokkal történő részleges vagy teljes kiváltása. Fő következtetés, hogy a mai kis tannintartalmú szemes-, illetve silócirok-hibridek a legtöbb haszonállat esetében eredményesen alkalmazhatóak mind tömegtakarmányként, mind a takarmánykeverékekben.

SUMMARY

Tóth, A. – Husvéth, F. – Tóth, Z.: SORGHUM AS A POTENTIAL ALTERNATIVE TO CORN IN ANIMAL NUTRITION – LITERATURE REVIEW

Negative effects of climate change appear more and more markedly in Hungarian corn production. This emphasizes the importance to find alternative crops, the cultivation of which can be successfully continued even under the changed conditions and can also be suitable for replacing corn in animal nutrition. The main aim of this literature review is to describe the properties of grain sorghum, which can be an alternative feed component to replace corn in animal nutrition. The advantages of grain sorghum in drought-prone environments are studied in numerous literatures. They underline that sorghum can be economical to be produced on soils which are unfavorable for corn, because it has a lower transpiration coefficient and it is also more tolerant to biotic and abiotic stress factors, furthermore the purchase price of feed grain sorghum is roughly the same as that of corn. Based on earlier published results, comparing nutritional values of sorghum and corn, this review explains the effects of partial and complete replacement of corn with grain sorghum, in the case of the main farm animals (ruminants, poultry, pigs). Feeding the green parts of sorghum (grazing or in TMR), it is important to pay attention to the fact that grazing can start only at a height of 60 cm of the plant, because in earlier stages of development sorghum can contain cyanoglycosides. Proper treatments (drying, fermentation, etc.) of both green and grain sorghum are also essential before feeding. Flaking of sorghum grain increases its digestibility and it becomes suitable for the partial replacement of corn by ruminants. In case of poultry, sorghum grain can be fed without grinding, so processing costs can also be reduced. However, even a low tannin content can adversely affect the production parameters of animals, so it should be used in 1:1 proportion in a mixture with corn. In case of pigs, tannin content is the only component that decreases the perfect utilization of sorghum. In feeding experiments comparing sorghum to corn, similar results were found when sorghum hybrids were used with a negligible tannin content. The main conclusion of the articles referred in this review is that today's grain sorghum hybrids with a low tannin content can be effectively used in the case of most farm animals, both in forage or concentrate feeding, if the proper ratio is applied in the feeds. Increasing the nutritive values of sorghum varieties and developing tannin-free sorghum hybrids may be decisive in animal husbandry for the future.

BEVEZETÉS

A megfelelő klíma a mezőgazdaság termelékenységének egyik kulcstényezője (*Cumhur és Malcolm, 2008*). Az *Éghajlatváltozási Kormányközi Testület (IPCC)* 2021-ben kiadott hatodik értékelő jelentése alapján 20 éven belül valószínűleg átlépjük a globális 1,5 °C-os hőmérsékletemelkedést (*IPCC, 2021*). Az üvegházhatás erősödése a magyarországi éghajlat szárazabbá és napfényben gazdagabbá válását okozhatja (*Mika, 2002*). Ezen felül az előrejelzések és az eddigi tapasztalatok alapján valószínű, hogy az éves csapadékmennyiség eloszlása is át fog alakulni. A szezonális csapadékmennyiség az őszi-téli félévben várhatóan növekedni, a tavaszi-nyári félévben pedig csökkenni fog (*Bartholy, 2007*). Az OMSZ 1901-2021 közötti adatsorai alapján az országos évi átlag középhőmérséklet a lineáris trendbecslés alapján szignifikánsan emelkedik, míg az éves csapadékösszeg átlagosan 3,4%-os csökkenést mutat (*OMSZ, 2021*). Ezen felül nőtt a szélsőségesen csapadékos és szélsőségesen száraz évek gyakorisága is. A mezőgazdaság a klímaváltozás által legközvetlenebbül érintett gazdasági ágazat.

Az éghajlatváltozás nagymértékben formálhatja át az egyes mezőgazdasági területek jellemzőit, melynek következtében a hagyományos szántóföldi növények gazdaságos előállítására való alkalmasságuk jelentősen csökkenhet. Ez a humán élelmezést közvetlenül és közvetetten – a hagyományos takarmánynövények kisebb termésmennyiségén keresztül – is érintheti. Hazánkban a használatban lévő szántóterületek ~60%-án gabonanövényeket termesztnek, melyből 42% (~1.000.000 ha) kukorica (*KSH, 2019*). *Pásztor és Fodor (2010)* országunk agroökológiai potenciáljának jövőjét kísérelték meg 4M szimulációs modell alkalmazásával felmérni a klímaváltozás függvényében. Eredményeik szerint elsősorban a klímaváltozás negatív hatásai fognak érvényesülni, mely a kukorica termésátlagának csökkenését vetíti előre. A termelői tapasztalatok azt mutatják, hogy a magyar kukoricatermesztés - elsősorban a tenyészidőszakban tapasztalható vízhiány miatt – már most is kockázatosabbá vált (*Király, 2017*). A kukorica számára kedvezőtlenebbé vált termőhelyi feltételek által okozott termés kiesés értelemszerűen a piaci árakban is megmutatkozik, melyek egyik fő elszennvedői az állattartók. Az érintett területeken előremutató lehet a klímaváltozással járó kihívásokat jobban toleráló gazdasági növényeket termesztetni. A világ számos régiójában a szemes cirok helyettesíti a kukoricát, nagy terméshozamának, remek víz-, hőmérséklet- és stressztűrőképességének köszönhetően (*Espitia-Hernández és mtsai, 2020*). A gyengébb adottságú területeken a takarmánycirok-fajták, mind tömegtakarmányként, mind pedig abrakként biztonságosabban termesztethetők (*Bocz, 1992*).

E szakirodalmi áttekintés elsődleges célja összegyűjteni a szakirodalom azon kiemelt kutatási eredményeit, amelyek a szemes cirok alternatív takarmányként való alkalmazásának jogosultságát igazolják, a legfontosabb tenyésztett állatfajok esetében. További cél felhívni a figyelmet a szemes cirokban, mint takarmánynövényben rejlő lehetőségekre, különös tekintettel a klímaváltozás miatt, a kukorica számára alkalmatlanabbá váló területeken.

A SZEMES CIROK ÉS A KUKORICA TERMÉSEREDMÉNYEINEK ÖSSZEHASONLÍTÁSA

A kukorica termés csökkenését elsősorban a magas hőmérséklet és az éves csapadékmennyiség kedvezőtlenebbé váló eloszlása okozza (Széles és mtsai, 2018). Ezek főként a generatív időszakban veszélyeztetik a kukorica termésmennyiségét. Meza és mtsai (2008) szerint a kukorica termés csökkenése a klímaváltozási forgatókönyv és a termesztett hibrid függvényében 10-30% is lehet. Ezzel szemben láthatjuk, hogy a 2022-es, meglehetősen aszályos és meleg év tenyészidőszakában az Alföldön és a közép-magyarországi régió egyes területein a kukoricatermés csaknem egésze (~300.000 ha) megsemmisült.

A szemes cirok termesztése -mivel termése a kukorica számára kedvezőtlenebb körülmények között is elérheti a 4-5 t/ha-os szintet - a kukoricának nem kedvező talajokon is gazdaságosnak tekinthető (Bocz, 1992). A KSH 2021-es adatai alapján a cirokmag felvásárlási ára (66891 Ft/t) sem tér el jelentősen a takarmánykukorica felvásárlási árától (73023 Ft/t).

Hozama korlátozott vízellátás mellett meghaladja a kukoricáét (Turhollow és mtsai, 2010). A szemes ciroknak 1 kg szárazanyag előállításához csupán 150-250 liter vízre van szüksége (Assefa és mtsai, 2010), míg a kukorica transzspirációs koefficiense 163-368 liter víz / 1 kg szárazanyag (Dobos és Megyes, 2013). Staggengborg és mtsai (2008) a szemes cirok és a kukorica terméskülönbségét vizsgálták Kansasban és Nebraskában. Eredményeikben leírták, hogy a szemes cirok azokon a területeken termelt többet a kukoricánál, ahol a kukorica termésátlagos 6,4 t/ha alá csökkent. A KSH felmérései alapján 2010 és 2022 között a kukorica termésátlagos Magyarországon 3,4 t/ha és 8,6 t/ha között, igen széles skálán mozgott. Általánosan elmondható, hogy a vízellátási és hőmérsékleti szélsőségeknek jobban kitett régiókban (Közép-Magyarország, Alföldi régiók) figyelhetők meg gyakrabban alacsonyabb termésátlagok. Elsősorban ezen területek kiemelt részein térülne meg a szárazságot és vízhiányt jobban toleráló szemes cirok termesztése.

A SZEMES CIROK ÉS A KUKORICA BELTARTALMI MUTATÓINAK ÖSSZEHASONLÍTÁSA

A szemes cirok beltartalma (1. táblázat) a kukoricáéhoz hasonló, azonban fehérjetartalma általánosságban nagyobb, nyerszsír- és energiatartalma pedig valamivel kisebb, mint a kukoricáé. Teljes emészthető táplálóanyag-tartalma a kukoricáénak a 85-97%-át teszi ki (Cousins és mtsai, 1981). A szemes cirok csupán ~5,68%-kal kevesebb metabolizálható energiával rendelkezik a kukoricához viszonyítva (Rostagno és mtsai, 2011). A nagyobb fehérjetartalom ellenére néhány esszenciális aminosav (pl. lizin, metionin, treonin) emészthetősége relative kisebb, mint kukorica esetében (Rostagno és mtsai, 2011). Ezekon felül B-vitaminok kiváló forrása. Tartalmaz tiamint, riboflavint, niacint, piridoxint, pantoténsavat, biotint és folsavat, valamint egyéb vitaminokat, mint például A-, D-, E- és K-vitaminokat (Taylor, 2003). Tartalmaz továbbá karotinoidokat, fitoszterolokat és polikoanolokat is (Awika és Rooney, 2004).

Említésre méltó a cirokfélék azon tulajdonsága, miszerint a betegségekkel és rovarkártevőkkel szembeni ellenállóképességük igen jó, így az azonos időjárási

körülmények közt termelt takarmány mikotoxin-szennyezettsége is kevésbé jellemző, mint a kukorica esetében (Ssepuuya és mtsai, 2018). Ezt igazolja Mpuchane és mtsai, (1997) felmérése is, miszerint a silókban betárolt szemes cirok és kukorica minták közül általánosságban a kukorica minták mutatnak magasabb gombák általi szennyezettséget.

Fontos szót ejteni a szemes cirok maghéjának tannintartalmáról is. A tannin az egyik legfontosabb tényező, amely befolyásolja a cirok takarmányozási értékét. A tanninok, a természetben előforduló polifenol-vegyületek, melyek többnyire kétszikű növényekben, leggyakrabban hüvelyesekben találhatók meg (Mahmood és mtsai, 2014). Hatásukat tekintve csökkentik az emésztőenzimek aktivitását, a

1. táblázat

A szemes cirok és a kukoricaszem beltartalmi mutatóinak összehasonlítása

(Sibbald, 1977; NRC, 1994; Eckhoff és Paulsen, 1996; Rostagno és mtsai, 2011; Li és mtsai, 2014; Marta és mtsai, 2017; Abah és mtsai, 2020; Faqih és mtsai, 2020; Riffat, 2020)

Összetétel (1)	Szemes cirok (2)	Kukoricaszem (3)
Szárazanyag (4)	87-89,4%	88,3-89%
Emészthető energia (5)	13,8-16,4 MJ/kg	16,5-17,5 MJ/kg
Metabolizálható energia (6)	13,8-16,6 MJ/kg	15,9-17,2 MJ/kg
Nyersfehérje (7)	10-12%	8-10%
Lizin / 100 g fehérje (8)	1,1-3,6 g	1,5-3 g
Nyersrost (9)	1-3,4%	2,4-3,7%
Lignin	~2%	~1,2%
Nyerszsír (10)	3,3-3,4%	3,5-5%
Keményítő (11)	55-75%	70-73%
Nyershamu (12)	1,3-3,3%	1-1,6%
Oldható cukor (13)	0,7-4,2%	1-3%
Összes ásványi anyag (14)	~1,5%	~1,2%
Kalcium (15)	0,28 g/kg	~0,09 g/kg
Foszfor (16)	~2,87 g/kg	~3,8 g/kg
Magnézium (17)	~1,5 g/kg	~1,2 g/kg
Vas (18)	~4,4 mg/100g	~4,6 mg/100g
Tiamin	~0,35 mg/100g	~0,4 mg/100g
Riboflavin	~0,15 mg/100g	~0,1 mg/100g
Niacin	~4,65 mg/100g	~3,6 mg/100g
Tannin	10-722 mg/100g	-
Glutén	-	-

Table 1. Comparison of the nutrient contents in sorghum and corn grains

Composition (1); sorghum grain (2); corn grain (3); dry matter (4); digestible energy (5); metabolizable energy (6); crude protein (7); lysine / 100g protein (8); crude fiber (9); crude fat (10); starch (11); crude ash (12); soluble sugar (13); total minerals (14); calcium (15); phosphorus (16); magnesium (17); iron (18)

fehérje és az aminosavak emészthetőségét, valamint az ásványianyag- és vitaminfelvételt (Chung és mtsai, 1998). Ezzel egyidejűleg viszont daganatmegelőző, gyulladáscsökkentő és antibakteriális hatásuk pozitívumként könyvelhető el (Nagy és mtsai, 2021).

Genotípusuk és beltartalmuk szerint a szemescirokokat három csoportba sorolhatjuk. Az I. típusú (vagy fehér cirok), nem rendelkezik pigmentált maghéjjal és kicsi a tannintartalma (0,28 g/kg). A II. típusú (vagy vörös cirok) pigmentált maghéjjal rendelkezik nagyobb tannintartalommal (4,48 g/kg), a III. típusú (szintén pigmentált, fekete) cirok pedig nagyobb mennyiségben (11,95 g/kg) tartalmaz tannint (Dykes és Rooney, 2006). Nagy és mtsai (2021), a köztermesztésben leggyakrabban alkalmazott szemes cirok-hibridekkel végzett kutatása szintén igazolja a szín és tannintartalom közti összefüggéseket. A vizsgált vörös (Alföldi1, Zádor, Foehn) és fehér (Albita, Albanus) típusok közül általánosságban a vörös hibridek mutattak nagyobb tanninkoncentrációkat. A nemesítői törekvések eredményeként a mai szemescirok-hibridek csupán elhanyagolható mennyiségű tannint tartalmaznak.

A SZEMES CIROK FELHASZNÁLÁSI LEHETŐSÉGEI A TAKARMÁNYOZÁSBAN

Kérődzők esetében Herrera-Saldana és Huber (1989) megállapították, hogy a gabonanövények közül a cirokmag keményítőjének bendőbeli lebonthatósága a legrosszabb, mivel a cirokban lévő keményítő-fehérje mátrix jobban ellenáll a mikrobiális eredetű enzimes bontásnak, mint pl. a kukorica esetében. Nocek és Tamminga (1991) számításai szerint a cirokdara összes keményítőjének bendőbeli lebonthatósága az összes keményítőtartalom %-ában 51-57,3%, míg a kukoricadaráé 53,1-67% körül alakul. A cirokkeményítő emészthetőségének javítása érdekében a cirokmagot pelyhesítik, melynek következtében a cirokpehely keményítőjének emészthetősége 98%-ra növekszik (NRC, 2001). Theurer és mtsai (1999) az őrölt és pelyhesített cirok és kukorica hatásait vizsgálták tejhasznú tehének esetében. Eredményeikre alapozva leírták, hogy a pelyhesített takarmányok hatása közel azonos volt, emellett a pelyhesítés növelte a tejtermelést és a tej fehérjetartalmát is. Buonaiuto és mtsai (2021) a kukoricaliszt, mint keményítőforrás szemescirokklisztre való teljes cseréjének hatásait vizsgálták tejhasznú tehének széna alapú TMR takarmányában. A tej, mint végtermék minőségében nem tapasztaltak negatív változásokat. Mitzner és mtsai (1994) hasonló kutatásuk eredményeként azt tapasztalták, hogy a kukorica szemes cirokkal történő cseréje nem befolyásolta negatívan sem a DMI-t, sem a tejtermelést, sem annak zsírtartalmát, viszont pozitívan befolyásolta a fehérjetartalmat.

Húsmarhák esetében Ferreira és mtsai (2020) Nellore húsmarhákon vizsgálták a kétféle takarmány hatását a hús minőségére. Nem tapasztaltak komolyabb eltéréseket sem a pH, sem a hús kémiai összetétele, sem a sütési veszteségek tekintetében, viszont a bőr alatti zsírszövet színében (mely a kukoricával etetett egyedek esetében sárgább volt), igen. Brandt és mtsai (1992) hasonló eredményeket írtak le. A cirokkal és kukoricával etetett húsmarhák végtermékeinek minőségi és érzékszervi vizsgálatánál szignifikáns eltéréseket nem detektáltak, viszont a bőr alatti zsírszövet sárgább színét ők is megfigyelték a kukoricával etetett állatok esetében. A fentebb leírtak alapján a megfelelően kezelt cirokmag

alkalmas lehet a kukorica egy részének kiváltására mind tejelő tehenek, mind húsmarhák esetében.

Baromfi- és sertéstakarmányok esetében kimutatták, hogy a kis tannintartalmú cirok-hibridek a hasznosulás befolyásolása nélkül helyettesíthetik a kukoricát (*Garcia és mtsai*, 2005). A baromfi takarmánykeverékekben a kukoricát 30-50%-ban, sertéseknél pedig 20%-ban válthatjuk ki szemes cirokkal (*Rajki és Palágyi*, 2017). *Torres és mtsai* (2013) Cobb-500 brojlercsirkékkel vizsgálták a kukorica kis tannintartalmú szemes cirokkal történő helyettesítésének az állatok teljesítményére gyakorolt hatásait három takarmányozási kezelés vonatkozásában (100% kukorica, 50-50% kukorica-cirok keverék, 100% cirok). Eredményeikben rámutattak, hogy a brojlerek takarmányozására az 50-50%-ban kukoricát és cirkot tartalmazó takarmány volt a legalkalmasabb, mivel a cirok 100%-os etetésekor a még kis mennyiségben (0,3-0,34%) előforduló tannin is csökkentette a brojlerek teljesítményét. A fentiek értelmében a ciroknemesítés és a további tanninmentes hibridek előállítása és fejlesztése döntő lehet a jövőre tekintve. *Ochieng és mtsai* (2020) kitértek arra is, hogy brojlercsirkék takarmányában maximum 60%-ban keverve javasolt a szemes cirok. Ezen arány felett ugyan csökken a hús koleszterin-tartalma, viszont károsan befolyásolhatja a telített zsírsav- és E-vitamin-tartalmát. A keverési arány növelése továbbá hatással lehet a pH-ra és a hús színére is (*Garcia és mtsai*, 2005).

Baromfifajokban az egész cirokmag darálás nélküli felhasználásának olyan gazdasági vonatkozása lehet, hogy a darálás energiateljesítményéből adódó (napjainkban egyre magasabb) költségeit meg tudjuk spórolni rajta. *Silva és mtsai* (2014) az egész és darált cirokmagnak, továbbá a kukoricának a bél morfológiára és a bél szöveti szerkezetére gyakorolt hatásait vizsgálták 42 napos brojlerek esetében. A kutatás eredményeként azt a következtetést vonták le, hogy a szemes cirok helyettesítheti a kukoricát 1-42 napos brojlerekben, mivel megfelelő súlygyarapodás érhető el takarmányozásával, továbbá nem befolyásolja hátrányosan a bél morfológiáját és az egyes létfontosságú szervek súlyát sem. *Wu és mtsai* (2004) rámutattak arra, hogy az egész cirokmag etetésének 500 g/kg felett ugyan van negatív hatása a brojlerek teljesítményére, viszont eddig a pontig kedvezőtlen eredmények nem tapasztalhatóak.

A szemes cirok tojóhibridek számára is megfelelő takarmány lehet. *Ochieng és mtsai* (2018) a kukorica kis tannintartalmú szemes cirokkal való helyettesítésének a tojás minőségére gyakorolt hatását vizsgálták, cirkot 0, 50 és 100%-ban tartalmazó keverékek alkalmazásával. A tojások tömegében, fehérje- és zsírtartalmában, E- és A-vitamin-tartalmában nem voltak statisztikailag kimutatható eltérések. A szemes cirok arányának növelésével ugyan világosabb lett a tojássárgája, viszont a koleszterin-tartalom szignifikánsan csökkent.

A szemes cirok sertések számára is megfelelő takarmány lehet, viszont az emésztést gátló polifenol-vegyületek miatt fontos a tanninmentes fajták alkalmazása. Máskülönb a szemes cirok megváltoztathatja a bél morfológiáját, továbbá csökkentheti az emésztő- és antioxidáns enzimek aktivitását, melyek a takarmány hasznosulásáért felelősek (*Pan és mtsai*, 2021). Emellett *Bauza és mtsai* (2019) rámutattak, hogy nedves szemes takarmánykeverékek esetében a kukorica közepes tannintartalmú cirokkal való 50%-os helyettesítése kedvezőtlen hatással van a hízósertések izomfejlődésére, melynek velejárója a háti rész intramuszkuláris zsírtartalmának növekedése. Amennyiben viszont kis tannintartalmú cirokkal

helyettesítik a kukoricát, nem változik szignifikánsan a sertéshús összetétele. A kis tannintartalmú cirokkal etetett sertések közel ugyanazokat a paramétereket (súlygyarapodás, takarmányértékesítés) produkálhatják, mint amelyeket kukoricával etetnek (*Brand és mtsai, 1990*). Más irodalmi források (*Pan és mtsai, 2021; Bretensky és mtsai, 2012*) a kis tannintartalmú cirok alternatív takarmányforrásként való alkalmazását sertések számára ugyancsak javasolják. Az alacsony tannintartalmú cirok alkalmazásának és a végtermék minőségének a kapcsolatát *Moreland (1971)* vizsgálta hízósertések esetében Texasban. A szemes cirokkal etetett állatok húsa a következő paraméterek tekintetében nem mutatott szignifikáns eltérést a hagyományos takarmányokkal (kukorica, búza, árpa) etetett egyedekétől: nyers és sült hús nyersfehérje tartalma, összes szárazanyag tartalma, főzési veszteségek, főzési idő, megjelenés, illat, íz és szaftosság (*Moreland, 1971*).

A CIROKFÉLÉK EGYÉB HASZNOSÍTÁSI LEHETŐSÉGEI A TAKARMÁNYOZÁSBAN

A szemes cirok zöld száron érik, ezért a bugák levágása után visszamaradó szár silózással vagy legeltetéssel (főként szarvasmarha és juhtartó gazdaságokban) hasznosítható (*Bocz és mtsai, 1992*). A cirok legeltetése a 60-70 cm-es magasság elérése után kezdődhet meg, mivel 60 cm alatt még jelen lehetnek benne ciánglikozidok, melyekből az emésztés során kéksav (ciánhidrogén) képződik, mely szöveti oxigénhiányt okoz (*Orosz és Fazekas, 2019*). Az új hibridek ciánglikozid tartalma már elenyésző, viszont mivel stresszhatás is idézhet elő nagyobb ciánglikozid mennyiséget, így érdemes a hasznosítási rend betartása. Erjesztés és szárítás hatására a ciánglikozidok 3-7 nap alatt lebomlanak (*Orosz és Fazekas, 2019*).

Kérődzők esetében a cirok erjesztett tömegtakarmányként való alkalmazásában is nagy potenciál rejlik, különösen azon gazdaságok esetében, ahol a vízhiány miatt problémát jelent a takarmánykukorica megtermelése. Tejelő tehének esetében a kukoricaszilázs teljes mértékben kiváltható cirokszilázzsal anélkül, hogy az káros hatással lenne a tejhozamra és annak összetevőire (*Khosravi és mtsai, 2018; Li és mtsai, 2020*).

KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

Az aszályos viszonyok között is megfelelő hozamú szemes cirok termesztése kézenfekvő megoldás lehet azon gazdaságok számára, melyek területein – főként a klímaváltozás okozta szélsőségesebbé váló vízellátás miatt – problémássá válik a kukorica termesztése.

A kukoricáéhoz hasonló beltartalmú, kis tannintartalmú szemescirok-hibridek megfelelő arányban keverve mind a kérődzők, mind a baromfifajok, mind pedig a sertés esetében helyettesíthetik a kukoricát abraktakarmányként vagy takarmánykeverékekben.

Az újabb cirok-hibridek takarmányként való értékesülésének pontosabb megismerése érdekében további kiterjedt kutatások indokoltak.

IRODALOMJEGYZÉK

- Abah, C. R. - Ishiwu, C. N. - Obiegbuna, J. E. - Oladejo, A. A. (2020): Sorghum grains: Nutritional composition, functional properties and its food applications. *Eur. J. Nutr. Food Saf.*, 12. 101-111.
- Assefa, Y. - Staggenborg, S.A. - Prasad, V. P. V. (2010): Grain sorghum water requirement and responses to drought stress: A Review. *Crop Manag.*, 9. 1-11.
- Awika, J. M. - Rooney, L. W. (2004): Sorghum phytochemicals and their potential impact on human health. *Phytochemistry*, 65. 1199-1221.
- Bartholy, J. (2007): Regional climate change expected in Hungary for 2071-2100. *Appl. Ecol. Environ. Res.*, 5. 1-17.
- Bauza, R. - Barreto, R. - Silva, D. - Bratschi, C. (2019): Quality of carcass and fat of pigs receiving diets with sorghum, canola expeller and peas. *Agrociens. Urug.*, 23. 1-11.
- Bocz, E. (1992): Szemes cirok. Szántóföldi növénytermesztés, Szerk.: Bocz, E. - Antal, J. - Kismányoky, T. - Ragasits, I. - Kovács, G. - Ruzsányi, L. - Varga, J. - Késmárki, I. - Kovács, A. - Szabó, M., Mezőgazda kiadó, Budapest, 432-434.
- Bounaiuto, G. - Palmonari, A. - Ghiaccio, F. - Visentin, G. - Cavallini, D. - Campidonico, L. - Formigoni, A. - Mammi, L. M. E. (2021): Effects of complete replacement of corn flour with sorghum flour in dairy cows fed Parmigiano Reggiano dry hay-based ration. *Ital. J. Anim. Sci.*, 20. 826-833.
- Brand, T. S. - Badenhorst, T. H. A. - Ras, M. N. - Siebrits, F. K. - Kemm, E. H. - Hays, J. P. (1990): Normal and hetero-yellow endosperm grain sorghum as substitute for maize in pig diets. *S. Afr. J. Anim.*, 20. 229-233.
- Brandt, R. T. - Kuhl, G. L. - Campbell, R. E. - Kastner, C. L. - Stroda, S. L. (1992): Effects of steam-flaked sorghum grain or corn and supplemental fat on feedlot performance, carcass traits, longissimus composition, and sensory properties of steers. *J. Anim. Sci.*, 76. 2984-2990.
- Bretensky, M. - Nitrayová, S. - Patras, P. (2012): The quality of sorghum grain in aspect of utilization amino acids in pigs. *J. Microbiol. Biotechnol. Food Sci.*, 1. 1032-1039.
- Chung, K. T. - Wong, T. Y. - Wei, C. I. - Huang, Y. W. - Lin, Y. (1998): Tannins and human health: A review. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, 38. 421-464.
- Cousins, B. W. - Tanksley, T. D. - Knabe, D. E. - Zobriska, T. (1981): Nutrient digestibility and performance of pigs fed sorghums varying in tannin concentration. *J. Anim. Sci.*, 53. 1524-1537.
- Cumhur, A. - Malcolm, S. C. (2008): The effects of global climate change on agriculture. *Am-Eurasian J. Agric. Environ. Sci.*, 3. 672-676.
- Dobos, A. - Megyes, A. (2013): Irrigated Farming. University of Debrecen.
- Dykes, L. - Rooney, L. W. (2006): Sorghum and millet phenols and antioxidants. *J. Cereal Sci.*, 44. 236-251.
- Eckhoff, S. R. - Paulsen, M. R. (1996): Maize. In: *Cereal Grain Quality*, edit. Henry, R. J. - Kettlewell, P. S., Chapman and Hall, London, 77-112.
- Espitia-Hernández, P. - Chávez González, M. L. - Ascacio-Valdés, J. A. - Dávila-Medina, D. - Silva, T. - Ruelas Chacón, X. - Sepúlveda, L. - Flores-Naveda, A. (2020): Sorghum (*Sorghum bicolor* L.) as a potential source of bioactive substances and their biological properties. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, 62. 2269-2280.
- Faqui, A. - Elizabeth, E. - Azahari, D. H. (2020): The Increaseing of Competitiveness of Agro-Industry Products Through Industrial Empowerment to Support the Achievement of Sustainable Agricultural Development. *Int. J. Energy. Econ. Policy.*, 10. 663-671.
- Ferreira, F. A. - Chizzotti, M. L. - Zamudio, G. D. - Estrada, M. M. - Pacheco, M. V. - Silva, B. C. - Valadares-Filho, S. C. - Rodrigues, R. T. (2020): Beef quality of Nellore steers fed dried or rehydrated and ensiled corn or sorghum grains. *Rev. Colomb. Cienc. Pecu.* 33. 121-133.
- Garcia, R. G. - Mendes, A. A. - Costa, C. - Paz, I. C. L. A. - Takahashi, S. E. - Pellicia, K. P. - Komiyama, C. M. - Quinteiro, R. R. (2005): Desempenho e qualidade de carne de frangos de corte alimentados com diferentes níveis de sorgo em substituição ao milho. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 57. 634-643.

- Herrera-Saldana, R. E. – Huber, J. T.* (1989): Influence of varying protein and starch degradability on performance of lactating cows. *J. Dairy Sci.*, 72. 1477–1483.
- IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change)* (2021): Climate change 2021. The physical science basis. Contribution of working group I to the sixth assessment report of the intergovernmental panel on climate change. Edit. *Masson-Delmotte, V. – Zhai, P. – Pirani, A. – Connors, S. L. – Zhou, B.*, Cambridge University Press.
- Khosravi, M. – Rouzbehan, Y. – Rezaei, M. – Rezaei, J.* (2018): Total replacement of corn silage with sorghum silage improves milk fatty acid profile and antioxidant capacity of Holstein dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 101. 10953–10961.
- Király, G.* (2017): Éghajlatváltozás és alkalmazkodás a mezőgazdaságban. Magyarok a Kárpát-medencében 2. Szeged: Tudományos Nemzetközi Konferencia, 369–379.
- KSH* (2019): A fontosabb növények vetésterülete, 2019. június 1. Statisztikai Tükör, Lekérdezés időpontja: 2023.01.26.
- KSH* (2021): Gabonafélék felvásárlási átlagára. Lekérdezés időpontja: 2023.08.17.
- Li, M. M. – Zhang, J. J. – Bai, Y. F. – Degen, A. A.* (2020): Sorghum silage substituted for corn in diets for dairy cows: Effects on feed intake, milk yield and quality, and serum metabolites. *Appl. Anim. Sci.*, 36. 228–236.
- Li, Q. – Zang, J. – Liu, D. – Piao, X. – Lai, C. – Li, D.* (2014): Predicting corn digestible and metabolizable energy content from its chemical composition in growing pigs. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 5. 11.
- Mahmood, S. – Ali, H. – Ahmad, F. – Iqbal, Z.* (2014): Estimation of tannins in different sorghum varieties and their effects on nutrient digestibility and absorption of some minerals in caged white Leghorn layers. *Int. J. Agric. Biol.*, 16. 217–221.
- Marta, H. – Suryadi, E. – Ruswandi, D.* (2017): Chemical composition and genetics of Indonesian maize hybrids. *Am. J. Food Technol.*, 12. 116–123.
- Meza, F. J. – Silva, D. – Vigil, H.* (2008): Climate change impacts on irrigated maize in mediterranean climates: Evaluation of double cropping as an emerging adaptation alternative. *Agric. Syst.*, 95. 21–30.
- Mika, J.* (2002): A globális klímaváltozásról. *Fizikai Szemle*, 9. 258–268.
- Mitzner, K. C. – Owen, F. G. – Grant, R. J.* (1994): Comparison of sorghum and corn grains in early and midlactation diets for dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 77. 1044–1051.
- Moreland, M. R.* (1971): Effect of feeding various grains upon quality of pork. A Thesis in Food and Nutrition.
- Mpuchane, S. F. – Taligoola, H. K. – Gashe, B. A. – Zinzombe, I. – Matsheka, M.* (1997): A mycological study of stored maize and sorghum grains. *Botsw. Notes Rec.*, 29. 81–91.
- Nagy, R. – Szöllősi, E. – Molnárné Bíró, P. – Murányi, E. – Czibalmos, E. – Sípos, P.* (2021): Condensed tannin content of Hungarian sorghum varieties grown at research institute in Karcag. *Acta Agrar. Debr.*, 1. 155–160.
- Nocek, J. – Tammiga, S.* (1991): Site of digestion of starch in the gastrointestinal tract of dairy cows and its effect on milk yield and composition. *J. Dairy Sci.*, 74. 3598–3629.
- NRC* (1994): Nutrient requirements of poultry. 9th Revised edition. National Academy of Service Washington DC, USA.
- NRC* (2001): Nutrient requirements of dairy cattle: 7th Revised edition. s.l.: The National Academy of Sciences, 251–256.
- Ochieng, B. A. – Owino, W. A. – Kinyuru, J. N. – Mburu, J. N. – Gicheha, M. G.* (2020): Effect of low tannin sorghum based feeds on broiler meat nutritional quality. *J. Agric. Food. Res.*, 2. 100078.
- Ochieng, B. – Willis, O. O. – Kinyuru, J. – Mburu, J.* (2018): Effect of low tannin sorghum based feed on physical and nutritional quality of layer chicken eggs. *J. Food Res.*, 7. 94.
- OMSZ* (2021): Lekérdezés időpontja: 2023.08.17.
- Orosz, Sz. – Fazekas, M.* (2019): Amit a cirokról tudni érdemes tavaszi aszály után. *Magyar Mezőgazdaság*, 20. 18–19.

- Pan, L. – An, D. – Zhu, W. (2021): Low-tannin sorghum grain could be used as an alternative to corn in diet for nursery pigs. *J. Anim. Physiol. Anim. Nutr.*, 105. 890–897.
- Pásztor, L. – Fodor, N. (2010): The agro–ecological potential of Hungary and its prospective development due to climate change. *Appl. Ecol. Environ. Res.*, 8. 177–190.
- Rajki, E. – Palágyi, A. (2017): Szemescirok Termesztési Technológia. Gabonakutató Nonprofit Közhasznú Kft., Szeged.
- Riffat, A. (2020): Sulfur: A multifunctional element that improves nutritional value of maize grains. *Pak. J. Bot.*, 52. 2031–2041.
- Rostagno, H. S. – Albino, L. F. – Donzele, J. L. – Gomes, P. C. – Oliveira, R. F. – Lopes, D. C. – Ferreira, A. S. – Barreto, S. L. T. – Euclides, R. F. (2011): Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais. 3. ed. Viçosa: s.n., 252.
- Sibbald, I. R. (1977): The true metabolizable energy values of some feedingstuffs. *Poultry Sci.*, 56. 380–382.
- Silva, M. C. A. – Carolino, A. C. X. G. – Litz, F. H. – Fagundes, N. S. (2014): Effects of sorghum on broilers gastrointestinal tract. *Rev. Bras. Ciênc. Avíc.*, 17. 95–102.
- Ssepuuya, G. – Van Poucke, C. – Ediage, E. N. – Mulholland, C. – Tritscher, A. – Verger, P. – Kenny, M. – Bessy, C. – De Saeger, S. (2018): Mycotoxin contamination of sorghum and its contribution to human dietary exposure in four sub-Saharan countries. *Food Addit. Contam. Part. A Chem. Anal. Control. Expo. Risk. Assess.*, 35 1384–1393.
- Staggenborg, S. A. – Dhuyvetter, K. C. – Gordon, W. B. (2008): Grain sorghum and corn comparisons: Yield, economic, and environmental responses. *Agron. J.*, 100. 1600–1604.
- Széles, A. – Harsányi, E. – Kith, K. – Nagy, J. (2018): The effect of fertilisation and weather extremities caused by climate change on maize (*Zea mays* L.) yield in Hungary. *J. Agric. Food Dev.*, 4 1–9.
- Taylor, J. R. N. (2003): Overview: Importance of sorghum in Africa. AFRIPRO Workshop on the proteins of sorghum and millets: enhancing nutritional and functional properties for Africa. Pretoria, South Africa, 2-4 April 2003.
- Theurer, C. B. – Swingle, R. S. – Wanderley, R. C. – Kattnig, R. M. – Urias, A. – Ghenniwa, G. (1999): Sorghum grain flake density and source of roughage in feedlot cattle diets. *J. Anim. Sci.*, 77. 1066–1073.
- Torres, K. A. A. – Pizauro, J. M. – Soares, C. P. – Silva, T. G. A. – Nogueira, W. C. L. – Campos, D. M. B. – Furlan, R. L. – Macari, M. (2013): Effects of corn replacement by sorghum in broiler diets on performance and intestinal mucosa integrity. *Poult. Sci.*, 92. 1564–1571.
- Turhollow, A. – Webb, E. – Downing, M. (2010): Review of sorghum production practices: Applications for bioenergy. Oak Ridge National Laboratory, USA.
- Wu, Y. B. – Ravindran, V. – Hendricks, W. H. (2004): Influence of exogenous enzyme supplementation on energy utilisation and nutrient digestibility of cereals for broilers. *J. Sci. Food Agric.*, 84. 1817–1822.

Érkezett: 2023. június

Szerzők címe: Tóth, A. – Husvéth, F. – Tóth, Z.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Georgikon Campus

Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Georgikon Campus
H-8360 Keszthely, Deák F. u. 16.
tothariel96@gmail.com

PRECÍZIÓS NEMESÍTÉSI ELJÁRÁSOK ALKALMAZÁSA A FENNTARTHATÓ ÉS FELELŐS ÁLLATTENYÉSZTÉS ELŐSEGÍTÉSÉRE

LÁZÁR BENCE - GÓCZA ELEN

ÖSSZEFOGLALÁS

Az állattenyésztés célja többek között a háziállatok szelektív keresztezésével a betegségekkel szembeni rezisztenciával, jobb termékenységgel, hosszú élettartammal rendelkező, a takarmányforrásokat jobban felhasználó tenyészállatok létrehozása. Az új generációs genomszerkesztési eljárások lehetővé teszik a célzott szelekciót és a szelekciós idő lerövidítését. A precíziós genomszerkesztési technikák, mint a cink-ujj nukleázok, a TALEN és a CRISPR/Cas9 segítségével pontosan tervezhető a génszerkesztés helye, és jóval hatékonyabban lehet célzott genetikai változtatásokat létrehozni, mint a hagyományos génmódosítási eljárásokkal. Haszonállatok esetén is ezek a módszerek a legelterjedtebbek, ha a cél specifikus genomi módosítások létrehozása. A genomszerkesztés területén azonban számos technológiai, etikai és jogalkotási kérdés is felvetődik. Ahhoz, hogy ezt az új technológiát aggályok nélkül lehessen alkalmazni és az Európai Unió jogi környezetben is változás következhesen be, elengedhetetlen a genomeditálási technológiák további alapos vizsgálata és tökéletesítése, valamint a folyamatos és hatékony párbeszéd is. Jelen munkában jellemezzük a precíziós nemesítés során alkalmazott módszereket, áttekintjük a technológia helyét napjaink állattenyésztésében és példákkal szemléltetjük a felhasználási módokat, lehetőségeket.

SUMMARY

Lázár, B. – Góczy, E.: THE USE OF PRECISION BREEDING TECHNIQUES TO PROMOTE SUSTAINABLE AND RESPONSIBLE LIVESTOCK PRODUCTION

The aim of animal husbandry is to produce animals with improved disease resistance, fertility, longevity and better use of feed resources by selective cross-breeding. New genome editing techniques allow targeted selection and shorter selection times. Methods such as zinc finger nucleases, TALEN and CRISPR/Cas9 can be used to precisely plan the location of gene editing and to create targeted genetic changes much more efficiently than conventional gene-editing techniques. These methods are also the most widely used in farm animals when the aim is to create specific genomic modifications. However, a number of technological, ethical and legislative issues arise in the field of genome editing. In order to ensure that this new technology can be used without concern and that the legal environment in the European Union changes, further thorough investigation and refinement of genome editing technologies is essential, as is a continuous and effective dialogue. In this paper, we describe the methods used in precision breeding, review the place of the technology in today's livestock production and illustrate its uses and potential with examples.

BEVEZETÉS

Az CRISPR/Cas9 rendszeren alapuló genomszerkesztési módszerek fejlesztése forradalmasította a precíziós nemesítés területét, és lehetővé tette a haszonállatok genomjának sokkal egyszerűbb és hatékonyabb módosítását (*Urnov és mtsai, 2010; Joung és Sander, 2013; Laible és mtsai, 2015; Georges és mtsai, 2019*). A CRISPR technológiát először 2013-ban alkalmazták sikeresen emlős sejtekben (*Cong és mtsai, 2013*), majd azóta is széles körben használják különböző sejtvo-nalakban és emlős fajokban egyaránt, ideértve a haszonállatokat is. A technológia segítségével javítani tudjuk a haszonállatok termelési tulajdonságait, egészségét és jólétét, egyre fejlettebb humán betegségmodelleket tudunk létrehozni, valamint termeltethetünk gyógyszerfehérjéket is az így létrehozott állatokban. A módszer jelentőségét jól mutatja, hogy csupán 8 évvel a kifejlesztése után 2020-ban *Jennifer Doudna* és *Emmanuelle Charpentier* kémiai Nobel-díjat kaptak érte.

A precíziós genomszerkesztési technikák, mint a cink-ujj nukleázok (ZFN, *Zinc Finger Nucleases*), transzkripció aktivátor-szerű effektor nukleázok (TALEN, *Transcription Activator-Like Effector Nucleases*) és a halmazottan előforduló, szabályos közökkel elválasztott palindromikus ismétlődések (CRISPR, *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*) segítségével pontosan tervezhető a génszerkesztés helye, és jóval hatékonyabban lehet célzott genetikai változta-tásokat létrehozni, mint a hagyományos génmódosítási eljárásokkal. Az utóbbi években a CRISPR-alapú genomszerkesztés hatékonyságát sikerült megnövelni, így napjainkban a technológia lehetővé teszi akár többszörös módosítások egy-szerre történő elvégzését is (*Georges és mtsai, 2019*). Haszonállatok esetén is ez a módszer a legelterjedtebb, ha a cél specifikus genomi módosítások létrehozása.

A témát kísérő kitüntetett figyelemnek és az alkalmazásokban rejlő nagy le-hetőségeknek köszönhetően a befektetők világszerte támogatják a technológia fejlesztését, így az új CRISPR/Cas9-alapú eszközök listája folyamatosan bővül. A genomszerkesztés területén azonban számos technológiai, etikai és jogalkotási kérdés is felvetődik. Ahhoz, hogy ezt az új technológiát aggályok nélkül lehessen alkalmazni és az Európai Unió - egyelőre főként tiltó - jogi környezetben is változás következhesse be, elengedhetetlen a genomeditálási technológiák további ala-pos vizsgálata és tökéletesítése, valamint a folyamatos és hatékony párbeszéd is.

KEZDETI LÉPÉSEK

Az 1970-es években a *restrikciós endonuklázok* megjelenése jelentette az első mérföldkövet a DNS szerkesztésében. Ezek az enzimek 4-8 bázispár hosszúságú szekvenciákat ismernek fel, így nem alkalmasak a teljes genom precíziós szer-kesztésre, azonban képesek rövidebb DNS szekvenciákat célzottan hasítani, így megalapozták a molekuláris klónozást (*Cohen és mtsai, 1973*).

A következő nagy horderejű felfedezés a *homológ rekombináció* (HR) célzott szekvencia bevitelre történő felhasználása volt, amelyet 1985-ben már emlős sej-tekben is sikeresen alkalmaztak (*Smithies és mtsai, 1985*). A rekombináció alapjául szolgáló kettős szálú DNS törés ebben az esetben véletlenszerűen történik meg, így a módszer hatékonysága rendkívül alacsony. További probléma, hogy sok esetben a donor DNS a genom nem célzott részeire is beépül (akár hatékonyabban, mint

a célzott részekre) (Lin és mtsai, 1985). Hátrányai ellenére lényeges lépcsőfok volt a precíziós módosítások fejlesztésében, mert először adott lehetőséget célzott génbevitelre, ezzel alapjaiban változtatva meg a genetikai kutatásokat.

SZERKESZTÉS MÓDOSÍTOTT NUKLEÁZOKKAL

A következő lépés annak az igénynek a kielégítése volt, hogy helyspecifikusan lehessen kettős szálú DNS törést előidézni, mert ez nagyban növelné a hatékonyságot. Ezt ún. *meganukleázokkal* érték el, melyek felismerő helye a restriktációs endonukleázokénál nagyobb (14-40 bázispár), így akár teljes genomokban is használhatók a specifikusabb hasításnak köszönhetően (Rouet és mtsai, 1994). Rendkívül sok meganukleáz azonosítottak, azonban kevés nukleáz rendelkezett olyan célszekvenciával, amely valóban hasznosítható volt a kívánt módosítások elvégzésére. A célszekvenciák módosítása ugyan lehetséges, de bonyolultnak és drágának bizonyult, így a módszerrel elérhető szekvenciák és élőlények száma korlátozott maradt (Rosen és mtsai, 2006; Seligman és mtsai, 2002). Ezek a természetben megtalálható nukleázok módosításával előállított endonukleázok tekinthetők a „*dizájner*” nukleázok első generációjának.

A Fokl restriktációs endonukleáz DNS-hasító doménjének és cink-ujj motívumoknak a fúziója jelentette a következő jelentős mérföldkövet. A cink-ujj motívumok DNS-kötő domének, melyek egy három bázispáros tripletet képesek felismerni. Több ilyen motívum összefűzésével szekvencia-specifikus DNS felismerés válik lehetővé. Ha ezt összekapcsoljuk a Fokl DNS-hasító doménnel *cink-ujj nukleázokat* (ZFN) kapunk (Kim és mtsai, 1996). A Fokl nukleázok működéséhez a dimerizáció elengedhetetlen, így a DNS minkét szálára a megfelelő távolságban ZFN-ek tervezése szükséges. Ha megtörténik a dimerizáció a nukleáz képes kettős szálú DNS törést előidézni. A cink-ujj nukleázok elterjedése és folyamatos fejlesztése a korábbiakhoz képest jóval több szekvencia megcélzását és ezáltal precíz módosítások elvégzését tette lehetővé. Mindazonáltal a ZFN-ek áttervezése új célszekvenciára drága és meglehetősen komplikált folyamat. A hatékony működés minden esetben optimalizációs lépéseket is igényelt, illetve a cink-ujj domének szekvencia specifitása attól is függ, hogy milyenek a szomszédos domének, ezzel tovább bonyolítva a folyamatot.

A *Xanthomonas* növényi patogén baktériumokban felfedezett TALE fehérjék segítettek a precíziós genomszerkesztés módszertanának továbbfejlesztésében (Moscou és Bogdanove, 2009; Boch és mtsai, 2009). A TALEN (*transcription activator-like effector nuclease*, transzkripció aktivátor-szerű effektor nukleáz) megjelenésével a DNS szekvencia felismerésének pontossága fejlődött. A TALEN DNS-kötő doménje három helyett már egy nukleotid pontossággal képes a bázisok felismerésére. A ZFN-nál bemutatott módhoz hasonlóan a felismerő domének sorba kapcsolásával alakítható ki a felismerő régió, majd ezt a Fokl DNS-hasító doménjével fuzionálva egy az eddigieknél sokkal pontosabb eszközt kapunk (Miller és mtsai, 2011; Christian és mtsai, 2010). A TALEN rendszernek számos előnye volt a ZFN-nal szemben: kevesebb optimalizálásra volt szükség, csak 4 felismerő domént kell használni (a ZFN 64 felismerő doménjével szemben), a specifitás nem érzékeny a szekvencia környezetre. A technika fejlesztésével a módszer egyre hatékonyabb lett, de az alapvető nehézségeken (minden célszekvencia esetében

új fehérjét kell létrehozni, amit ráadásul bázisonként kell összerakni) nem lehetett változtatni, így a technika forrás- és munkaigényes maradt.

A CRISPR/CAS9 RENDSZER

1987-ben Ishino és *mtsai* fedeztek fel furcsa ismétlődő szekvenciákat az *Escherichia coli* baktérium genomjában, azonban a funkciójukra még sokáig nem sikerült fényt deríteni. Ugyan a szekvenciákat más baktériumokban is megtalálták, de sokáig az elfogadott állaspont az volt, hogy csupán „junk”, funkció nélküli DNS-ről van szó (*Ishino és mtsai*, 1987). Jóval később 2005-ben sikerült bizonyítani, hogy az ismétlődések között található szekvenciák („*spacer*ek”) a virális genomokkal mutatnak nagyfokú egyezést (*Mojica és mtsai*, 2005; *Bolotin és mtsai*, 2005), és azt is feltételezték, hogy egyfajta vírusokkal szembeni védekező mechanizmus lehet a szerepük (*Makarova és mtsai*, 2006). Pár évvel később ezt sikerült bizonyítani is, illetve egyre részletesebben leírták a bakteriális „immunrendszer” elemeit és működését (*Barrangou és mtsai*, 2007; *Marraffini és Sontheimer*, 2008; *Brouns és mtsai*, 2008; *Garneau és mtsai*, 2010; *Deltcheva és mtsai*, 2011). Összefoglalva: az immunizáció fázisában a virális genomból rövid szakaszok épülnek be a bakteriális genom CRISPR lókuszának ismétlései közé a Cas (CRISPR asszociált fehérje 9) enzimek működésének következtében. Érdekesség, hogy a virális genomszakaszok beépülése időrendben történik, így a lókusz vizsgálatával az is feltárható, hogy a baktérium mikor és milyen vírussal találkozott. Ha ezek után ismételt vírusfertőzés zajlik, fokozódik a Cas fehérjék, a *tracr*RNS-ek (transz-aktiváló CRISPR RNS) és a *pre-cr*RNS-ek átíródása. Utóbbi feldarabolódik és érett *cr*RNS-ek képződnek belőle. Ezt követően a Cas komplexet képez a *tracr*- és *cr*RNS-ekkel, mely komplex már szekvencia specifikusan tud kötődni a virális DNS-hez és elhasítja azt. Látható, hogy a rendszer egyfajta immunmemóriaként működik és további előnye, hogy örökíthető védelmet biztosít a baktérium utódsejtjei számára is.

2012-ben sikerült bizonyítani, hogy a rendszer effektor fehérjei *in vitro* körülmények között is képesek a DNS hasításra, továbbá lehetséges *cr*RNS spacer szakaszát módosítani, így tetszőleges DNS szekvencia felismerhető és elhasítható (*Jinek és mtsai*, 2012; *Gasiunas és mtsai*, 2012). A rendszer segítségével sikeresen módosították emlős sejtek és állatok genomját is (*Cong és mtsai*, 2013; *Mali és mtsai*, 2013; *Jinek és mtsai*, 2013). A könnyebb alkalmazhatóság kedvéért a *tracr*- és *cr*RNS-eket összekapcsolták egy kovalens kötéssel, ezt a komplexet *guide*RNS-nek (*gRNS*) hívjuk. Ezekkel az eredményekkel a kutatók CRISPR/Cas9 rendszer alapjait fektették le és megnyitották az utat a következő évtized fejlesztései előtt. A korábban bemutatott fehérje-DNS kölcsönhatáson alapuló módszerekkel (meganukleáz, ZFN, TALEN) szemben a CRISPR/Cas9 nagy előnye, hogy a szekvencia felismerés RNS-DNS interakción alapul, továbbá csak a *gRNS*-en található *spacer* szekvencia (20 bázis) módosítása szükséges az új célszekvencia kiválasztásához (nincs szükség fehérjemérnökségre). Tehát a korábbi technikákhoz hasonlítva nagyon gyorsan és relatíve olcsón hozhatók létre expressziós konstrukciók, ennek köszönhetően a rendszer rövid idő alatt és széles körben terjedt el számos kutatási területen.

A célzott genommodosítás során a CRISPR/Cas9 rendszer Cas9 fehérjeje tehát szekvencia-specifikus kettős szálú DNS törést idéz elő. A törés javítása során

történhet meg a kívánt módosítás, mely alapvetően két úton valósulhat meg: nem homológ végek összekapcsolása (*Non-Homologous End Joining*, NHEJ) és homológia irányított rekombináció (*Homology-Directed Repair*, HDR) (1. ábra).

A NHEJ esetében hibajavító enzimek végzik a DNS szálak összekapcsolását, mely során az enzim hibázhat, ezzel inszerciókat vagy deléciókat hozva létre. Ha a javítás során nem történik hiba, akkor az adott DNS szakasz újból szubsztrátja lesz a Cas9-gRNS komplexnek, így a vágás és javítás újra megtörténhet, ezzel újabb lehetőséget kínálva a hibázásra. Ezt a módszert gének kiütésére lehet felhasználni, hiszen a hibás javítás eredményeként a leolvasási keret eltolódhat, illetve korai STOP kódon alakulhat ki, így a fehérjék funkció veszte következik be (*Cong és mtsai*, 2013; *Mali és mtsai*, 2013; *Jinek és mtsai*, 2013) (1. ábra).

A HDR során egy másik jelenséget használunk ki: a kettős szálú DNS törés javítása a testvérkromatida homológ információ tartalma alapján történik. Ha a rendszerhez főlegben adunk homológ donor DNS szekvenciát, akkor bizonyos esetekben a javítás a testvérkromatidát imitáló donor DNS szekvenciáról történik meg, így beépítve a homológ karok által közrefogott szekvenciát (*Li és mtsai*, 2013). (1. ábra) Egy alternatív felhasználás során a Cas9 hasító képességét kikapcsoljuk (dCas9), így hasítás helyett más fehérjéket (transzkripció aktivátor vagy represszor) irányíthatunk a célszekvenciához ezzel növelve vagy csökkentve a gén expresszióját (*Perez-Pinera és mtsai*, 2013; *Gilbert és mtsai*, 2013). A rendszer alkalmas továbbá epigenetikai módosítások elvégzésére (*Hilton és mtsai*, 2015; *Kwon és mtsai*, 2017; *Kearns és mtsai*, 2015) és fluoreszcens markerek elhelyezésére is (*Ma és mtsai*, 2015; *Knight és mtsai*, 2015).

Az utóbbi években CRISPR/Cas9 rendszerre alapozva jelent meg a „*base-editing*” technika, mely során egy bázis cseréje lehetséges rendkívül nagy pontossággal. Egy nikáz Cas9 (nCas9) és egy citozin- vagy adenin-deamináz fúziójából álló komplex végzi a cserét a C-ről T-re vagy A-ról G-re (*Komor és mtsai*, 2016; *Gaudelli és mtsai*, 2017). Ennek továbbfejlesztése a „*prime-editing*” módszer, ebben az esetben már minden bázis cseréje lehetséges kettős szálú DNS törés nélkül. A rendszer egy nikáz Cas9 és egy reverz-transzkriptáz együtteséből áll (*Anzalone és mtsai*, 2019).

A MATE Állatbiotechnológia tanszékének *mtsai* is hatékonyan alkalmazza az új genomeditálási módszereket egéren (*Pálinkás és mtsai*, 2019), illetve nyúlón (*Petheő és mtsai*, 2021; *Hornyik és mtsai*, 2020; *Pintér és mtsai*, 2020).

A különböző technikák főbb jellemzőit, illetve előnyeiket és hátrányaikat az 1. táblázatban foglaltuk össze.

A PRECÍZIÓS GENOMSZERKESZTÉS HELYZETE AZ ÁLLATTENYÉSZTÉSBEN

A világ növekvő népességének élelmezése érdekében a mezőgazdaság termelékenységének növekedni kell, ezzel párhuzamosan szükségszerű lenne minél fenntarthatóbb módon megvalósítani azt. Ebben a genomeditált haszonállatoknak nagy szerepe lehet, azonban az így előállított állatok és a belőlük készült állati termékek ellenőrzése továbbra is kidolgozatlan. A technológiai áttörések eredményeként a múltban a transzgénikus állatok ellenőrzésére létrehozott szabályozások elavultak és a jelek szerint már nem megfelelőek az új technológiák esetében (*Liu és mtsai*, 2022).

1. ábra: A CRISPR/Cas9 rendszeren alapuló genomszerkesztés módjai
 Jiang és Doudna (2017) alapján szerkesztve

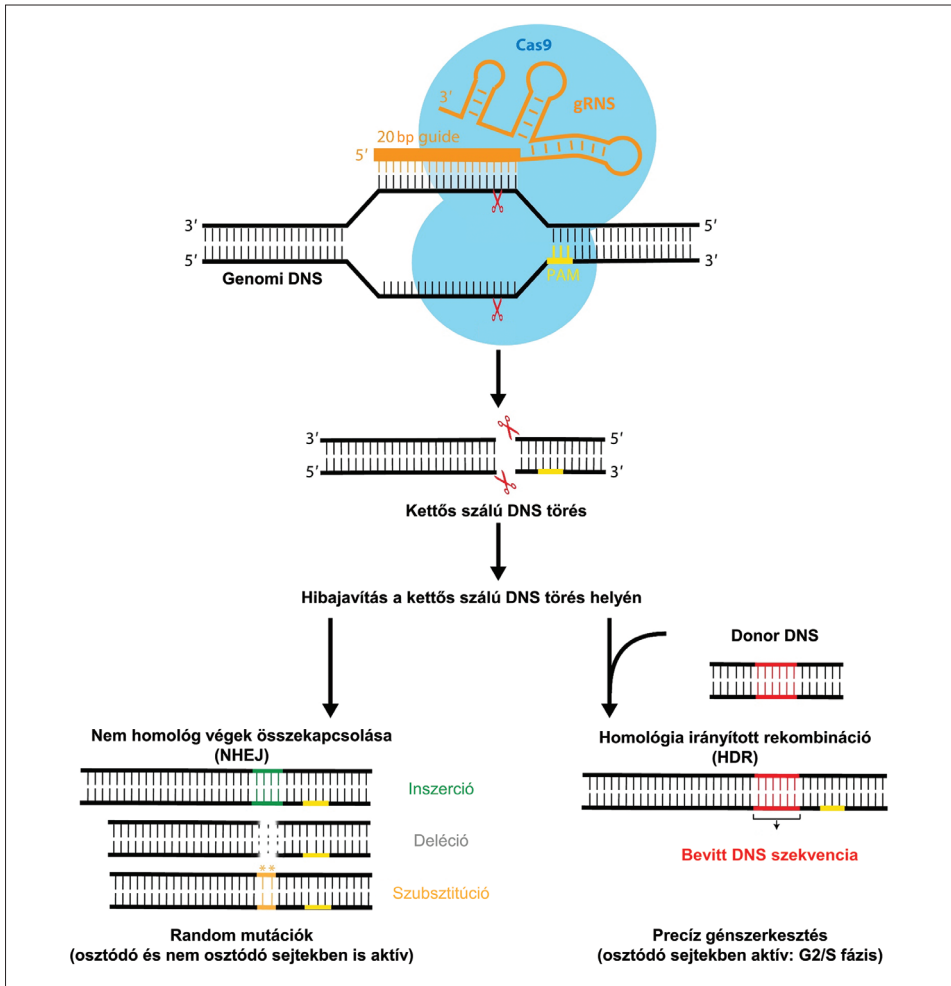


Figure 1. Types of genome editing based on the CRISPR/Cas9 system

Az ember már régóta törekszik az állatok szelektív tenyésztésére. Őseink pl. a temperamentum alapján válogatták az egyedeket, hogy a fogságban való szaporításra alkalmasabbak legyenek. Ma már léteznek olyan technológiák, amelyek lehetővé teszik a mutációk célzott bevitelét, ami nagyobb genetikai változatosságot biztosít az állattenyésztők számára. Bár a kutatói közösség néhány mezőgazdasági alkalmazást már megvalósított, ezek nem kerülhettek át a termelésbe részben a közvélekedés, részben a szabályozások következtében. Úgy tűnik, hogy az új generációs precíziós nemesítési technológiák megjelenésével és fejlődésével enyhülni látszik az eddigi szabályozást jellemző teljes elutasítás.

Világszinten az állattenyésztés számos ágazata, többek között a sertésekkel,

1. táblázat

A precíziós genomszerkesztési módszerek összehasonlítása

Wang és mtsai (2022) alapján szerkesztve

Módszer	Célszekvencia felismerése	Célszekvencia hossza	Előnyök	Hátrányok
cink-ujj nukleázok	cink-ujj fehérje (fehérje-DNS interakció)	monomer: 9-18 bp, pár: 18-36 bp	Első módszer a célzott módosításra	Drága és bonyolult tervezés és létrehozás, fehérjemérnökséget igényel, nem elég hatékony, limitált célszekvencia
TALEN	TALE fehérje (fehérje-DNS interakció)	monomer: 14-20 bp, pár: 28-40 bp	Célszekvencia rugalmasan módosítható, kevés off-target vágás	Az egységek összeállítása komplex molekuláris biológiai módszereket igényel, citotoxicitás, nagy méret miatt nehéz sejtbe juttatás
CRISPR/Cas9	guide RNS (RNS-DNS interakció)	20 bp guide + PAM szekvencia	Olcsó, egyszerűen tervezhető, multiplex módosítás lehetősége	Gyakoribb off-target vágás, homológ rekombináció hatékonysága alacsony

Table 1. Comparison of precision genome editing methods

szarvasmarhákcal és baromfival foglalkozók is nyitnak a technológia felé, igaz egyelőre leginkább az akadémiai közösséggel való együttműködés révén. Remélhetőleg a genomszerkesztett haszonállatok (*Fahrenkrug és mtsai, 2010*), amelyek nem tartalmaznak transzgéneket, idővel utat találnak majd a szabályozási rendszeren keresztül.

Erre kezdeti példákat már találhatunk a világban. Az Egyesült Államok Élelmiszer- és Gyógyszerügyi Hivatala (FDA) 2020-ban engedélyezte a GalSafe™ sertések orvosi és élelmiszeripari felhasználását, így a világon ez az első olyan genommodosított haszonállat, amelyet orvosi alkalmazásokra és emberi fogyasztásra is alkalmasnak ítélték (*U.S. Food and Drug Administration: FDA Approves First-of-Its-Kind Intentional Genomic Alteration in Line of Domestic Pigs for Both Human Food, Potential Therapeutic Uses 2020*). Később 2022-ben az FDA bejelentette, hogy alacsony kockázatú minősítést adott két „PRLR-SLICK” genomszerkesztett húsmarhának és utódainak, beleértve a belőlük előállított termékeket is, miután megállapította, hogy a célzott genetikai módosítás nem vet fel biztonsági aggályokat. Az módosítás hagyományos tenyésztésű szarvasmarhánál is megfigyelhető rövid szőrzetet eredményez, amelyet „slick” szőrzetnek neveznek. Más országokban, mint Argentína, Ausztrália és Brazília, nem szükséges szabályozás, ha a génszerkesztett állatok nem tartalmaznak idegen DNS-t (transzgént) (*Lema, 2019; Thygesen, 2019*).

A genomszerkesztett állatokban rejlő hatalmas potenciál az első lépés lehet a súlyos környezeti és élelmiszerbiztonsági kihívások hosszú távú megoldására. A genomszerkesztési módszerek bevezetésének akadályai, beleértve a közvéleményt és a szabályozási környezetet egyelőre fennállnak, ezek a tényezők azonban változhatnak és talán már jelenleg is változóban vannak. Rendkívül fontos,

hogy a kormányok, a kutatók, a tenyésztők és a fogyasztók képesek legyenek együttműködni és hatékonyan kommunikálni. A DNS-mentes szerkesztési technikák - például a CRISPR/Cas9 rendszer és a base-editing - alkalmazása segíthet a közbizalom elnyerésében.

BETEGSÉGEKKEL SZEMBENI ELLENÁLLÓ KÉPESSÉG JAVÍTÁSA

A genomszerkesztés egyik legfontosabb alkalmazása a haszonállatoknál a kórokozókkal szembeni ellenálló képesség vagy tolerancia javítása. A haszonállatok fertőző betegségei nemcsak hatalmas gazdasági veszteségeket okoznak az állattenyésztési ágazatnak, hanem az emberi egészségre is károsak lehetnek. A betegségekkel szembeni ellenálló képesség összetett és leggyakrabban poligénes tulajdonság, így a hagyományos genetikai szelekció alkalmazása költséges, időigényes és nem elég hatékony. Ráadásul a vakcinák és antibiotikumok széles körű alkalmazása bizonyos mértékig visszavetette a betegség-rezisztencia szelekció fejlesztésének sürgősségét. A közelmúltban a genomszerkesztési technológia, különösen a CRISPR/Cas9 által létrehozott precíz módosítás nagymértékben javította a betegségekkel szemben ellenálló állatok tenyésztésének lehetőségeit és hatékonyságát.

A sertés reprodukciós zavarokkal és légzőszervi tünetekkel járó szindrómáját (PRRS, Porcine Reproductive and Respiratory syndrome) vírus okozza és minden évben jelentős károkat okoz az ágazatnak. A PRRS vírus tünetei sokrétűek lehetnek: a sertések minden korcsoportjában légzőszervi betegséget okoznak, illetve a kocákban szaporodási zavarokat is előidéznek. Kártétele azért is lehet ilyen jelentős, mert jól terjed levegő által is, továbbá fokozza más vírusok és baktériumok károsítását (*Whitworth és Prather, 2017*). 2007 óta tudjuk, hogy a vírus a CD163 receptorokon keresztül képes a fertőzésre, majd 2016-ban publikálták az első olyan eredményeket, amelyben a CRISPR/Cas9 rendszer segítségével kiűtötték a CD163-at sertésekben (*Whitworth és mtsai, 2016*). Az állatok ezt követően nem fertőződtek a vírussal, sőt sem a vírus, sem az ellene termelt antitestek sem voltak kimutathatóak. Ezt követően a világon más csoportok is reprodukálták az eredményeket, szintén pozitív eredményeket kapva (*Wells és mtsai, 2017; Yang és mtsai, 2018; Guo és mtsai, 2019*).

A tuberkulózis egy világszerte vezető egészségügyi probléma, amely egyben zoonózis is. Évente mintegy 1,5 millió ember halálát okozza. A szarvasmarha-tuberkulózis nagy veszélyt jelent az állattenyésztésre, mivel jelenleg nem áll rendelkezésre hatékony stratégia a betegség felszámolására vagy ellenőrzésére. Az egér Sp110 fehérje (Sp110) expressziója fokozza a makrofágok apoptózisát a *Mycobacterium tuberculosis* fertőzésre adott válaszként, és segíti a gazdaszervezet tuberkulózissal szembeni immunitását, ami ígéretes módot kínál a betegség elleni védekezésre. Wu és *mtsai* sikeresen alkalmazták a TALEN technológiát az egér SP110 génjének a holstein-fríz szarvasmarha genomjába történő beillesztésére. Az gén bejuttatása révén a transzgenikus szarvasmarhák fokozott immunválaszt mutattak a tuberkulózis fertőzéssel szemben (*Wu és mtsai, 2015*).

Házityúk esetében több vírus is jelentős károkat okoz világszerte. Az madár-leukózis vírus (AVL, *Avian leukosis virus*) egy retrovírus és általában hosszú lapangási idő után lymphoid daganatokat okoz. Igazolták, hogy a chNHE1 receptor

(Na⁺/H⁺ exchanger isoform 1) felel az AVL vírus bejutásáért és a CRISPR/Cas9 rendszer segítségével sikerült homozigtóta chNHE1 génkiütött állatokat létrehozni, amelyek rezisztensnek bizonyultak a betegséggel szemben (*Koslová és mtsai, 2020*). Egy másik jelentős vírus a madárinfluenza vírusa (AIV, Avian influenza virus), mely az ortomixovírusok közé tartozik és szintén hatalmas károkat okoz a baromfi ágazatnak. A CRISPR/Cas9 segítségével sikerült azonosítani és módosítani a chANP32A gént (házityúk Acidic (Leucine-rich) Nuclear Phosphoprotein 32 Family, Member A), melynek következtében jelentősen csökkent a sejtekben a vírus replikáció (*Park és mtsai, 2021*).

Az említett példák alapján látható, hogy a precíziós génszerkesztés módszerei egy új stratégiát kínálnak az állatállomány betegségekkel szembeni ellenálló-képességének, valamint egészségének javítására.

TERMELÉSI PARAMÉTEREK JAVÍTÁSA

A különböző termelési paraméterek javítása és ezáltal a hatékonyság növelése szintén hozzájárulhat a globális élelmiszerbiztonság és fenntarthatóság támogatásához.

A miosztatin (MSTN), a vázizomzat tömegének negatív szabályozója (*McPherron, Lawler és Lee, 1997*) a génszerkesztés gyakori célpontja, mivel az MSTN gén kiütése (*knock-out, KO*) az állattenyésztésben az állatok izomtömeg növelésének elősegítésére kínál stratégiát. Felnőtt szövetekben a miosztatin szinte kizárólag a vázizomzatban fejeződik ki, de a zsírszövetben is kimutatható mennyiségű miosztatin RNS van jelen (*Roberts és Goetz, 2003; Lee, 2004*). A miosztatin funkcióját génkiütéses vizsgálatokkal tisztázták, amelyekben a miosztatin KO egereknél az izomrostok hiperpláziájának és hipertrofiájának kombinációja következtében a vázizomzat súlya testszerte körülbelül megduplázódik (*McPherron és mtsai, 1997*). A miosztatin gént számos különböző fajban elemezték, és szekvenciája rendkívül jól konzervált. Az MSTN természetes génmutációiról is beszámoltak néhány szarvasmarhafajtában (*Grobet és mtsai, 1997; 1998*), juhban (*Boman és mtsai, 2009*), kutyában (*Mosher és mtsai, 2007*) és emberben (*Schuelke és mtsai, 2004*). Ezek az állatok kettős izomtömegű fenotípust mutatnak, drámaian megnövekedett izomtömeggel, ennek ellenére életképesek és termékenyek. Az MSTN gén génszerkesztéssel történő sikeres gátlásáról számoltak be juh, kecske és sertés esetében, ami az állatok növekedési teljesítményének fokozásához vezetett (*Han és mtsai, 2014; Ni és mtsai, 2014; Wang és mtsai, 2015*).

Egyes vizsgálatokban egyszerre két vagy három gént céloztak meg, ami kettős vagy hármas gén KO-hoz vezetett. Wang és *mtsai* például a CRISPR/Cas9 rendszer segítségével MSTN és FGF5 KO kecskéket állítottak elő a hústermelés és a kasmírhozam javítása érdekében (*Wang és mtsai, 2015*). A fibroblaszt növekedési faktor 5 (FGF5) egy olyan fehérje, amely a szőrnövekedést gátolja a dermális papilla sejtek aktiválódásának blokkolásával. Ez a gén áll az angóra fenotípus (hosszú szőrzet) hátterében. Az MSTN és az FGF5 kiütésének hatékonysága 15%, illetve 21% volt, és az állatok 10%-ánál kettős génkiütés volt tapasztalható.

A tehéntej tápanyagokban gazdag, és az anyatej mellett ideális alternatív tejforrásként szolgál a csecsemők számára. Mivel azonban a csecsemők emésztő-rendszere még nem eléggé fejlett, a tehéntejben lévő emésztetlen β -laktoglobulin

(BLG) felszívódhat és a csecsemők immunrendszere kórokozóként azonosítja, ami tejallergiát eredményezhet. Yu és *mtsai* (2011) a BLG génkiütött tehenet állítottak elő, ZFN technikával a BLG antigenitásának és immunogenitásának csökkentése érdekében (Yu és *mtsai*, 2011). Ugyanezen célból Zhou és *mtsai* (2017) a CRISPR/Cas9 rendszer segítségével sikeresen hoztak létre BLG génkiütött kecskéket, amelyeknél a BLG expressziója jelentősen alacsonyabb volt az emlőmirigyekben, mint a vad típusú kecskéknél. Ezek a vizsgálatok alternatív módszert kínálnak a tejallergia csökkentésére (Zhou és *mtsai*, 2017).

AZ ÁLLATOK JÓLÉTÉNEK JAVÍTÁSA

A modern állattartásban a szarvasmarhák napi kezelése nagy sérülésveszélyt jelent egymás és a gazdák számára is. A szarvtalanítás stresszel és fájdalommal jár a borjak számára, így állattóléti szempontból megkérdőjelezhető. A legtöbb húsmarha esetében ismertek a szarvaltságot okozó, természetben előforduló változatok. Egy angus tehen genomjából izolálták ezt a gén variánst, és CRISPR/Cas12a rendszerrel integrálták egy Holstein-fríz bikából alapított fibroblaszt tenyészet sejtjeibe. A módosított fibroblaszt sejtek szolgáltak donorsejtként a szomatikus sejtmagtranszferhez, és az így létrehozott embriókat recipiensekbe ültették át. A szarvtalanságot embrionális korban és egy utódon is sikerült igazolni (Schuster és *mtsai*, 2020).

Bármilyen állatokat érintő területen fontos, hogy minél hatékonyabban állíthassuk elő a kívánt egyedeket, vagy állományt. A genomszerkesztési vizsgálatok során is cél, hogy a módosítást hordozó egyedek létrehozása minél kevesebb kísérleti állat felhasználásával valósuljon meg, így igazodva a 3R szabály alapelveihez.

Házityúkok esetében az embrióból izolálható és *in vitro* tenyészetben hosszú távon sejtvonalként fenntartható (Whyte és *mtsai*, 2015) ősvarsejtek (*primordial germ cells*, PGC) a génmegőrzés legfontosabb sejtjei (Lázár és *mtsai*, 2021). Ezen felül a madár genom szerkesztésének is legkorszerűbb módszere az ősvarsejtek módosítása, majd visszaültetése recipiens embriókba, így hozva létre ivarszervi kimerákat, majd belőlük genomeditált egyedeket (2. ábra/A, B) (Ballantyne és *mtsai*, 2021). A visszaültetéshez steril egyedek lennének a legalkalmasabbak, hiszen így nem lenne kompetíció a donor és recipiens ősvarsejtek között az érett ivarsejtek kialakításában. Ez a kompetíció adja az ősvarsejteken alapuló módszer egyik fő kihívását is: jelenleg a kompetíció következtében a technika hatékonysága alacsony, így a genomszerkesztett egyedek létrehozása során szükséges a nem genomszerkesztett utódok százainak szaporítása is. A módszer hatékonyságának növelése érdekében az endogén ősvarsejtek számát busulfánnal és γ -sugárázással is lehet csökkenteni, azonban ezek a módszerek gyakran az embrió pusztulásához vagy abnormális fenotípushoz vezetnek (Nakamura és *mtsai*, 2010, 2012).

A precíziós genomszerkesztés azonban használható olyan módosítások létrehozására, amelyekkel az endogén ősvarsejtek eltávolíthatók, így a recipiens egyed spermium- vagy petesejt-mentessé tehető (steril recipiens). A közelmúltban két megközelítés is született a steril házityúk recipiensek előállítására: a DDX4 (*DEAD-Box helikáz 4*) ivarsejt-specifikus gén TALEN-mediált kiütésével a nőivar sterilizálását érték el, míg egy másik vizsgálat során a CRISPR/Cas9 rendszert alkalmazták egy indukálható konstrukció bevitelére, amely steril kakasokat és tyúkokat eredménye-

zett. Az általuk létrehozott állományban az ősvarsejtek apoptózisa kémiai úton indukálható, így állítva elő steril embriókat, ezzel jelentősen növelve a donor ősvarsejtek ivarszervbe történő integrációjának hatékonyságát. Az alkalmazott indukálható konstrukció a mitokondriális intrinszik iniciátor kaszpáz (kaspáz-9) dimerizációja, és ezen keresztül „kivégző” kaszpázok (kaspáz-3, -7) aktivációja révén indítja el a sejtek apoptózisát. A konstrukciót a DAZL gén (*Deleted In Azoospermia Like*) utolsó exonjának 3' végébe építették be. A DAZL gén a csíravonal sejteire specifikus, így az indukálható sejthalál is csak az ősvarsejteket érinti. Mindkét modellben csak a donor eredetű ősvarsejtekből képződtek érett ivarsejtek (Taylor és mtsai, 2017; Woodcock és mtsai, 2019; Ballantyne és mtsai, 2021), így donor sejteket hordozó G0 steril recipiens kakasok és tyúkok közvetlen keresztezése egy generáció alatt tisztá genomszerkesztett utódok létrehozásához vezetett.

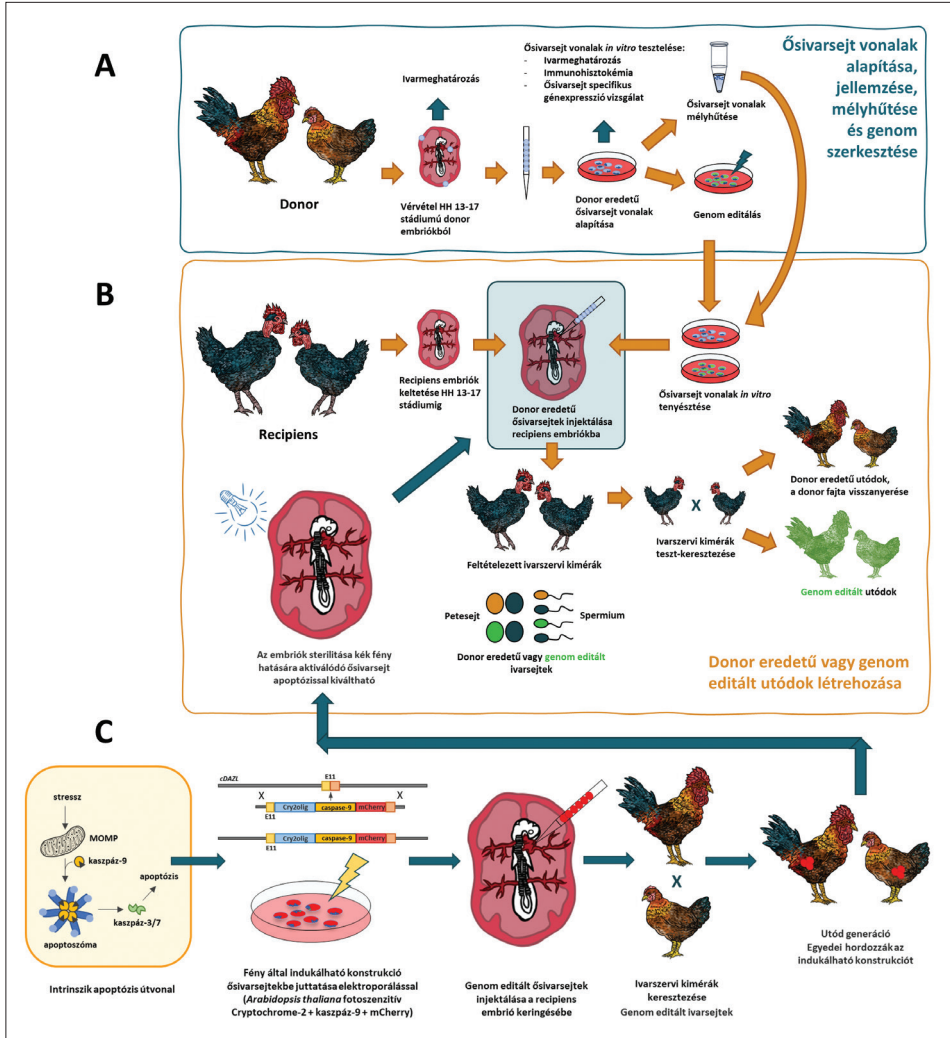
A fenti indukálható módszer kémiai ágenst használ szignálként, azonban a fény által szabályozható folyamatnak számos előnye lenne: gyorsabb és egyszerűbb szignál átadás, precízen kontrollálható inger intenzitás és időtartam, továbbá szükség esetén térben is behatárolható indukció. Humán és egér sejtvonalak, valamint zebrahal esetében már kidolgozták a fényindukciót hasznosító apoptózis módszerét (Shkarina és mtsai, 2022). A konstrukció az *Arabidopsis thaliana* egy fotoszenzitív fehérjéjén a Cryptochrome-2-n (Cry2olig) alapul. Kaspáz effektor domének és a Cry2olig fúziója révén olyan konstrukciókat (optoCaspase-8, -9) hoztak létre, melyek kék fény (450–488 nm) hatására a kaszpáz-8 vagy -9 iniciátor kaszpázok termelődése révén képesek aktiválni a 'kivégző' kaszpázokat és ezen keresztül elindítani a sejtek apoptózisát.

A Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Genetika és Biotechnológia Intézetében jelenleg egy olyan konstrukció kifejlesztésén dolgozunk házityúk ősvarsejt vonalakban, mellyel fényindukció segítségével sejtspecifikusan szabályozhatjuk a cél gének működését (Lázár és mtsai, 2023)(2. ábra/C). A házityúk sejtekben már működő kémiai indukció és a humán, egér, valamint zebrahal esetében leírt fényindukció során alkalmazott konstrukciók ötvözésével egy házityúkból is hatékony optogenetikai eszköz fejleszthető ki. A végcél egy a módosítást hordozó indukálhatóan steril állomány, mely hagyományos tenyésztéssel is fenntartható, hiszen, ha az embriók nem kapják meg a speciális fény ingert, az ősvarsejtek fejlődése és vándorlása is zavartalan. Egy ilyen állomány minden további gén-szerkesztett házityúkmodell létrehozáskor nagymértékben növelné az előállítás hatékonyságát. Ennek köszönhetően a genomeditált madarak előállítás kevesebb állat felhasználásával történhet, ezzel támogatva a 3R elveket, továbbá nagyon jól alkalmazható a baromfi fajták vagy veszélyeztetett fajok génbanki megőrzését célzó projektekben is.

KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

Végül szeretnénk felhívni a figyelmet arra, hogy a géntechnológiával módosított állatok és növények társadalmi vitájában kiemelkedő szerepének kell lennie a tudományos tényeknek. A géntechnológia elfogadottságának elősegítésében kulcsfontosságú a tudományos ismeretterjesztés is. Az új tudományos eredmények fényében javasolt rendszeresen felülvizsgálni a magyar törvényhozás géntechnológiával kapcsolatos döntéseit.

2. ábra Az ősvarsejt alapú ivarszeri kiméra technika és genomszerkesztés házi tyúkban



A = A donor embrió eredetű ősvarsejt vonalak alapítása, *in vitro* tenyésztése, karakterizálása, mélyhűtése és genomszerkesztése. B = A donor eredetű vagy genomszerkesztett ősvarsejtek bejuttatása a recipiens embrióba, így ivarszeri kimérákat hozva létre. Az ivarszeri kimérák keresztezésével visszanyerhető a donor genotípus, vagy a kívánt módosítást hordozó egyedek állíthatók elő. Ha az ősvarsejtek apoptózisa indukálható a recipiens embrióban (steril egyedek), akkor nem lesz kompetíció az injektált és endogén ősvarsejtek között így a rendszer sokkal hatékonyabb lesz. C = A fény által indukálható ősvarsejt apoptózist lehetővé tevő konstrukció, annak bejuttatása az ősvarsejtekbe és az így létrehozott steril recipiens állomány.

Figure 1. Primordial germ cell-based germline chimaera technique and genome editing in domestic chickens

A = Establishment, *in vitro* culture, characterization, cryopreservation, and genome editing of primordial germ cell lines of donor embryo origin. B = Injection of donor-derived or genome-engineered primordial germ cells into the recipient embryo to create germline chimaeras. By crossing the gametes, the donor genotype can be recovered or individuals carrying the desired modification can be produced. If apoptosis of the primordial germ cells can be induced in the recipient embryo (sterile individuals), there will be no competition between injected and endogenous primordial germ cells. Thus, making the system much more efficient. C = A construct that allows light-inducible primordial germ cell apoptosis, its introduction into the primordial germ cells, and the resulting sterile recipient stock.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A kutatásokat a GÉNNET21 (VEKOP-2.3.2-16 - 2016-00012), 2019-2.1.11-TÉT-2019-00036 és NKFH OTKA FK124708 azonosítójú pályázataink, továbbá az Agrár-biotechnológia és precíziós nemesítés az élelmiszerbiztonságért című és RRF-2.3.1-21-2022-00007 azonosító számú pályázat támogatták. Az Innovációs és Technológiai Minisztérium ÚNKP-22-4-II kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával készült.

IRODALOMJEGYZÉK

- Anzalone, A. V. – Randolph, P. B. – Davis, J. R. – Sousa, A. A. – Koblan, L. W. – Levy, J. M. – Chen, P. J. et al. (2019): Search-and-replace genome editing without double-strand breaks or donor DNA. *Nature*, 576. 149–157.
- Ballantyne, M. – Woodcock, M. – Doddamani, D. – Hu, T. – Taylor, L. – Hawken, R. J. – McGrew, M. J. (2021): Direct allele introgression into pure chicken breeds using sire dam surrogate (SDS) mating. *Nat. Commun.*, 12. 1–10.
- Barrangou, R. – Fremaux, C. – Deveau, H. – Richards, M. – Boyaval, P. – Moineau, S. – Romero, D. A. – Horvath, P. (2007): CRISPR provides acquired resistance against viruses in prokaryotes. *Science*, 315. 1709–1712.
- Boch, J. – Scholze, H. – Schornack, S. – Landgraf, A. – Hahn, S. – Kay, S. – Lahaye, T. – Nickstadt, A. – Bonas, U. (2009): Breaking the code of DNA binding specificity of TAL-type III effectors. *Science*, 326. 1509–1512.
- Bolotin, A. – Quinquis, B. – Sorokin, A. – Dusko Ehrlich, S. (2005): Clustered regularly interspaced short palindrome repeats (CRISPRs) have spacers of extrachromosomal origin. *Microbiology*, 151. 2551–2561.
- Boman, I. A. – Klemetsdal, G. – Blichfeldt, T. – Nafstad, O. – Våge, D. I. (2009): A frameshift mutation in the coding region of the myostatin gene (MSTN) affects carcass conformation and fatness in Norwegian White Sheep (*Ovis Aries*). *Anim. Gen.*, 40. 418–422.
- Brouns, S. J. J. – Jore, M. M. – Lundgren, M. – Westra, E. R. – Slijkhuys, R. J. H. – Snijders, A. P. L. – Dickman, M. J. – Makarova, K. S. – Koonin, E. V. – Van Der Oost, J. (2008): Small CRISPR RNAs guide antiviral defense in prokaryotes. *Science*, 321. 690–964.
- Christian, M. – Cermak, T. – Doyle, E. L. – Schmidt, C. – Zhang, F. – Hummel, A. – Bogdanove, A. J. – Voytas, D. F. (2010): Targeting DNA double-strand breaks with TAL effector nucleases. *Genetics*, 186. 757–761.
- Cohen, S. N. – Chang, A. C. Y. – Boyer, H. W. – Helling, R. B. (1973): Construction of biologically functional bacterial plasmids *in vitro*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 70. 3240–3244.
- Cong, L. – Ran, F. A. – Cox, D. – Lin, S. – Barretto, R. – Habib, N. – Hsu, P. D. et al. (2013): Multiplex genome engineering using CRISPR/Cas systems. *Science*, 339. 819–823.
- Deltcheva, E. – Chylinski, K. – Sharma, C. M. – Gonzales, K. – Chao, Y. – Pirzada, Z. A. – Eckert, M. R. – Vogel, J. – Charpentier, E. (2011): CRISPR RNA maturation by trans-encoded small RNA and host factor RNase III. *Nature*, 471. 602–607.
- Fahrenkrug, S. C. – Blake, A. – Carlson, D. F. – Doran, T. – Eenennaam, V. A. – Faber, D. – Galli, C. et al. (2010): Precision genetics for complex objectives in animal agriculture. *J. Anim. Sci.*, 88. 2530–2539.
- Garneau, J. E. – Dupuis, M. È. – Villion, M. – Romero, D. A. – Barrangou, R. – Boyaval, P. – Fremaux, C. – Horvath, P. – Magadán, A. H. – Moineau, S. (2010): The CRISPR/Cas bacterial immune system cleaves bacteriophage and plasmid DNA. *Nature*, 468. 67–71.
- Gasiunas, G. – Barrangou, R. – Horvath, P. – Siksnys, V. (2012): Cas9-CrRNA ribonucleoprotein complex mediates specific DNA cleavage for adaptive immunity in bacteria. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 109. e2579–e2586.

- Gaudelli, N. M. – Komor, A. C. – Rees, H. A. – Packer, M. S. – Badran, A. H. – Bryson, D. I. – Liu, D. R. (2017): Programmable base editing of T to G C in genomic DNA without DNA cleavage. *Nature*, 551. 464–471.
- Georges, M. – Charlier, C. – Hayes, B. (2019): Harnessing genomic information for livestock improvement. *Nat. Rev. Gen.*, 20, 135–156.
- Gilbert, L. A. – Larson, M. H. – Morsut, L. – Liu, Z. – Brar, G. A. – Torres, S. E. – Stern-Ginossar, N. – Brandman, O. – Whitehead, E. H. – Doudna, J. A. – Lim, W. A. – Weissman, J. S. – Qi, L. S. (2013): CRISPR-mediated modular RNA-guided regulation of transcription in eukaryotes. *Cell.*, 154. 442–51.
- Grobet, L. – Martin, L. J. R. – Poncelet, D. – Pirottin, D. – Brouwers, B. – Riquet, J. – Schoeberlein, A. et al. (1997): A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscling phenotype in cattle. *Nat. Gen.*, 17. 71–74.
- Grobet, L. – Poncelet, D. – Royo, L. J. – Brouwers, B. – Pirottin, D. – Michaux, C. – Ménéssier, F. – Zanotti, M. – Dunner, S. – Georges, M. (1998): Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle. *Mamm. Gen.*, 9. 210–213.
- Guo, C. – Wang, M. – Zhu, Z. – He, S. – Liu, H. – Liu, X. – Shi, X. et al. (2019): Highly efficient generation of pigs harboring a partial deletion of the CD163 SRCR5 domain, which are fully resistant to porcine reproductive and respiratory syndrome virus 2 infection. *Front. Immunol.*, 10. 1846.
- Han, H. – Ma, Y. – Wang, T. – Lian, L. – Tian, X. – Hu, R. – Deng, S. et al. (2014): One-step generation of myostatin gene knockout sheep via the CRISPR/Cas9 system. *Front. Agric. Sci. Eng.*, 1. 2–5.
- Hilton, I. B. – D’Ippolito, A. M. – Vockley, C. M. – Thakore, P. I. – Crawford, G. E. – Reddy, T. E. – Gersbach, C. A. (2015): Epigenome editing by a CRISPR-Cas9-based acetyltransferase activates genes from promoters and enhancers. *Nat. Biotech.*, 33. 510–517.
- Hornyik, T. – Castiglione, A. – Franke, G. – Perez-Feliz, S. – Major, P. – Hiripi, L. – Koren, G. et al. (2020): Transgenic LQT2, LQT5, and LQT2-5 rabbit models with decreased repolarisation reserve for prediction of drug-induced ventricular arrhythmias. *Br. J. Pharmacol.*, 177. 3744–3759.
- Ishino, Y. – Shinagawa, H. – Makino, K. – Amemura, M. – Nakamura, A. (1987): Nucleotide sequence of the *iap* gene, responsible for alkaline phosphatase isoenzyme conversion in *Escherichia Coli*, and identification of the gene product. *J. Bacteriol.*, 169. 5429–5433.
- Jiang, F. – Doudna, J. A. (2017): CRISPR-Cas9 structures and mechanisms. *Annu. Rev. Biophys.*, 46. 505–529.
- Jinek, M. – Chylinski, K. – Fonfara, I. – Hauer, M. – Doudna, J. A. – Charpentier, E. (2012): A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science*, 337. 816–821.
- Jinek, M. – East, A. – Cheng, A. – Lin, S. – Ma, E. – Doudna, J. (2013): RNA-programmed genome editing in human cells. *eLife*, 2:e00471.
- Joung, J. K. – Sander, J. D. (2013): TALENs: A widely applicable technology for targeted genome editing. *Nat. Rev. Mol. Cell. Biol.*, 14. 49–55.
- Kearns, N. A. – Pham, H. – Tabak, B. – Genga, R. M. – Silverstein, N. J. – Garber, M. – Maehr, R. (2015): Functional annotation of native enhancers with a Cas9-histone demethylase fusion. *Nat. Methods*, 12. 401–403.
- Kim, Y. G. – Cha, J. – Chandrasegaran, S. (1996): Hybrid restriction enzymes: zinc finger fusions to *fok I* cleavage domain. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 93. 1156–1160.
- Knight, S. C. – Xie, L. – Deng, W. – Guglielmi, B. – Witkowsky, L. B. – Bosanac, L. – Zhang, E. T. et al. (2015): Dynamics of CRISPR-Cas9 genome interrogation in living cells. *Science*, 350. 823–826.
- Komor, A. C. – Kim, Y. B. – Packer, M. S. – Zuris, J. A. – Liu, D. R. (2016): Programmable editing of a target base in genomic DNA without double-stranded DNA cleavage. *Nature* 533. 420–424.
- Koslová, A. – Trefil, P. – Mucksová, J. – Reinišová, M. – Plachý, J. – Kalina, J. – Kučerová, D. et al. (2020): Precise CRISPR/Cas9 editing of the NHE1 gene renders chickens resistant to the J subgroup of avian leukosis virus. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 117. 2108–2112.

- Kwon, D. Y. – Zhao, Y. T. – Lamonica, J. M. – Zhou, Z. (2017): Locus-specific histone deacetylation using a synthetic CRISPR-Cas9-based HDAC. *Nat. Commun.*, 8. 15315.
- Laible, G. – Wei, J. – Wagner, S. (2015): Improving livestock for agriculture - technological progress from random transgenesis to precision genome editing heralds a new era. *Biotechnol. J.*, 10. 109–120.
- Lázár, B. – Molnár, M. – Sztán, N. – Végi, B. – Drobnyák, Á. – Tóth, R. – Tokodyné Szabadi, N. – McGrew, M. J. – Gócza, E. – Patakiné Várkonyi, E. (2021): Successful cryopreservation and regeneration of a partridge colored Hungarian native chicken breed using primordial germ cells. *Poult. Sci.*, 100. 101207.
- Lázár, B. – Tóth, R. – Hoffmann, O. I. – Ecker, A. – Urbán, M. – Tokodyné Szabadi, N. – Salinas Aponte, M. T. – Várkonyi, E. – Gócza, E. (2023): Optogenetic approach for creating inducible apoptosis in avian primordial germ cells. In: *Hungarian molecular life sciences 2023 - Book of abstracts*. Edit: Virág, L. – Buday, L. – Juhász, G. – Lontay, B. – Mihály, J. – Sinka, R. – Szakáts, G. – Varga, A. Diamond Congress Ltd., Conference Secretariat, Eger, Hungary
- Lee, S. J. (2004): Regulation of muscle mass by myostatin. *Annu. Rev. Cell Dev. Biol.*, 20. 61–86.
- Lema, M. A. (2019): Regulatory aspects of gene editing in Argentina. *Transgenic Res.*, 28. 147–150.
- Li, J. F. – Norville, J. E. – Aach, J. – McCormack, M. – Zhang, D. – Bush, J. – Church, G. M. – Sheen, J. (2013): Multiplex and homologous recombination-mediated genome editing in *Arabidopsis* and *Nicotiana benthamiana* using guide RNA and Cas9. *Nat. Biotech.*, 31. 688–691.
- Lin, F. L. – Sperle, K. – Sternberg, N. (1985): Recombination in mouse L cells between DNA introduced into cells and homologous chromosomal sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 82. 1391–1395.
- Liu, Z. – Wu, T. – Xiang, G. – Wang, H. – Wang, B. – Feng, Z. – Mu, Y. – Li, K. (2022): Enhancing animal disease resistance, production efficiency, and welfare through precise genome editing. *Int. J. Mol. Sci.*, 23. 7331.
- Ma, H. – Naseri, A. – Reyes-Gutierrez, P. – Wolfe, S. A. – Zhang, S. – Pederson, T. (2015): Multicolor CRISPR labeling of chromosomal loci in human cells. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 112. 3002–3007.
- Makarova, K. S. – Grishin, N. V. – Shabalina, S. A. – Wolf, Y. I. – Koonin, E. V. (2006): A Putative RNA-interference-based immune system in prokaryotes: Computational analysis of the predicted enzymatic machinery, functional analogies with eukaryotic RNAi, and hypothetical mechanisms of action. *Biol. Direct.*, 1. 7.
- Mali, P. – Yang, L. – Esvelt, K. M. – Aach, J. – Guell, M. – DiCarlo, J. E. – Norville, J. E. – Church, G. M. (2013): RNA-guided human genome engineering via Cas9. *Science*, 339. 823–826.
- Marraffini, L. A. – Sontheimer, E. J. (2008): CRISPR interference limits horizontal gene transfer in *Staphylococci* by targeting DNA. *Science*, 322. 1843–1845.
- McPherron, A. C. – Lawler, A. M. – Lee, S. J. (1997): Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF- β superfamily member. *Nature*, 387. 83–90.
- Miller, J. C. – Tan, S. – Qiao, G. – Barlow, K. A. – Wang, J. – Xia, D. F. – Meng, X. *et al.* (2011): A TALE nuclease architecture for efficient genome editing. *Nat. Biotech.*, 29. 143–148.
- Mojica, F. J. M. – Díez-Villaseñor, C. – García-Martínez, J. – Soría, E. (2005): Intervening sequences of regularly spaced prokaryotic repeats derive from foreign genetic elements. *J. Mol. Evol.*, 60. 174–182.
- Moscou, M. J. – Bogdanove, A. J. (2009): A simple cipher governs DNA recognition by TAL effectors. *Science*, 326. 1501.
- Mosher, D. S. – Quignon, P. – Bustamante, C. D. – Sutter, N. B. – Mellersh, C. S. – Parker, H. G. – Ostrander, E. A. (2007): A mutation in the myostatin gene increases muscle mass and enhances racing performance in heterozygote dogs. *PLoS Gen.*, 3. e79.
- Nakamura, Y. – Usui, F. – Miyahara, D. – Mori, T. – Ono, T. – Kagami, H. – Takeda, K. – Nirasawa, K. – Tagami, T. (2012): X-irradiation removes endogenous primordial germ cells (PGCs) and increases germline transmission of donor PGCs in chimeric chickens. *J. Reprod. Dev.*, 58. 432–37.

- Nakamura, Y. – Usui, F. – Ono, T. – Takeda, K. – Nirasawa, K. – Kagami, H. – Tagami, T. (2010): Germline replacement by transfer of primordial germ cells into partially sterilized embryos in the chicken. *Biol. Reprod.*, 83. 130–37.
- Ni, W. – Qiao, J. – Hu, S. – Zhao, X. – Regouski, M. – Yang, M. – Polejaeva, I. A. – Chen, C. (2014): Efficient gene knockout in goats using CRISPR/Cas9 system. *PLoS ONE*, 9. e106718.
- Pálinkás, H. L. – Rácz, G. A. – Gál, Z. – Hoffmann, O. I. – Tihanyi, G. – Róna, G. – Góczy, E. – Hiripi, L. – Vértessy, B. G. (2019): Crispr/Cas9-mediated knock-out of dutpase in mice leads to early embryonic lethality. *Biomolecules*, 9. 136.
- Park, Y. H. – Woo, S. J. – Chungu, K. – Lee, S. B. – Shim, J. H. – Lee, H. J. – Kim, I. et al. (2021): Asp149 and Asp152 in chicken and human ANP32A play an essential role in the interaction with influenza viral polymerase. *FASEB J.*, 35. e21630.
- Perez-Pinera, P. – Kocak, D. D. – Vockley, C. M. – Adler, A. F. – Kadi, A. M. – Polstein, L. R. – Thakore, P. I. et al. (2013): RNA-guided gene activation by CRISPR-Cas9-based transcription factors. *Nat. Methods*, 10. 973–976.
- Petheő, G. L. – Kerekes, A. – Mihálffy, M. – Donkó, Á. – Bodrogi, L. – Skoda, G. – Baráth, M. et al. (2021): Disruption of the NOX5 gene aggravates atherosclerosis in rabbits. *Circ. Res.*, 128. 1320–1322.
- Pintér, T. – Geiszt, M. – Petheő, G. L. – Mihálffy, M. – Skoda, G. – Lipták, N. – Kerekes, A. – Bősze, Z. – Hiripi, L. – Bodrogi, L. (2020): The creation of a multiallele knockout genotype in rabbit using Crispr/Cas9 and its application in translational medicine. *Appl. Sci.*, 10. 8508.
- Roberts, S. B. – Goetz, F. W. (2003): Myostatin protein and RNA transcript levels in adult and developing brook trout. *Mol. Cell. Endocrinol.*, 210. 9–20.
- Rosen, L. E. – Morrison, H. A. – Masri, S. – Brown, M. J. – Springstubb, B. – Sussman, D. – Stoddard, B. L. – Seligman, L. M. (2006): Homing endonuclease I-Crel derivatives with novel DNA target specificities. *Nucleic Acids Res.*, 34. 4791–4800.
- Rouet, P. – Smih, F. – Jasin, M. (1994): Introduction of double-strand breaks into the genome of mouse cells by expression of a rare-cutting endonuclease. *Mol. Cell. Biol.*, 14. 8096–8106.
- Schuelke, M. – Wagner, K. R. – Stolz, L. E. – Hübner, C. – Riebel, T. – Kömen, W. – Braun, T. – Tobin, J. F. – Lee, S. J. (2004): Myostatin mutation associated with gross muscle hypertrophy in a child. *N. Engl. J. Med.*, 350. 2682–2688.
- Schuster, F. – Aldag, P. – Frenzel, A. – Hädeler, K. G. – Lucas-Hahn, A. – Niemann, H. – Petersen, B. (2020): CRISPR/Cas12a mediated knock-in of the polled celtic variant to produce a polled genotype in dairy cattle. *Sci. Rep.*, 10. 13570.
- Seligman, L. M. – Chisholm, K. M. – Chevalier, B. S. – Chadsey, M. S. – Edwards, S. T. – Savage, J. H. – Veillet, A. L. (2002): Mutations altering the cleavage specificity of a homing endonuclease. *Nucleic Acids Res.*, 30. 3870–3879.
- Shkarina, K. – Hasel de Carvalho, E. – Santos, J. C. – Ramos, S. – Leptin, M. – Broz, P. (2022): Optogenetic activators of apoptosis, necroptosis, and pyroptosis. *J. Cell Biol.*, 221. e202109038.
- Smithies, O. – Gregg, R. G. – Boggs, S. S. – Koralewski, M. A. – Kucherlapati, R. S. (1985): Insertion of DNA sequences into the human chromosomal β -Globin locus by homologous recombination. *Nature*, 317. 230–234.
- Taylor, L. – Carlson, D. F. – Nandi, S. – Sherman, A. – Fahrenkrug, S. C. – McGrew, M. J. (2017): Efficient TALEN-mediated gene targeting of chicken primordial germ cells. *Development*, 144. 928–34.
- Thygesen, P. (2019): Clarifying the regulation of genome editing in Australia: Situation for genetically modified organisms. *Transgenic Res.*, 28. 151–159.
- U.S. Food and Drug Administration (2020): FDA approves first-of-its-kind intentional genomic alteration in line of domestic pigs for both human food, potential therapeutic uses.
- Urnov, F. D. – Rebar, E. J. – Holmes, M. C. – Zhang, H. S. – Gregory, P. D. (2010): Genome editing with engineered zinc finger nucleases. *Nat. Rev. Genet.*, 11. 636–46.
- Wang, K. – Ouyang, H. – Xie, Z. – Yao, C. – Guo, N. – Li, M. – Jiao, H. – Pang, D. (2015): Efficient generation of myostatin mutations in pigs using the CRISPR/Cas9 system. *Sci. Rep.*, 5. 16623.

- Wang, S. – Qu, Z. – Huang, Q. – Zhang, J. – Lin, S. – Yang, Y. – Meng, F. – Li, J. – Zhang, K. (2022): Application of gene editing technology in resistance breeding of livestock. *Life*, 12. 1070.
- Wang, X. – Yu, H. – Lei, A. – Zhou, J. – Zeng, W. – Zhu, H. – Dong, Z. *et al.* (2015): Generation of gene-modified goats targeting MSTN and FGF5 via zygote injection of CRISPR/Cas9 system. *Sci. Rep.*, 5. 13878.
- Wells, K. D. – Bardot, R. – Whitworth, K. M. – Tribble, B. R. – Fang, Y. – Mileham, A. – Kerrigan, M. A. – Samuel, M. S. – Prather, R. S. – Rowland, R. R. R. (2017): Replacement of porcine CD163 scavenger receptor cysteine-rich domain 5 with a CD163-like homolog confers resistance of pigs to genotype 1 but not Genotype 2 porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *J. Virol.*, 91. e01521-16.
- Whitworth, K. M. – Prather, R. S. (2017): Gene editing as applied to prevention of reproductive porcine reproductive and respiratory syndrome. *Mol. Reprod. Dev.*, 84. 926–933.
- Whitworth, K. M. – Rowland, R. R. R. – Ewen, C. L. – Tribble, B. R. – Kerrigan, M. A. – Cino-Ozuna, A. G. – Samuel, M. S. *et al.* (2016): Gene-edited pigs are protected from porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *Nat. Biotech.*, 34. 20–22.
- Whyte, J. – Glover, J. D. – Woodcock, M. – Brzeszczynska, J. – Taylor, L. – Sherman, A. – Kaiser, P. – McGrew, M. J. (2015): FGF, insulin, and SMAD signaling cooperate for avian primordial germ cell self-renewal. *Stem Cell Rep.*, 5. 1171–82.
- Woodcock, M. E. – Gheyas, A. A. – Mason, A. S. – Nandi, S. – Taylor, L. – Sherman, A. – Smith, J. – Burt, D. W. – Hawken, R. – McGrew, M. J. (2019): Reviving rare chicken breeds using genetically engineered sterility in surrogate host birds. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 116. 20930–20937.
- Wu, H. – Zhang, Y. – Wang, Y. – Zhang, Y. – Yang, M. – Lv, J. – Liu, J. (2015): TALE nickase-mediated SP110 knockin endows cattle with increased resistance to tuberculosis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 112. e1530–e1539.
- Yang, H. – Zhang, J. – Zhang, X. – Shi, J. – Pan, Y. – Zhou, R. – Li, G. – Li, Z. – Cai, G. – Wu, Z. (2018): CD163 knockout pigs are fully resistant to highly pathogenic porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *Antiviral Res.*, 151. 63–70.
- Yu, S. – Luo, J. – Song, Z. – Ding, F. – Dai, Y. – Li, N. (2011): Highly efficient modification of beta-lactoglobulin (BLG) gene via zinc-finger nucleases in cattle. *Cell Res.*, 21. 1638–1640.
- Zhou, W. – Wan, Y. – Guo, R. – Deng, M. – Deng, K. – Wang, Z. – Zhang, Y. – Wang, F. (2017): Generation of beta-lactoglobulin knock-out goats using CRISPR/Cas9. *PLoS ONE*, 12. e0186056.

Érkezett: 2023. szeptember

A szerzők címe: Lázár, B. – Gócza, E.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Szent István Campus, Genetika és Biotechnológia Intézet, Állatbiotechnológia Tanszék

Authors' adress: Hungarian University of Agriculture and Life Science, Szent István Campus, Institute of Genetics and Biotechnology, Animal Biotechnology Department H-2100 Gödöllő, Szent-Györgyi Albert utca. 4.
lazar.bence@uni-mate.hu

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

A FENNTARTHATÓ HÚSMARHATARTÁS, HÚSMARHATENYÉSZTÉS AKTUALITÁSI, KIHÍVÁSAI

MÁRTON JUDIT - BENE SZABOLCS - SZABÓ FERENC

ÖSSZEFOGLALÁS

A húsmarhatenyésztés egy környezetbarát élelmiszertermelő állattenyésztési ágazat, amely elsősorban gyepre és szántóföldi melléktermékre alapozott. Sokoldalúsága számos anyagi és nem anyagi előnnyel jár a társadalom számára. A marhahúságazat több olyan kihívással is szembesül, amelyeket fenntarthatósági szempontból szükséges kezelni. A növekvő élelmiszer iránti kereslet kielégítése és a marhahústermelés volumenének növelése a jelenlegi rendszerekkel fokozott környezeti terheléssel járna, közvetlenül károsíthatná az ökoszisztémát. A szemleciikk rámutat a fenntartható húsmarhatartással kapcsolatos kihívásra, hangsúlyozza ezek pillérei közötti egyensúly kialakításának és megőrzésének a fontosságát és fenntarthatóbb modellek bevezetésének szükségességét. A szelekció, a genetika, a genomika, a fajtahasznosítás, a takarmányozás, a tenyésztési technikák, technológiák legkorszerűbb tudományos eredményeinek beépítése meghatározó lehet a húsmarhatenyésztés jövőbeli fenntarthatósága szempontjából. A húsmarha szektor kihívásainak kezelése érdekében elengedhetetlen a fenntartható fejlődéssel kapcsolatos kutatások megértése és alkalmazása. A tanulmány az ágazat fenntarthatóságával foglalkozó legfontosabb, újabb publikációkat elemzi. Módszertana magában foglalja a társadalmi, gazdasági, környezeti és kulturális kihívások irodalmi áttekintését. A jelen dolgozattal szeretnénk ráirányítani a figyelmet az ágazat fenntarthatóságára, információkkal segítve ezzel mind a gazdálkodókat, mind a fogyasztókat.

SUMMARY

Márton, J. - Bene, Sz. - Szabó, F.: RELEVANCE OF SUSTAINABILITY OF BEEF CATTLE FARMING

Beef is a very important food, contributing to the meat supply of the world's population. Beef can be originated from both dairy-, dual purpose-, and beef cattle population. Beef cattle farming is an environmentally friendly sector of animal husbandry, primarily relying on pasture and arable by-products. Its versatility brings numerous material and non-material benefits to society. The beef industry faces several challenges that need to be addressed from a sustainability perspective. Meeting the growing demand for food by increasing the volume of beef production with current unsustainable systems would lead to heightened environmental impact, directly harming the ecosystem. This perspective article highlights some of the challenges associated with sustainable beef cattle farming, emphasizing the importance of establishing and maintaining balance between the pillars and the necessity of introducing more sustainable models. The incorporation of the latest scientific advancements in selection, genetics, genomics, breed utilization, nutrition, and breeding techniques is crucial for the future sustainability of beef cattle husbandry. To overcome the challenges in the beef sector, understanding and applying research related to sustainable development are essential. This study analyzes the most important and recent publications related to the sustainability of the industry, and its methodology includes a literature review of social, economic, environmental, and cultural challenges. By this paper the authors would like to publish the most important elements of the sustainable beef cattle farming.

BEVEZETÉS

A húsmarha takarmányának közel 90%-át az ember számára emészthetetlen összetett szénhidrátok alkotják, melyből kiváló minőségű, táplálóanyagokban gazdag fehérjét állít elő, ezzel fontos részét képezi a fenntartható élelmiszerágazatnak. A marhahús lehet a tejtermelés ikerterméke vagy mellékterméke. Vannak specializált húsmarhafajták és állományok a világon, amelyeket kizárólag marhahústermelésre tenyésztene és tartanak. A specializált húsmarhatenyésztés egyik fő előnye az intenzív tejelő szarvasmarhatartással szemben, hogy viszonylag alacsony ráfordításokkal működtethető. A marhahústermelési rendszerek alapozhatók marginális földterületekre, legelőkre vagy a szántóföldi melléktermékekre.

A marhahús jelentősége a jövőben minden bizonnyal növekedni fog. Nemzetközi szervezetek (*UNDESA, IBRD, SDGs*) előrejelzései szerint 2050-re a világ népessége megközelítheti a 10 milliárd főt, ami 30%-os emelkedést jelent 2010-hez képest. A növekvő élelmiszerek iránti szükséglet kielégítése fokozott környezeti terheléssel jár. A marhahús irányában fellépő keresletnövekedés, a klímaváltozás kedvezőtlen következményei, a többi állatfajhoz viszonyított alacsonyabb termelékenység, hosszabb termelési ciklus, az üvegházhatású gázok kibocsátásának hatásai jelentős kihívások elé állítják az ágazatot.

Az ágazat fenntarthatóságának három pillére, a társadalmi, környezeti és gazdasági fenntarthatóság egymással szorosan összefügg, fontos a köztük lévő egyensúly megteremtése. Ha valamelyik nem teljesül, hosszútávon nem lehet fenntarthatóság. A negyedik pillér, a kulturális dimenzió modellbe foglalását jelenleg vizsgálják.

A fenntartható marhahúselőállítás olyan társadalmilag felelős, gazdaságilag életképes, környezetbarát termék előállítás, amely előtérbe helyezi, megóvja és javítja a természeti erőforrásokat, környezetbarát, figyelembe veszi a gazdálkodók, munkavállalók és a helyi közösségek társadalmi és gazdasági körülményeit, védi az állatok egészségét és jólétét a SAI Platform Beef Working Group meghatározása alapján (*ERBS, 2013*). A legeltetéses húsmarhatartás segít megőrizni a természetes élőhelyek biodiverzitását, erősíti azt a klímaváltozás hatásaival szemben. Cél a folyamatos fejlődésre való törekvés.

Jelen áttekintés célja a marhahús szektor korlátaival és kihívásaival foglalkozó legújabb kutatási eredmények bemutatása, amelyek hozzájárulhatnak az alkalmazott modellek fenntarthatóbbá tételéhez. Betekintést szeretnénk nyújtani a hatékonyság növelésének lehetőségeibe a szaporodási teljesítmény javításán keresztül, ami kulcsfontosságú a marhahústermelés jövedelmezősége és az egy állatra vetített környezeti lábnyom csökkentése szempontjából.

A MARHAHÚS TERMELÉSEL KAPCSOLATOS TÉNYEK, SZEMPONTOK

A globális népességnövekedéssel párhuzamosan az élelmiszerek iránti megnövekedett kereslet fokozott környezeti terheléssel jár. A Föld elsivatagosodása, a városok terjeszkedése, a talajromlás évi 24 millió hektár mezőgazdasági termőterület veszteséget jelent az ágazat számára. 1960 óta a mezőgazdasági földhasználat Európában 25%-kal, Észak-Amerikában 4%-kal csökkent, míg a

fejlődő országokban jelentősen nőtt: Afrika +46%, Ázsia +36%, Dél-Amerika +83% (*Idel és mtsai, 2014*).

A globális marhahústermelés az elmúlt fél évszázadban folyamatosan, átlagosan +1,59%-os éves ütemben növekedett, míg az egy főre jutó marhahúsfogyasztás világszerte csökkent, 1960 óta felére, a többi állatfaj termékéhez viszonyítva 22 százalékra esett vissza. 2021-ben a világ marhahústermelése 76,77 millió tonna, a fajlagos marhahús fogyasztása 2020-ban 8,98 kg/fő/év, EU27 10,1 kg/fő/év, EU13 4 kg/fő/év a *FAOstat (2020)* adatai alapján. A marhahús szektor legfőbb korlátja a tehénállomány alacsony reprodukciója, az élősúlyonkénti alacsony kibocsátás, a jelentősen alacsonyabb termelékenység, hosszabb termelési ciklus a többi állatfajhoz képest, amely a gazdasági fenntarthatóság egyik meghatározó korlátja. A reprodukciós és termelési hatékonyság javítása a gazdasági és környezeti fenntarthatóság előfeltétele (*Pulina és mtsai, 2021*). A marhahústermelés volumenének növelése a jelenlegi aligha fenntartható rendszerekkel súlyos környezeti következményekkel járna, fokozná az üvegházhatású gázok kibocsátását, közvetlenül károsítaná a globális ökoszisztémákat (*Richter és mtsai, 2020*).

A húsmarhatartás, marhahúselőállítás hozzájárul az európai országok gazdaságához, vidékfejlesztéséhez, társadalmi életéhez, kultúrájához és gasztronómiájához (*Smith és mtsai, 2018*). A marhahúságazat a világ számos területén létfontosságú gazdasági tevékenység, amely biztosítja a vidéki közösségek megélhetését, jellemzően hegyvidéki-, marginális-, szántóföldi növénytermesztésre alkalmatlan rossz minőségű szélsőséges klimatikus körülményekkel rendelkező termőterületeken. A meghatározó húsmarhatartó régiók Dél-Afrika egyes övezetei, Chipinge körzet Zimbabwe, EU országok bizonyos részei (Franciaország, Spanyolország, Olaszország, Írország, Egyesült Királyság), Dél-Ausztrália és Új-Zéland számos területe, Dél-Amerika trópusi és szubtrópusi részei, Argentína pampái, Szikláshegység, Középnugat, ill. Délkelet-Amerika bizonyos részei. A marhahús ágazat jövője az ökológiai hatások csökkentésével szorosan összefügg, elsősorban a kedvezőbb agroökológiai megoldások alkalmazásával, a termelési teljesítmény és a termékminőség egyidejű javításával (*Pulina és mtsai, 2021*).

A húsmarhák takarmányhasznosítására, reprodukciós tulajdonságaira irányuló szelekciójával, a megfelelő fajta és genotípus kiválasztásával javítható a jövedelmezőség, ugyanakkor csökkenthető a marhahústermelés káros környezeti hatása. *Szabó és mtsai (2017)* szerint a genomikai tenyésztéskbecslés és a szelekció bevett gyakorlat a világfajták tekintetében húsmarha esetén, alkalmazása jelenleg korlátozott számú tulajdonságokra terjed ki, ami a jövőbe mindenképpen bővítendő, fejlesztendő.

A genetika, a takarmányozás, a tenyésztési technikák legújabb tudományos vívmányainak alkalmazása lehetővé tették az amerikai gazdálkodók számára, hogy a világ marhahústermelésének 20%-át a világ szarvasmarhaállományának mindössze 6%-ával állítsák elő. 2017-ben 26,2 milliárd tonna marhahúst állítottak elő 53%-kal kisebb állománnyal, mint 1975-ben (*Mateescu, 2020a*).

A FENNTARTHATÓSÁGI KIHÍVÁSOK, PILLÉREK, CÉLOK

A fenntarthatóság három pillérnek (társadalmi, környezeti és gazdasági) meghatározása a Brundtland-jelentésnek, az Agenda 21-nek és a 2002-es Fenntartható Fejlődési Világcsúcsnak (*Moldan és mtsai*, 2012) tulajdonítható. Vizsgálják a kulturális dimenzió negyedik pilléreként történő beépítésének lehetőségét (*Axelsson és mtsai*, 2013). A társadalmi, környezeti, gazdasági fenntarthatóság szorosan összefügg egymással, értékelni a hatásukat egységesen lehet. Szükséges a közöttük lévő egyensúly megteremtése az innováció, új technológiák alkalmazása a társadalom tájékoztatása. A fogyasztói vásárlási szokásokat a médiában megjelent információk befolyásolják, a szektor pozitív hatásai háttérbe kerülhetnek a negatív hatásokhoz képest. A hiányos tájékoztatás következményei az ágazatra kihatnak rövid vagy hosszú távon befolyásolva azt (*Hocquette és mtsai*, 2018). A fejlett régiókban, ha egy márka nem foglalkozik fenntarthatósági szempontokkal, akkor a fogyasztói elvárások következtében versenyhátrányba kerül.

TÁRSADALMI FELELŐSSÉGVÁLLALÁS

A húsmarhatartás, húsmarhatenyésztés, marhahús előállítás társadalmi fenntarthatósága az emberi egészség és jólét, az állatok jóléte, a munkavállalók biztonságos munkakörülménye, a fogyasztói elvárások, a társadalmi tőke (közjavak, kulturális örökség, foglalkoztatás), a méltányosság és a társadalmi interakciók összessége. A fenntarthatóság társadalmi pillére közvetlenül befolyásolja az egyének életminőségét és jólétét.

Az IPCC (2019) jelentése szerint világszerte megközelítőleg kétmilliárd túlsúlyos felnőtt, egymilliárd alultáplált és 30% vérszegény ember él. A kihívást a növekvő népességszám mellett az egyenlőtlen élelmiszer elosztás is jelenti. Az European Public Health Alliance (EPHA, 2021) tanulmányában rámutat, hogy az EU-ban a vörshúsok és a feldolgozott élelmiszerek túlzott fogyasztása okozza az összes haláleset 2,7%-át és a korai elhalálozás 3,8%-át, a dohányzás, mint kockázati tényező a halálokok 14%-ához járult hozzá. A marhahús kiváló minőségű hozzáférhető fehérje-, vitamin-, ásványi anyag- és mikro-táplálóanyag forrás, a mértékletes fogyasztása hozzájárul az emberi egészséghez és jóléthez.

A nagyarányú antibiotikumhasználat, amely lehetővé tette az intenzív állattenyésztést összefüggésbe hozható az antibiotikum rezisztencia kialakulásával. A jövőbeni marhahús előállítás során alkalmazott gyógyszereknek és hormonoknak szigorú előírásoknak kell megfelelnie, hogy minimalizálják az emberi egészségre gyakorolt kockázatokat. Az EC EU Farm to Fork Strategy célkitűzése 2030-ig 50%-kal visszaszorítani a mezőgazdasági célú antimikrobiális szerek felhasználását. 2011-2018 között értékesítésük 34%-kal csökkent az EU-ban és az Egyesült Királyságban A húsmarhaágazatban felhasznált antibiotikum mennyisége alacsonyabb más állattenyésztési ágazatokénál. Az egészséges, nyugodt állatok hatékonyabban termelnek. A marhahús ágazatban alkalmazott antibiotikum felhasználásról komplex, reprezentatív, megbízható, nemzetek antibiotikum felhasználását összehasonlítható statisztika nem áll rendelkezésre. Részben az eltérő adagolások, eltérő alkalmazás, a vegyes gazdaságok és az eltérő

nemzetközi gyakorlatok miatt. Az állatjóléti irányelveknek megfelelően Kanada és az EU szarvasmarhatartói fájdalomcsillapítókat használnak a szükséges állatkezelésekhez, például szarvtalanításkor, kasztrálásakor. Az állattelhullás irányszámát 1,5%/évben határozta meg az Európai Unió, ahol ennél magasabb, ott évi 20%-os csökkenést javasolnak.

A biztonságos munkakörnyezet megteremtése érdekében az EU a súlyos és halálos kimenetelű balesetek számának visszaesését, a későbbiekben megszűnését tűzte ki célul. A kanadai kormány ezen események 1,5%-os évi csökkenése érdekében támogatja a gazdák oktatását, a gazdaságok, farmok biztonságának javítását.

Az ágazat számára jelentős kihívást jelent a munkaerő áramlás, az öregedő húsmarhatartó generáció, a fiatal gazdálkodó generáció hiánya, a röghöz kötöttség, a képzett munkaerő hiánya, a régióként jelentős munkabér különbségek. Az *EPHA* (2021) tanulmánya rámutat, hogy az EU27-ben a mezőgazdasági üzemek vezetői 55 évesek vagy annál idősebbek, a gazdálkodóknak csupán 10%-a 40 év alatti. A 35 év alatti fiatal gazdálkodók aránya 2005-2016 között 6,9%-ról 5,1%-ra csökkent.

A gyepre alapozott marhahús rendszerek által nyújtott ökoszisztéma szolgáltatások és közjavak némelyike jól látható gazdasági értékekkel rendelkezik, de nehéz gazdasági értéket tulajdonítani a legtöbbszörnek, melyek nagyrésztől az emberek függenek (*FAO*, 2016). Ezen szolgáltatásokat gyakran nem veszik figyelembe, nem ismerik el kellőképpen. Az Egyesült Államokban a húsmarhatenyésztés évente 24,5 milliárd dollárral járul hozzá az ökoszisztéma szolgáltatásokhoz. Ez rávilágít a fontosságára (*Beef Research*, 2021a). Számos régióban az egyetlen megélhetési forrás, biztosítja a vidéki emberek megélhetését, hozzájárul a falvak elnéptelenedésének megelőzéséhez.

A *REFED* (2016) adatai szerint az Egyesült Államokban az összes élelmiszer 38%-a fel nem használt, ez évi 149 milliárd étkezésnek felel meg. Ennek értéke 444 milliárd dollár, ami az Egyesült Államok GDP-jének közel 2%-a, szénlábnyma pedig megegyezik a teljes amerikai repülési ágazatéval (utas-, kereskedelmi és katonai együttesen). Egy átlagos amerikai család évente 2500 dollár értékű élelmiszert pocsékol el. Az *USDA* adatai szerint a marhahús a legkevésbé pazarolt élelmiszer (20%). Ha a felére csökkenne a marhahús pazarlás, az egész ágazat fenntarthatósága 10%-kal javulna (*Beef Research*, 2021d). A *CRSB* (2022) beszámolója alapján Kanadában a marhahús másodlagos feldolgozása során, a kiskereskedelemben és a fogyasztónál összesen 19% élelmiszer veszteség keletkezik, aminek a felére csökkentése évi 31 milliárd m³ víz megtakarítással és 1,6 megatonna CO₂ kibocsátás elkerülésével járna.

A természetszerű-, extenzív- vagy bio tartástechnológiák alkalmazásával előállított marhahús a tudatos fogyasztói magatartás miatti magasabb áron értékesíthető. Szükségesek prémium támogatások, márkajelzéssel ellátott termékek, címkézések, helyi áruk-, fenntartható termékek megjelölése a fogyasztók figyelemfelkeltése és a magasabb hozzáadott érték elérése érdekében. A fejlett országokban bármely ágazatban, amint már fentebb említésre került, ha egy márka valamilyen módon nem foglalkozik a fenntarthatósággal, akkor versenyhátrányba kerül. A médiának, a tényszerű tájékoztatásnak jelentős szerepe van a fogyasztói szokások alakításában.

GAZDASÁGI ÉLETKÉPESSÉG

A marhahústermelés, húsmarhatenyésztés gazdasági fenntarthatóságának célja a hosszútávú gazdasági életképesség és jólét biztosítása a jelen és a jövő generációi számára, miközben minimalizálja a környezetre és a társadalomra gyakorolt negatív hatásokat. A gazdasági fenntarthatóság mérőszámai: jövedelmezőség, likviditás, fizetőképesség, kockázatkezelés, tőkéhez való hozzáférés, utódlástervezés, vidéki gazdaságfejlesztés és fogyasztói kereslet (*Griffith és Boyer, 2020*). A hosszú távú gazdasági fenntarthatóság elérése azonban rövidtávon negatív hatással lehet a jövedelmezőségre. A jövedelmezőség és a fenntarthatóság elérése a társadalom közös érdeke és felelőssége.

Pulina és mtsai (2021) tanulmánya alapján a marhahús ágazat legfőbb korlátja a kedvezőtlen reprodukció, az élősúlyonkénti alacsony húskibocsátás (szarvasmarha 0,181, sertés 1,765, csirke 3,188 kg/kg), a jelentősen alacsonyabb termelékenység, hosszabb termelési ciklus a többi állatfajhoz képest (*1. táblázat*).

Diskin és Kenny (2016) vizsgálata alapján a jó reprodukciós hatékonyság elérését meghatározó tényezők a következők: a 365 napos kétellés közötti idő fenntartása; annak biztosítása, hogy a tehenek kevesebb, mint 5%-át selejtezzék szaporodásbiológiai okok miatt (pl. meddőként); 95% feletti tehen ellés, borjú választás; 24 hónapos korra leellő üszők (kifejlettkori súly 85%-a); könnyű ellés; a tehenek 80%-ának 2 hónapos intervallumban történő ellése a tavaszi legelőre hajtással összhangban. *Boyer és mtsai (2020)* rámutattak, hogy az elmaradó ellés, borjíválasztás milyen hatással van a beállított tenyésztők nevelésének jövedelmezőségére az Egyesült Államok húsmarha-rendszerében. A tanulmány eredményei alapján egy anyatehén beállítási költségének megtérüléséhez hat választott borjúra van szükség. Egy borjú elvesztése esetén kilenc, két borjú elvesztése esetén tíz választott borjú elengedhetetlen. A gazdasági eredmény akkor pozitív, ha az üsző/tehen nem veszít el egy borjút sem, vagy csak egyet a produktív élettartama során. Két borjú vesztesége esetén a gazdasági eredmény negatív lesz. Ezek az információk arra utalnak, hogy ha egy anyatehén elveszít egy borjút, a gazdálkodó számára nem biztos, hogy megtérül, ha tovább tenyésztésben tartja.

A marhahústermelési rendszerek jelentősen eltérnek egymástól. Az egységnyi földterületre jutó termelés maximalizálása a rendelkezésre álló erőforrások figyelembevételével lehetővé teszi az erőforrások optimális felhasználását. A marhahústermelés hatékonysága a különböző régiókban úgy mérhető, hogy az átlagos régió előállítási költségét egy 1-es benchmark értékhez (a marhahústermelés hatékonysága Új-Zélandon) hasonlítjuk. Észak-Amerika esetében ez az érték 1,3; Ausztráliában 1,2, Dél-Amerikában 0,9 az EU-27 átlaga pedig 1,5 (*Márton, 2020*).

A genomikai tenyésztérbecslés és tenyész kiválasztás a hagyományos tenyésztérbecslési eljárásokkal kiegészítve segíti az állatok reprodukciós tulajdonságainak, takarmányértékesítésének javítását, betegségekkel szembeni ellenálló képességének növelését, a környezeti változásokhoz való alkalmazkodóképességet, miközben növeli a hatékonyságot, jövedelmezőséget. A sikeres genetikai fejlesztési programoknak egyensúlyba kell hozniuk az állategészségügyi, a környezetvédelmi és állatjóléti szempontokat a költségekkel és a termelés hatékonyságával (*Mateescu, 2020b*).

1. táblázat

A marhahús szektor globális kibocsátása a sertés- és csirkeágazathoz képest
(*Pulina és mtsai, 2021; FAO stat, 2020*)

Faj (1)	Szarvasmarha (10) ^a	Sertés (11)	Baromfi (12) ^b
Egyed (ezer) (2)	1489744	978332	23212565
Hústermelés (millió tonna) (3)	67354	120881	127298
Vágott egyed (ezer) (4)	302128	1484493	68785221
Átlagos vágott súly (kg) (5)	250	70	1,72
Élőtömeg összeg (millió tonna) (6)	372436	68483	39925
Kibocsátás: hústermelés / élőtömeg (kg/kg) (7)	0,181	1,765	3,188
Vágott / összes egyed (8)	0,203	1,517	2,963
Húsfogyasztás (kg/fő/év) (9)	8,62	15,47	16,291

^aaz emberi populáció 2020. szeptemberi becslése szerint 7814 millió fő (*Worldometer, 2020*) (13); ^ba szarvasmarha tejet is, a baromfi pedig tojást is termel (14)

Table 1: The global output of beef industry compared to pig and chicken industries

species (1); head (miles) (2); meat (kilotons) (3); animal slaughtered (miles) (4); live weight / head (kg) (5); live weight total (kilotons) (6); meat / live weight (kg/kg) (7); head slaughtered / head maintained (8); meat for humans use (kg/person) (9); cattle (10); pig (11); poultry (12); human population estimate in September 2020 is 7814 million of heads (*Worldometer, 2020*) (13); cattle also produce milk and poultry also produce eggs (14)

A gyepre alapozott takarmányozással előállított marhahús iránti kereslet növekedése miatt *Herron és mtsai* (2021) kutatása a környezeti hatások csökkentését és a teljesítmény optimalizálását vizsgálták gyepalapú marhahús rendszerekben. Tapasztalataik szerint ezek a rendszerek minimálisra csökkentik a vágási életkort, optimalizálják a fajtákat és típusokat, és okszerű takarmányozási gyakorlatot biztosítanak. A szarvasmarhák fiatalabb korban történő vágása számos környezeti előnnyel jár, de az optimális vágási életkor elsősorban a fajtától függ, és nem alkalmazható általánosan.

Az EU szarvasmarhaágazatának regionális szintű heterogenitása jelentős, kiemelkedő különbségekkel a nyugati és keleti tagállamok, valamint az északi és déli régiók között (*Ihle és mtsai, 2017*). Az egy munkavállalóra jutó átlagjövedelem az EU15 és az EU13 között 4,5-szeres eltérést mutat. A korábban csatlakozott államokat erősen érintik a fogyasztói szokások változásai, amelyek a kedvezőtlen adottságú területeken a legeltetés felhagyásához vezethetnek. Az EU13-ban a szarvasmarha hústermelés drasztikus visszaesést mutatott, míg az anyatehénállomány ezzel párhuzamosan több, mint kétszeresére nőtt. Az extenzív legeltetésen alapuló anyatehéntartás versenyképes stratégiát jelenthet az EU13 országai számára.

Az EU húsmarha gazdaságok jövedelmük biztosításához nagymértékben, szinte 100%-ban a Közös Agrárpolitika (CAP) kifizetésekre támaszkodnak, nem versenyképesek, sebezhetőek, kiszolgáltatottak a világgpiaci változásokkal szemben. A hatékonyság növelése, a támogatásoktól való függés csökkentése,

a jövedelmezőség javítása kulcsfontosságú az ágazat hosszútávú életképessége szempontjából.

The Irish Cattle Breeding Federation (ICBF) 2011 és 2020 között 15 millió húsmarha teljesítmény-, származási- és genomikai adatainak felhasználásával, a világ legnagyobb szarvasmarha adatbázisát hozta létre. Kidolgozta az *Euro-Star Replacement Index*-et, amely a fenntarthatóság egyik kulcsfontosságú mutatója, felső 20%-át tekinti általános fenntarthatósági mérőszámnak. Kezdetben az index képzésénél nem vették figyelembe a reprodukciós tulajdonságokat, így a hatása az anyai/termelési költségekre minimálisan jelentkezett. 2015 óta az indexbe épített tulajdonságok az anyai tejtermelés, a nőivarú állatok termékenysége, a szaporítás költsége, a takarmányköltség és a hasított test növekedési üteme (ICBF, 2020).

Peterson és mtsai 2020-ban publikált kutatása rávilágít arra, hogy a mezőgazdaságból, erdőgazdálkodásból, halászatból és vadászatból élők között a negyedik a legmagasabb az öngyilkossági arány Amerikában. Ennek a legfőbb okai *Murillo és mtsai (2022)* tanulmánya alapján a gazdaság felépítésének, kialakításának, üzemeltetésének a mentális terhe. A gazdálkodóknál magasabb a depresszió, a szorongás és az öngyilkosság kockázata részben a fokozott balesetveszély a növényvédőszernek való kitettség megnövekedett kockázata, az alacsony alacsony értékesítés, az eladósodás, a növénytermesztést és az állatállomány egészségét veszélyeztető új betegségek megjelenése, a túlterheltség, a fizikailag megterhelő munka, a természeti katasztrófák és a kiszámíthatatlan éghajlati viszonyok miatt, ami csak néhány az őket érintő krónikus stresszfaktorok közül.

KÖRNYEZETTUDATOSSÁG

A húsmarha ágazat környezeti fenntarthatósága magába foglalja az ökoszisztémák és a természeti erőforrások védelmét. Kifejezetten a biodiverzitásra, a szén- és vízlábnyomokra, a talajtermékenységre, az erózió elleni védekezésre és a levegőminőségre összpontosít.

A marhahús-termelési rendszerek típusai a legeltetéstől a vegyes rendszerekig terjednek, amelyek mindegyike saját jellemzőkkel rendelkezik. A fenntarthatóság pozitív és negatív hatásainak értékeléséhez figyelembe kell venni a helyi adottságokat, körülményeket. Az üvegházhatást okozó gázok kibocsátásának mértéke függ a termelési rendszerektől is. A szarvasmarhák metánkibocsátását nem lehet teljesen kiküszöbölni, a megfelelő gazdálkodási gyakorlatok azonban jelentősen csökkenthetik azokat. 1961-2019 között az Egyesült Államok marhahúsvertikuma több, mint 40%-kal csökkentette a termelt marhahús kilogrammonkénti üvegházhatású gázkibocsátását miközben 67%-kal növelte a marhahústermelést (*Beef Research, 2021b*). Jelenleg az Egyesült Államok marhahúságazatának a kibocsátása a globális üvegházhatású gázkibocsátás kevesebb, mint 0,5%-át teszi ki (*Beef Research, 2021c*). A szarvasmarha a növényi eredetű élelmiszerek előállításánál keletkező hulladékok mintegy 7%-át kiváló minőségű, értékes fehérjévé alakítja. A kommunális hulladéklerakók az Egyesült Államokban a metánkibocsátás 14%-áért felelősek (*Beef Research, 2021e*).

A legeltetés szabályozza a fűfélék mennyiségét, magasságát, összetételét és eloszlását, megakadályozva a cserjék és gyomok elszaporodását (*Wiedinmyer*

és *Neff*, 2007). A gyepalapú rendszerek jelentős szerepet játszhatnak a szénmegkötésben, csökkentve a takarmány-, műtrágya- és üzemanyagköltségeket, hozzájárulnak a talaj termékenységéhez, valamint a húsmarhavertikum fenntarthatóságához.

Snelling és mtsai (2022) tanulmánya szerint a legfenntarthatóbb anyatehéntehén fajták azok, amelyek kisebb élősúlyúak és nagy súlyú választott borjakat nevelnek. Ezen anyatehének alacsonyabb erőforrásigényt és kisebb metánkibocsátást tanúsítanak, tartásuk a nagytestű húsmarhákhoz viszonyítva gazdaságosabb. A kutatás eredményeire alapozva a szelekció, a párosítási döntések, a fajtahasználat, a heterózis hatás, a fajták és típusok ésszerű kombinálása hozzájárulhat a hasznos élettartam növeléséhez, a metán kibocsátás csökkentéséhez és a fenntarthatóság javításához. Az ICBF adatai alapján a genetikai fejlődés felgyorsult, a magas genetikai értékű állatoknál 10%-kal alacsonyabb napi metánkibocsátást mértek. Ezeknek az anyatehének a jövedelmezősége 100 €/tehén/évvél növekedett, hangsúlyozva a jövedelmezőség és a fenntarthatóság közötti szoros kapcsolatot, a szelekció, a fajtaválasztás fontosságát (*ICBF*, 2020). Az előrejelzés szerint 2030-ra egy anyatehénnek és a borjának az összes metánkibocsátása 3%-kal csökkenhet, 3,3 t metán/év.

A vízlábnyom egy másik jelentős fenntarthatósági probléma. 2016-ban négy milliárd ember súlyos vízhiánnyal küzdött, ez a szám várhatóan emelkedni fog a népesség növekedésével párhuzamosan (*Mosase és mtsai*, 2019). A vízlábnyom csökkentése a fenntartható marhahústermelés szerves része. A legnagyobb vízfelhasználás a közvetlen termőföldet nem igénylő takarmányozási rendszerek esetében mutatkozik, főleg a szarvasmarhákkal etetett szántóföldről származó takarmányok, gabonaféklék felhasználása következtében. A gyepbázisú kevesebb, a félintenzív silvopasztorális rendszer pedig a legalacsonyabb vízigényű. A legnagyobb felhasználás nyolcszorosa a legkisebbnek (*Broom*, 2019). *Ridout és mtsai* (2019) különböző élelmiszerek vízlábnyomát vizsgálták az ausztrál felnőttek napi étrendjével kapcsolatban. A tanulmány kimutatta, hogy a vízlábnyom 25%-a nem alapvető, diszkrécionális élelmiszerekből (pl. süteményekből, kekszektől, cukros italokból és alkoholból) származott. A vörös húsok (marha- és bárányhús) fogyasztása 3,7%-kal járult hozzá étrendjük teljes vízlábnyomához. Az Egyesült Államok marhahúsiparának 2005-2011 között 3%-kal csökkent a vízfelhasználása. A *CRSB* (2022) tanulmánya rámutat, hogy a kanadai marhahúsipar vízhasználata 1981 és 2011 között 17%-kal csökkent, olyan gyakorlatok népszerűsítésének köszönhetően, amelyek javítják a vízminőséget és maximalizálják a vízmegtartást, növelik a szárazsággal és árvízzel szembeni ellenálló-képességet. A szarvasmarhatenyésztésben felhasznált víz 95%-át a takarmánytermesztéshez, a szántóföldi növények öntözésére fordítják. A szarvasmarhák itatása a teljes vízfelhasználásának körülbelül 1%-át teszi ki. A marhahúsipar által felhasznált víz 5%-a az amerikai vízfogyasztásnak (*Broocks és mtsai*, 2021). Az amerikai húsmarhaágazat 3%-kal csökkentette a vízlábnyomát 2005-től 2011-ig (*Battagliese és mtsai*, 2013). Ausztráliában a vízhiány 1980 és 2015 között 61%-kal csökkent, ugyanazon időszak alatt az üvegházhatású gázkibocsátási intenzitás 8,3%-kal lett kevesebb (*Wiedemann és mtsai*, 2021).

A mezőgazdasági termelés éghajlati és környezeti hatásainak vizsgálatokor kulcsfontosságú figyelembe venni a kibocsátás és a vízproblémák mellett az

erdőgazdálkodás és a fenntartható mezőgazdaság lehetőségét, mint az egyetlen gazdasági tevékenységeket, amelyek képesek természetes szénmegkötő funkciókat biztosítani (*Idel és mtsai*, 2014). A gyepre alapozott termelési rendszerek jelentős szerepet játszanak a szénmegkötésben, csökkentve a felhasznált takarmány-, műtrágya- és üzemanyag mennyiségét, költségét. Ezek a gyakorlati megoldások hozzájárulnak a húsmarhatartás és tenyésztés általános fenntarthatóságához (*HCS*, 2021).

KÖVETKEZTETÉSEK

A szakirodalmi feldolgozás alapján megállapítható, hogy a legelőalapú, megfelelően megvalósított marhahústermelési rendszereknek sokrétű szerepük van. Az élelmiszerelőállítás mellett meghatározó mértékben hozzájárulnak a biodiverzitás, a szénmegkötés, a talajtermékenység fenntartásához, az erózió és erdőtüzek megelőzéséhez, a vidéki közösségek megélhetéséhez, valamint a hagyományok és a kulturális örökség megőrzéséhez. A fenntarthatóság fejlesztése, gazdasági és környezeti szempontból is elősegíthető a genomikai szelekció, a megfelelő legeltetési-, takarmányozási- és szakszerű telepírányítási rendszerek használatával. A szemle cikk fő következtetése az, hogy a marhahúságazatban résztvevők a legújabb kutatási eredmények, technológiák alkalmazásával, a fogyasztói tudatossággal és a fenntarthatóságra összpontosító döntéseikkel együttesen csökkenthetik az ágazat környezeti lábnyomát, és javíthatják a hatékonyságát. Az áttekintésben hivatkozott irodalomból leszűrhető tanulság, hogy fontos a helyi feltételek és lehetőségek kihasználása, miközben hangsúlyos a társadalmi és kulturális szempontok jövőbeli növekvő szerepe a marhahúságazat fenntarthatóságában. Az utóbbi két szempont jelentősége fontos, újszerű tényező ezen a területen.

IRODALOMJEGYZÉK

- Axelsson, R. - Angelstam, P. - Degerman, E. - Teitelbaum, S. - Andersson, K. - Elbakidze, M. - Drotz, M. K.* (2013): Social and cultural sustainability: Criteria, indicators, verifier variables for measurement and maps for visualization to support planning. *AMBIO*, 42. 215–228.
- Battagliese, T. - Andrade, J. - Schulze, I. - Uhlman, B. - Barcan, C.* (2013): More sustainable beef optimization project: Phase 1 final report. BASF Corporation. 100 Park Avenue, Florham Park, NJ, 07932.
- Beef Research* (2021a): Cattle and the environment: Leading way in conservation. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.
- Beef Research* (2021b): Quick stat calculations - sustainability research: statistics on U.S. Improvements in Beef Production and Emission Intensity. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.
- Beef Research* (2021c): Beef's role in greenhouse gas emissions. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.
- Beef Research* (2021d): Beef sustainability: Environmental, social and economic impact. Hozzáférés dátuma: 23.05.2023.
- Beef Research* (2021e): Beef sustainability, cattle: The ultimate upcyclers. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.
- Boyer, C. N. - Griffith, A. P. - DeLong, K. L.* (2020): Reproductive failure and long term profitability of spring and fall calving beef cows. *J. Agric. Resour. Econ.*, 45. 78-91.

- Broocks, A. - Buchanan, J. - Place, S. - Rolf, M. - Calvo-Lorenzo, M.* (2021): Tough questions about beef sustainability: Does beef really use that much water? *Beef Research*, Oklahoma State University. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.
- Broom, D. M.* (2019): Land and water usage in beef production systems. *Anim.*, 9. 286.
- Canadian Roundtable for Sustainable Beef* (2022). Hozzáférés dátuma: 2024.01.02.
- Diskin, M. - Kenny, D.* (2016): Managing the reproductive performance of beef cows. *Theriogenology*, 86. 379-387.
- European Commission* (2020): Farm to fork strategy for a fair, healthy and environmentally friendly food system - Food Safety. European Commission. Hozzáférés dátuma: 2023.05.24.
- European Public Health Alliance* (2021): Meat production & consumption (in Europe) and public health. Hozzáférés dátuma: 2023.05.24.
- European Roundtable for Beef Sustainability* (2013): SAI platform beef working group, Principles for sustainable beef farming. Hozzáférés dátuma: 2023.05.25.
- FAO* (2016): The contributions of livestock species and breeds to ecosystem services. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.
- FAOSTAT* (2020): Statistical division. Hozzáférés dátuma: 2021.02.01.
- Griffith, A. P. - Boyer, C. N.,* (2021): What is economic sustainability and why does it matter? University of Tennessee, National Cattlemen's Beef Association, Centennial, Colorado, United States.
- Hereford Cattle Society* (2021): Herefords bolster sustainability credentials. Hozzáférés dátuma: 2023.05.20.
- Herron, J. - Curran, T. P. - Moloney, A. P. - McGee, M. - O'Riordan, E. G. - O'Brien, D.* (2021): Life cycle assessment of pasture-based suckler steer weanling-to-beef production systems: Effect of breed and slaughter age. *Animal*, 15. 100247.
- Hocquette, J. F. - Ellies-Oury, M. P. - Lherm, M. - Pineau, C. - Deblitz, C. - Farmer, L.* (2018): Current situation and future prospects for beef production in Europe - A review. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.*, 31. 1017-1035.
- Idel, A. - Fehlenberg, V. - Reichert, T.* (2014): Livestock production and food security in a context of climate change, and environmental and health challenges, Germanwatch, Bohn. Germany, Hozzáférés dátuma: 2023.10.26.
- Ihle, R. - Dries, L. - Jongeneel, R. - Venus, T. - Wesseler, J.* (2017): Research for AGRI Committee - The EU Cattle Sector: Challenges and Opportunities - Milk and Meat. European Commission, Brussels.
- IPCC* (2019): Climate change and land: an IPCC special report on climate change, desertification, land degradation, sustainable land management, food security, and greenhouse gas fluxes in terrestrial ecosystems. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.
- ICBF* (2020): Breeding for more Sustainable Beef Production. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.
- Mateescu, R. G.* (2020a): Chapter 2 - Genetics and breeding of beef cattle. In: *Fuller, W. - Bazer, K. - Lamb, G. C. - Wu, G.* (Edit.): *Animal Agriculture*. Academic Press, 21-35.
- Mateescu, R. G.* (2020b): *Academic Press, Animal Agriculture Sustainability, Challenges and Innovations*, 21-35.
- Márton, I.* (2020): Gondolatok dr. Kapronczay István „Növényt vagy állatot” című írásához, *Agrárium*7. Hozzáférés dátuma: 2020.12.09.
- Moldan, B. - Janoušková, S. - Hák, T.* (2012): How to understand and measure environmental sustainability: indicators and targets. *Ecol. Indic.*, 17. 4-13.
- Mosase, E. - Ahiablame, L. - Srinivasan, R.* (2019): Spatial and temporal distribution of blue water in the Limpopo River Basin, Southern Africa: A case study. *Ecohydrol. Hydrobiol.*, 19. 252-265.
- Murillo, W. A. - Fenton, G. D. - Fetzer, L.* (2022): Why we need to keep talking about farm stress? Hozzáférés dátuma: 2023.06.06.
- Peterson, C. - Sussell, A. - Li, J. - Schumacher, P. K. - Yeoman, K. - Stone, D. M.* (2020): Suicide rates by industry and occupation - National violent death reporting system, 32 States, 2016. *Morb. Mortal. Wkly.*, 69. 57-62.

- Pulina, G. - Acciario, M. - Atzori, A. S. - Battacone, G. - Crovetto, G. M. - Mele, M. - Pirlo, G. - Rassu, S. P. G. (2021) Animal board invited review – Beef for future: technologies for a sustainable and profitable beef industry. Anim., 15. 11.*
- REFED (2016): A roadmap to reduce U.S. food waste by 20 percent. Hozzáférés dátuma: 2023.05.23.*
- Richter, B. D. - Bartak, D. - Caldwell, P. - Davis, K. F. - Debaere, P. - Hoekstra, A. Y. - Li, T. - Marston, L. - McManamay, R. - Mekonnen, M. M. (2020): Water scarcity and fish imperilment driven by beef production. Nat. Sustain., 3. 319–328.*
- Ridoutt, B. G. - Baird, D. - Anastasiou, K. - Hendrie, G. A. (2019): Diet quality and water scarcity: Evidence from a large Australian population health survey. Nutrients, 11. 1846.*
- Smith, S. B. - Gotoh, T. - Greenwood, P. L. (2018): Current situation and future prospects for global beef production. Overview of special issue. Asian-Australas. J. Anim. Sci., 31. 927-932.*
- Snelling, W. M. - Thallman, R. M. - Spangler, M. L. - Kuehn, L. A. (2022): Breeding sustainable beef cows: Reducing weight and increasing productivity. Animals, 12. 1745.*
- Szabó, F. - Tempfli, K. - Berry, D. (2017): Genomikai tenyésztékbecslés a húsmarha tenyésztésben. Állatteny. Tak., 66. 316-330.*
- Wiedemann, S. - Biggs, L. - Watson, K. - Gould, N. - McGahan, E. (2021): Australian beef industry 35-year environmental impact trends analysis. Meat & Livestock Australia Limited. Hozzáférés dátuma: 2023.05.24.*
- Wiedinmyer, C. - Neff, J. (2007): Estimates of CO₂ from fires in the United States: Implications or carbon management. Carbon Balance Manag., 2. 10.*

Érkezett: 2024. január

Szerzők címe: Márton, J.
Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete

Authors' address: Hungarian Hereford, Angus, Galloway Association
H-7400 Kaposvár, Dénesmajor 2.
martonjuditcsuti@gmail.com

Bene, Sz.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus
Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Georgikon Campus
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.

Szabó, F.
Széchenyi István Egyetem Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar
Széchenyi István University Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

POPULÁCIÓGENETIKAI PARAMÉTEREK, TENYÉSZÉRTÉKEK ÉS TRENDK MAGYAR TARKA BIKÁK HIZLALÁSI ÉS VÁGÁSI EREDMÉNYEI ALAPJÁN

POLGÁR J. PÉTER - SZABÓ FERENC - KOVÁCS ÁKOS -
KOVÁCS-MESTERHÁZY ZOLTÁN - BENE SZABOLCS

ÖSSZEFOGLALÁS

A Szerzők a Magyartarka Tenyésztők Egyesületének ivadékteljesítmény-vizsgálati adatbázist felhasználva 1162 magyar tarka hízóbika hizlalási és vágási eredményei alapján populációgenetikai paramétereket, tenyészértékeket, valamint fenotípusos és genetikai trendeket becsültek. A trendszámításhoz súlyozott lineáris regresszió-analízist, a paraméterbecsléshez többtényezős varianciaanalízist használtak. A legkisebb öröklődhetőségi értéket (0,23) a SEUROP faggyússági pontszám esetén kapták. Az izmoltsági pontszám, a SEUROP izmoltsági pontszám és a színhús százalék öröklődhetősége közepes volt ($h^2 = 0,32, 0,26, \text{ ill. } 0,32$). A többi tulajdonság h^2 értéke nagy volt (0,42-0,52). A 2001 és 2019 között született bikák hizlalási és vágási tulajdonságainak fenotípusos trendje stagnáló tendenciát mutatott. Az apák tenyészértékei között egyes tulajdonságoknál (életnapra jutó súlygyarapodás, hasított test súlya) nagyobb, más tulajdonságoknál (vágási százalék, SEUROP izmoltsági pontszám) kisebb eltéréseket találtak. A genetikai trendszámítás adatai szerint a vizsgált tulajdonságok meredekségi értékei pozitívak voltak, a becsült időszakban a genetikai trendek enyhén javuló irányt mutattak. Megállapították, hogy a magyar tarka fajta hústermelő-képessége az elmúlt időszakban nem csökkent.

Polgár, J. P. - Szabó, F. - Kovács, Á. - Kovács-Mesterházy, Z. - Bene, Sz.: SOME POPULATION GENETIC ASPECTS OF BEEF PRODUCTION OF DUAL PURPOSE HUNGARIAN SIMMENTAL SLAUGHTERED BULLS

SUMMARY

This paper presents the results of the study on phenotypic and genetic trends, population genetic parameters, heritability and breeding values of fattening and slaughter traits of 1358 Hungarian Simmental bulls evaluated on the progeny test database of Association of Hungarian Simmental Breeders. Trends were calculated by weighted linear regression analysis, while the population genetic parameters and breeding values used general linear model (GLM). According to the results, the lowest heritability value ($h^2 = 0.23$) in SEUROP fatness score was found. In case of the muscularity score, the SEUROP conformation score and the meat percentage medium ($h^2 = 0.32, 0.26$ and 0.32), in case of other traits high heritability ($h^2 = 0.42-0.52$) values were estimated. The phenotypic trends of the fattening and slaughtering traits of bulls born between 2001 and 2019 showed a stagnant direction. Between the breeding values of sires for some traits (weight gain per day of life, carcass weight) larger, with other traits (dressing percentage, SEUROP conformation score) smaller differences were found. By the data of the genetic trend calculation, the steepness values of the evaluated traits were positive, the genetic trends showed a slightly improving direction in the estimated period. The results indicate that the beef production ability of dual purpose Hungarian Simmental breed has not reduced in the past years.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

Napjainkban a gazdaságok meglehetősen kevés bikát és üszőt hizlalnak - közepes, illetve nagy élősúlyra - Magyarországon. A húshasznú állományokból származó választott borjak nagy része, mint hízóalapanyag elhagyja az országot, és külföldön kerül hizlalásra, majd vágásra. Ebből adódóan hazánkban, az utóbbi időben csak meglehetősen kevés tapasztalattal rendelkezünk a különböző fajtájú, genotípusú és ivarú szarvasmarhák hizlalási és vágási teljesítményéről (Holló és mtsai, 2008). Ilyen adatok a nemzetközi szakirodalomban is kisebb arányban állnak rendelkezésre (Özlütürk és mtsai, 2004; Geuder és mtsai, 2012; Bureš és Bartoň, 2018).

A különböző fajtájú szarvasmarhák hizlalási és vágási tulajdonságainak öröklődhetőségéről számos forrásadat található a szakirodalomban. Crews és mtsai (2003) szerint a vágási súly és a hasított felek súlyának h^2 értéke 0,47, ill. 0,53 volt szimentáli állományokban. Su és mtsai (2017) a hasított test súlyának öröklődhetőségére az előzőnél kisebb (0,34) adatot közöltek. Hickey és mtsai (2007) több fajtát érintő adatbázis kiértékelése során az SEUROP minősítési pontszámok öröklődhetőségét kicsinek (0,17-0,26) találták. Rumph és mtsai (2007) vizsgálatában a szimentáli apaságú hízóbikák hasított féltesthez kötődő tulajdonságainak a h^2 értéke 0,12-0,34 közötti értéket mutatott. Engellandt és mtsai (1999) eredményei alapján a gelbvieh fajtájú hízóbikák vágási százalékának az öröklődhetősége 0,50 volt. Több fajta adatait tartalmazó adatbázis kiértékelését követően Coyne és mtsai (2019) az előzőhöz hasonló h^2 értéket (0,48) tapasztaltak a vágási százalék esetén. Az izmoltsági pontszám öröklődhetőségét Cesarani és mtsai (2020) olasz szimentáli állományban alacsonynak (0,23) találták.

Az ivadékok hústermelő-képességét, azaz a növekedés ütemét, a súlygyarapodást, vagy a vágási mutatószámokat - a genetikai tényezők mellett - nagymértékben befolyásolhatják a különböző környezeti hatások is (Vorísková és mtsai, 2002). A hizodalmasságot és a vágóértéket befolyásoló környezeti tényezők vizsgálatáról számos szakirodalmi forrásmunka látott napvilágot (Gregory és mtsai, 1994; Steen, 1995; Laborde és mtsai, 2001; Bjelka és mtsai, 2002). A nevezett forrásmunkák eredményeit korábbi munkánkban (Polgár és mtsai, 2005) részletesen bemutattuk, így azokat itt nem részletezzük.

A hizlalási és vágási tulajdonságok fenotípusos és genetikai trendjének alakulásáról nagyon kevés újszerű adatot találtunk a szakirodalomban (Emmerling és mtsai, 2019). Szimentáli fajtában Elzo és mtsai (1987), bajor tarka fajtában Kögel és mtsai (1995) közöltek adatokat, de ezek meglehetősen réginek tekinthetők. Potočnik és mtsai (2007) szlovén szimentáli állományokban számos tejtermeléshez, küllemhez és vágáshoz kapcsolódó tulajdonságban növekvő genetikai trendeket állapítottak meg. Kaps és mtsai (2000) ivadékvizsgálatban részt vevő szimentáli hízóbikák életnapra jutó súlygyarapodásának fenotípusos trendjében nem tapasztaltak tendenciaszerű változást. Ehhez hasonló adatokat közöltek Röhrmohser és Pichler (2002) is.

A fentiek tükrében jelen munkánk célja az öröklődhetőségi- és tenyésztékek meghatározása volt magyar tarka fajtájú hízóbikák ivadékteljesítmény-vizsgálata (ITV) során rögzített hizlalási és vágási tulajdonságokban. Kíváncsiak voltunk arra, hogy az elmúlt 20 évben milyen irányt mutatott a vizsgált tulajdonságok fenotípusos és genetikai trendje.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Jelen dolgozatunk két korábbi munkánk (*Polgár és mtsai, 2016; Bene és mtsai, 2016*) eredményeire épül. Ezért az adatbázis összeállításában, valamint a módszertani részekben sok hasonlóság található, melyek ismétlésétől jelen kéziratban eltekintünk.

A felhasznált adatbázis

Munkánk során Magyartarka Tenyésztők Egyesületének (MTE) országos ITV adatbázisát dolgoztuk fel, melyben 1162 fajtatizta magyar tarka hízóbika hizlalási és vágási adatai szerepeltek. A hízóbikák összesen 111 apa és 1023 anya ivadékaik voltak. Az apánkénti ivadékok száma 5 és 31 között változott, az egy apára jutó ivadékok száma átlagosan 10,5 volt. A hízóbikák 2001. január 8. és 2019. december 8. között születtek, a vágások 2002. május 13. és 2021. május 3. között zajlottak. A legfiatalabb hízóbika 12 hónapos, a legidősebb pedig 27 hónapos korban került vágásra. Az ITV lebonyolításában összesen 10 hizlaló üzem (hizlalda) vett részt.

Az ITV szervezésének és lebonyolításának a menetét, valamint a hízóbikák tartásának és takarmányozásának a körülményeit *Füller és mtsai (2009)* részletesen ismertették. Az adatok gyűjtését a MTE munkatársai rendszeresen felügyelték. A különböző vágóhidakon a mérések (pl. élősúlymérés a vágás előtt, hasított felek mérése a vágás után stb.) azonos módszerrel, a vágási technológia szempontjából azonos időpontokban történtek.

Az értékelt tulajdonságok

Munkánk során 10 tulajdonságot értékeltünk, melyek a következők voltak: izmoltsági pontszám (IZM), hizlalási végsúly (HVS), életnapra jutó súlygyarapodás (SGY), vágási súly (VVS), hasított test súlya (CAR), vágási százalék (VSZ), életnapra jutó csontos hús termelés (CST), SEUROP izmoltsági és faggyússági pontszám (EUR, FAP), ill. színhús százalék (HUS). Ezek jelölését, illetve a számításuk módját az *1. táblázatban* foglaltuk össze.

A környezeti tényezők hatásának vizsgálata

Az adatok kiértékelését többtényezős variancia-analízissel (*General Linear Model - GLM*) végeztük. A modell összeállítása során a hízóbikák apját véletlen (random), a hizlalás helyét (azt a hizlaló telepet, ahonnan az ivadék a vágóhídra került) és a hízóbikák születési évét fix hatásként vettük figyelembe (*Lee és mtsai, 1997*). A hízóbikák vágáskori életkorát kovariánsként építettük a modellbe. A munka során a fent nevezett tíz tulajdonságot egymástól külön kezeltük és külön-külön modellszámítást (futtatást) végeztünk. Az alkalmazott becslő modellek általános alakját a következőképp írtuk fel:

$$\hat{y}_{hijkl} = \mu + S_h + F_i + Y_j + b(x_{hijk} - X) + e_{hijk}$$

1. táblázat

A vizsgált tulajdonságok

Tulajdonság (1)	Jelölés (12)	Számítási, vagy mérési módszer (13)
Izmoltsági pontszám (pont) (2)	IZM	Egyedileg bírálva a küllemi bírálat során (14)
Hizlalási végsúly (kg) (3)	HVS	A hizlalás végén egyedileg mérve (15)
Életnapra jutó súlygyarapodás (g/nap) (4)	SGY	HVS / vágási életkor (16) (VÉK) x 1000
Vágási súly (kg) (5)	VVS	Vágás előtt egyedileg mérve a vágóhídon (17)
Hasított test súly (kg) (6)	CAR	Egyedileg mérve a hasítás után (18)
Vágási százalék (%) (7)	VSZ	CAR / VVS x 100
Életnapra jutó csontos hús termelés (g/nap) (8)	CST	CAR / VÉK x 1000
SEUROP izmoltsági pontszám (pont) (9)	EUR	A SEUROP rendszer szerint egyedileg bírálva. P = 1 pont, E = 5 pont (19)
SEUROP faggyússági pontszám (pont) (10)	FAP	A SEUROP rendszer szerint egyedileg bírálva. 1 = 1 pont, 5 = 5 pont (20)
Színhús százalék (%) (11)	HUS	színhús (21) / CAR x 100

Table 1. The evaluated traits

traits (1); muscularity score (point) (2); final fattening weight (kg) (3); weight gain per day of life (g/day) (4); slaughter weight (kg) (5); carcass weight (kg) (6); dressing percentage (%) (7); bone-meat production per day of life (g/day) (8); SEUROP conformation score (point) (9); SEUROP fat coverage score (point) (10); meat percentage (%) (11); sign (12); calculation and measuring method (13); individually rated under the conformation scoring (14); individual live weight measured at the end of fattening (15); slaughter age (16); individual live weight measured in the slaughter house before slaughter (17); individual carcass weight after the splitting (18); individual SEUROP conformation score of carcass in 5 categories from P = 1 point to E = 5 point (19); individual SEUROP fatness score of carcass in 5 categories from 1 = 1 point to 5 = 5 point (20); meat (21)

(Ahol \hat{y}_{hijk} = „h” apától, „i” helyen hizlalt „j” évben született, „k” korú hízóbika vizsgált tulajdonsága; μ = az összes megfigyelés átlaga; S_h = az apa véletlen hatása; F_i = a hizlalás helyének fix hatása; Y_j = a születési évjárat fix hatása; b = regressziós koefficiens (vágási életkor); e_{hijk} = véletlen hiba).

Populációgenetikai paraméterek, tenyésztékek

A populációgenetikai paraméterek számítása Szőke és Komlósi (2000), valamint Lengyel és mtsai (2004) útmutatása alapján, - a fent bemutatott - GLM módszerrel (ANOVA Type III) történt. A munka során minden tulajdonság esetén négy értéket, az ivadékcsoportok közötti (genetikai) varianciát (V_g), az ivadékcsoporton belüli (környezeti) varianciát (V_k), a fenotípusos varianciát (V_f) és az örökölhetőségi értéket (h^2) határoztuk meg. Ezek számításának a módját korábbi dolgozatunkban (Bene, 2013) részletesen ismertettük.

A vizsgálatban részt vevő apák tenyésztékét is megbecsültük az értékelte tulajdonságokban. A tenyésztéket mind a tíz értékmérő tulajdonság esetén az apa ivadékcsoportjának átlagos teljesítménye, valamint a teljes populáció átlagos teljesítményének a különbségeként határoztuk meg:

$$TÉ = (x_i - X_i) \times 2$$

(Ahol: $TÉ$ = az apa tenyésztési értéke adott tulajdonságban; x_i = az apa ivadékcsoportjának átlagteljesítménye az adott tulajdonságban; X_i = a teljes vizsgált hízóbika-populáció átlagteljesítménye az adott tulajdonságban.)

A tenyésztési értékeket valamennyi apa esetén meghatároztuk, de azokat kéziratunkban - táblázatos formában - csak a 10 legtöbb ivadékkal rendelkező apa esetén mutatjuk be.

Fenotípusos és genetikai trendek

A fenotípusos trendek számításakor a hízóbikák születési évenkénti átlageredményeiből indultunk ki. A vizsgált tulajdonságok évenkénti átlagára egytényezős lineáris regresszió-analízis segítségével egyeneseket illesztettünk. Független változónak az értékelt tulajdonságot, független változónak pedig a születési évjáratot tekintettük. Az alkalmazott egytényezős lineáris regressziós egyenlet általános alakja az alábbi volt:

$$Y = a + bX$$

(Ahol: Y = a mért tulajdonság átlagos fenotípusos értéke; a = tengelymetszet; b = meredekség, a tulajdonság változásának és irányának a nagysága; X = az ivadékteljesítmény-vizsgálatban részt vevő hízóbika születési évjárata.)

A vizsgált tíz érték mérő tulajdonság alakulásának genetikai trendjét - *Ostler és mtsai* (2005) vizsgálatához hasonlóan - az azonos évben született apák átlagos tenyésztési értékéből határoztuk meg. Korábbi vizsgálatunkhoz (*Bene és mtsai*, 2021) hasonlóan a számításokat súlyozott egytényezős lineáris regresszió analízis segítségével végeztük, függő változónak az átlagos tenyésztési értéket, független változónak az apa születési évjáratát, súlynak pedig az apánkénti ivadékok számát tekintettük.

Felhasznált szoftverek

Az adatok előkészítése Microsoft Excel 2003 és Word 2003 programokkal történt. Az adatbázis kiértékelését az SPSS 27.0 (2020) statisztikai programcsomaggal végeztük.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉS

Fenotípusos trendek

A teljes populáció átlagában IZM = 6,8 pont, HVS = 651,6 kg, SGY = 1217 g/nap, VVS = 611,1 kg, CAR = 369,3 kg, VSZ = 60,4%, CST = 689 g/nap, EUR = 3,6 pont (U), FAP = 2,5 pont ill. HUS = 70,6% volt. A vonatkozó szakirodalmi források jellemzően kisebb HVS-ról (*Özlütürk és mtsai*, 2004), hasonló SGY-ról (*Bureš és Bartoň*, 2018), ill. kismértékben kisebb VSZ-ról (*Cesarini és mtsai*, 2020) számoltak be. *Gregory és mtsai* (1994) eredményeinkhez hasonló, *Laborde és mtsai* (2001) attól lényegesen eltérő VVS (659 kg), ill. CAR (405 kg) adatokat közöltek.

Statistikailag megbízható fenotípusos trendeket csak három tulajdonság, az IZM, az EUR és a FAP esetén találtunk (2. táblázat).

2. táblázat

Fenotípusos trendek a vizsgált tulajdonságokban

Tul. (1)	Merekség (bX) (2)			Tengelymetszet (a) (3)			Illeszkedés (4)	
	b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
IZM	+0,04	0,02	<0,05	-78,49	38,02	<0,05	0,24	<0,05
HVS	-1,18	1,54	NS	3017,80	3087,12	NS	0,04	NS
SGY	+2,06	1,70	NS	-2929,32	3417,31	NS	0,08	NS
VVS	-2,38	1,37	<0,10	5399,18	2751,76	<0,10	0,16	<0,10
CAR	-1,20	0,88	NS	2786,20	1761,04	NS	0,11	NS
VSZ	+0,05	0,03	<0,10	-50,17	57,70	NS	0,19	<0,10
CST	-0,29	1,13	NS	1263,08	2273,01	NS	0,00	NS
EUR	+0,03	0,01	<0,05	-49,81	20,15	<0,05	0,30	<0,05
FAP	+0,03	0,01	<0,05	-48,20	18,61	<0,05	0,32	<0,05
HUS	+0,07	0,05	NS	-76,24	106,27	NS	0,11	NS

X = a bika születési éve (5); IZM = izmoltsági pontszám (pont) (6); HVS = hizlalási végsúly (kg) (7); életnapra jutó súlygyarapodás (g/nap) (8); VVS = vágási súly (kg) (9); CAR = hasított test súlya (kg) (10); VSZ = vágási százalék (%) (11); CST = életnapra jutó csontos hús termelés (g/nap) (12); EUR = SEUROP izmoltsági pontszám (pont) (13); FAP = SEUROP fagyússági pontszám (pont) (14); HUS = színhús százalék (%) (15)

Table 4. Phenotypic trend of the estimated traits

traits (1); slope (2); intercept (3); fitting (4); X = birth year of bull (5); IZM = muscularity score (point) (6); HVS = final fattening weight (kg) (7); SGY = weight gain per day of life (g/day) (8); VVS = slaughter weight (kg) (9); CAR = carcass weight (kg) (10); VSZ = dressing percentage (%) (11); CST = bone-meat production per day of life (g/day) (12); EUR = SEUROP conformation score (point) (13); FAP = SEUROP fat coverage score (point) (14); HUS = meat percentage (%) (15)

Mindhárom tulajdonság esetén a merekség (b) pozitív előjelű volt, így ezekben a tulajdonságokban évenként kismértékű, növekvő tendenciát tudunk megállapítani (+0,04, +0,03, ill. +0,03 pont/év). A többi tulajdonság esetén a merekség értéke nagyon kicsinek bizonyult, azaz azok évenkénti alakulásában sem javuló, sem romló tendencia nem volt megfigyelhető.

A fenotípusos trendszámítás eredményei az előzetes várakozásainktól elmaradtak. Korábban (Bene és mtsai, 2016) kismértékű növekedést figyeltünk meg a magyar tarka bikák hizlalási és vágási tulajdonságainak fenotípusos trendjében, jelen vizsgálat eredményei inkább stagnáló állapotot mutattak. Jelen eredmények eltérők voltak Füller és mtsai (2009) dolgozatában bemutatott adatoktól is, akik szintén kismértékű növekvő tendenciákat figyeltek meg hasonló értékmerő tulajdonságokban.

Populációgenetikai paraméterek, tenyésztérek

A vizsgált tulajdonságok számított populációgenetikai paramétereit a 3. táblázatban foglaltuk össze. Az IZM, az EUR a FAP, valamint a HUS közepes öröklődhetőséget mutatott ($h^2 = 0,23-0,32$). A többi tulajdonság öröklődhetősége jó volt ($h^2 = 0,42-0,52$). A SE értékek alapján h^2 értékek statisztikai értelemben vett megbízhatósága kielégítő volt.

3. táblázat

A vizsgált tulajdonságok populációgenetikai paramétereit

Tulajdonság (1)	σ_d^2	σ_e^2	σ_p^2	$h^2 \pm SE$
IZM	0,5	1,1	1,6	0,32 \pm 0,09
HVS	2423,7	3168,8	5592,5	0,43 \pm 0,10
SGY	7796,3	10808,3	18604,6	0,42 \pm 0,11
VVS	2441,0	2714,4	5155,4	0,47 \pm 0,11
CAR	945,5	1066,3	2011,8	0,47 \pm 0,14
VSZ	4,1	3,8	7,9	0,52 \pm 0,10
CST	3233,0	3656,7	6889,7	0,47 \pm 0,10
EUR	0,1	0,3	0,4	0,26 \pm 0,09
FAP	0,1	0,2	0,2	0,23 \pm 0,09
HUS	2,2	4,6	6,8	0,32 \pm 0,09

σ_d^2 = additív direkt genetikai variancia (2); σ_e^2 = környezeti variancia (3); σ_p^2 = fenotípusos variancia (4); h^2 = öröklődhetőség (5); IZM = izmoltsági pontszám (6); HVS = hizlalási végsúly (7); életnapra jutó súlygyarapodás (8); VVS = vágási súly (9); CAR = hasított test súlya (10); VSZ = vágási százalék (11); CST = életnapra jutó csontos hús termelés (12); EUR = SEUROP izmoltsági pontszám (13); FAP = SEUROP faggyússági pontszám (14); HUS = színhús százalék (15)

Table 3. Population genetic parameters of the examined traits

traits (1); σ_d^2 = additive direct genetic variance (2); σ_e^2 = residual variance (3); σ_p^2 = phenotypic variance (4); h^2 = heritability (5); IZM = muscularity score (point) (6); HVS = final fattening weight (kg) (7); SGY = weight gain per day of life (g/day) (8); VVS = slaughter weight (kg) (9); CAR = carcass weight (kg) (10); VSZ = dressing percentage (%) (11); CST = bone-meat production per day of life (g/day) (12); EUR = SEUROP conformation score (point) (13); FAP = SEUROP fat coverage score (point) (14); HUS = meat percentage (%) (15)

A legrosszabbul öröklődő tulajdonságnak ($h^2 = 0,23$) a FAP bizonyult, mely eredmény jórészt egyező volt a faggyútartalom és a takarmányozás (mint környezeti tényező) összefüggéseiről jól ismert szakmai axiómákkal. A többi tulajdonságra kapott öröklődhetőségi értékek hasonlóak voltak a szakirodalomban fellelhető adatokhoz (Crews és mtsai, 2003; Hickey és mtsai, 2007; Rumph és mtsai, 2007; Su és mtsai, 2017; Coyne és mtsai, 2019).

A 4. táblázatban a tenyészbikák (apák) GLM eljárással becsült tenyésztékét mutatjuk be mind a tíz vizsgált érték mérő tulajdonságban. Valamennyi tulajdonság esetén számottevő különbség adódott a tenyészbikák becsült tenyésztékében. Az SGY tekintetében a legjobb (22660-as számú bika, +160 g/nap), és a legrosz-

szabb (15669-as bika, -100 g/nap) apa tenyészértéke között 260 g/nap volt a különbség. Az EUR esetén a 15669-es apa tenyészértékét találtuk a legnagyobbinak (+0,7 pont), ami nagyságrendileg másfél osztállyal (1,4 ponttal) volt nagyobb annál, mint amit a 19227-es tenyészbika (-0,7 pont) esetén becsültünk.

4. táblázat

Az apák tenyészértékei a vizsgált tulajdonságokban

Tul. (1)	Átlag# (2)	Az apa központi lajstromszáma (3)									
		13399	15669	15670	16931	18428	19227	19300	21521	22658	22660
N	1162	27	17	17	17	18	31	18	22	20	20
		Tenyészérték±SE (4)									
IZM	6,8	0,6	0,7	-0,6	-2	-1,9	-0,1	0,4	0,7	-0,8	0,0
		±0,2	±0,2	±0,2	±0,3	±0,2	±0,1	±0,2	±0,2	±0,2	±0,2
HVS	651,6	33,8	-46	-16,8	-29,3	-46,6	22,2	2,9	6	32	111,3
		±13,8	±18,1	±18,0	±19,0	±15,6	±11,0	±17,0	±14,1	±14,8	±14,6
SGY	1217	57,6	-100,4	-57,5	44,6	-37,6	17,8	-7,2	-31,3	21,3	159,5
		±26,9	±32,1	±30,9	±31,1	±30,9	±24,0	±30,6	±27,9	±28,4	±28,6
VVS	611,1	23	-57,2	-26,1	-35,6	-53,3	13,8	-0,5	9,3	24,6	99,1
		±11,9	±17,1	±16,8	±16,8	±15,2	±10,0	±15,3	±14,0	±14,3	±14,9
CAR	369,3	-5,8	-53,9	-43,7	-37	-39,9	-22,4	1,2	6,2	5,6	53,7
		±7,0	±9,8	±9,9	±10,1	±8,6	±5,9	±8,4	±7,0	±7,3	±7,3
VSZ	60,4	-3,1	-3,1	-4,5	-2,9	-1,5	-5,2	0,1	0,0	-1,7	-1,3
		±0,4	±0,6	±0,6	±0,6	±0,6	±0,4	±0,6	±0,5	±0,6	±0,6
CST	689	-11,0	-108,5	-94,7	-28,5	-49,2	-48,8	-1,6	-8,0	-9,9	73,0
		±15,0	±18,0	±18,1	±17,9	±17,3	±12,1	±16,9	±16,0	±16,8	±16,6
EUR	3,6	-0,2	0,7	-0,7	-0,3	-0,6	-0,7	-0,1	0,4	-0,5	-0,2
		±0,1	±0,2	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1
FAP	2,5	0,1	-0,3	-0,4	-0,5	-0,2	0,1	0,4	-0,6	-0,2	0,6
		±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1	±0,1
HUS	70,6	-4,1	-2,6	-4,1	0,0	-1,2	-5,3	-0,9	1,5	-1,2	-2,8
		±0,3	±0,5	±0,6	±0,5	±0,4	±0,3	±0,5	±0,4	±0,5	±0,5

#korrigált főátlag (5); IZM = izmoltsági pontszám (pont) (6); HVS = hizlalási végsúly (kg) (7); életnapra jutó súlygyarapodás (g/nap) (8); VVS = vágási súly (kg) (9); CAR = hasított test súlya (kg) (10); VSZ = vágási százalék (%) (11); CST = életnapra jutó csontos hús termelés (g/nap) (12); EUR = SEUROP izmoltsági pontszám (pont) (13); FAP = SEUROP faggyússági pontszám (pont) (14); HUS = színhús százalék (%) (15)

Table 4. Breeding value in the estimated traits for the sires

trait (1); mean (2); identity number of sire (3); breeding value (4); corrected overall mean value (5); IZM = muscularity score (point) (6); HVS = final fattening weight (kg) (7); SGY = weight gain per day of life (g/day) (8); VVS = slaughter weight (kg) (9); CAR = carcass weight (kg) (10); VSZ = dressing percentage (%) (11); CST = bone-meat production per day of life (g/day) (12); EUR = SEUROP conformation score (point) (13); FAP = SEUROP fat coverage score (point) (14); HUS = meat percentage (%) (15)

Korábbi vizsgálatunk (Bene és mtsai, 2016) eredményeivel összhangban megállapíthatjuk, hogy a hizóbikák apja (a minősítés alatt álló tenyészbika) számottevő befolyással lehet az értékelt hizlalási és vágási tulajdonságokra. A vizsgálatban szereplő apák tenyészértéke között néhány tulajdonságban nagyobb, más esetekben kisebb különbségeket találtunk. Munkánk eredményei alapján ismételten kijelenthető, hogy egy megfelelő apaállat kiválasztásával, ill. használatával akár egy generáción belül is érzékelhetően lehet javítani a hizlalási és/vagy vágási teljesítményeket.

Genetikai trendek

Az azonos évben született apák tíz értékmérő tulajdonságban - külön-külön - becsült tenyészértékének átlagolásával kapott genetikai trendeket az 5. táblázatban foglaltuk össze. Az apák születési éve alapján a genetikai trendeket az 1993-2017 közötti időszakra tudtuk kiszámítani. Eredményeink szerint egy tulajdonság, a

5. táblázat

A vizsgált tulajdonságok genetikai trendje az apák tenyészértéke alapján

Tul. (1)	Meredekség (bX) (2)			Tengelymetszet (a) (3)			Illeszkedés (4)	
	b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
TÉ _{IZM}	+0,06	0,02	<0,05	-114,45	49,16	<0,05	0,24	<0,05
TÉ _{HVS}	+1,78	2,75	NS	-3577,37	5511,59	NS	0,02	NS
TÉ _{SGY}	+0,70	4,71	NS	-1407,77	9460,59	NS	0,00	NS
TÉ _{VVS}	+1,63	2,48	NS	-3270,88	4980,13	NS	0,02	NS
TÉ _{CAR}	+3,01	1,24	<0,05	-6041,92	2490,58	<0,05	0,26	<0,05
TÉ _{VSZ}	+0,34	0,08	<0,01	-672,72	167,05	<0,01	0,49	<0,01
TÉ _{CST}	+4,33	2,17	<0,10	-8690,56	4357,35	<0,10	0,19	<0,10
TÉ _{EUR}	+0,03	0,01	<0,05	-63,38	28,67	<0,05	0,22	<0,05
TÉ _{FAP}	-0,06	0,02	<0,01	117,12	34,75	<0,01	0,40	<0,01
TÉ _{HUS}	+0,27	0,08	<0,01	-532,25	164,43	<0,01	0,38	<0,01

X = az apa születési éve (5); TÉ_{IZM} = az izmoltsági pontszám tenyészértéke (pont) (6); TÉ_{HVS} = a hizlalási végsúly tenyészértéke (kg) (7); TÉ_{SGY} = az életnapra jutó súlygyarapodás tenyészértéke (g/nap) (8); TÉ_{VVS} = a vágási súly tenyészértéke (kg) (9); TÉ_{CAR} = breeding a hasított súly tenyészértéke (kg) (10); TÉ_{VSZ} = a vágási százalék tenyészértéke (%) (11); TÉ_{CST} = az életnapra jutó csontos hús termelés tenyészértéke (g/nap) (12); TÉ_{EUR} = a SEUROP izmoltsági pontszám tenyészértéke (pont) (13); TÉ_{FAP} = a SEUROP faggyússági pontszám tenyészértéke (pont) (14); TÉ_{HUS} = a színhús százalék tenyészértéke (%) (15)

Table 5. Genetic trend of the estimated traits based on BV of sires

trait (1); slope (2); intercept (3); fitting (4); X = birth year of sire (5); TÉ_{IZM} = breeding value of muscularity score (point) (6); TÉ_{HVS} = breeding value of final fattening weight (kg) (7); TÉ_{SGY} = breeding value of weight gain per day of life (g/day) (8); TÉ_{VVS} = breeding value of slaughter weight (kg) (9); TÉ_{CAR} = breeding value of carcass weight (kg) (10); TÉ_{VSZ} = breeding value of dressing percentage (%) (11); TÉ_{CST} = breeding value of bone-meat production per day of life (g/day) (12); TÉ_{EUR} = breeding value of SEUROP conformation score (point) (13); TÉ_{FAP} = breeding value of SEUROP fat coverage score (point) (14); TÉ_{HUS} = breeding value of meat percentage (%) (15)

FAP esetén az átlagos tenyészték időbeni változása (b) negatív irányú volt, a többi tulajdonság esetén a regresszió analízis során meghatározott meredekség (b) értéke pozitív irányt mutatott. A pozitív eredményekhez azért azt hozzá kell tenni, hogy a tulajdonságonkénti átlagos tenyészték évről évre történő javulása meglehetősen lassú ütemű volt (pl. VSZ esetén évente átlagosan csupán 0,34% mértékben nőtt a tenyészték). Hat tulajdonság esetén a genetikai trendek megbízhatósága statisztikai értelemben véve igazolható volt. A legtöbb vizsgált értékmérő tulajdonság esetén a genetikai trendek egyértelműen a nemesítői munka során felhasznált apaállatok minőségének, tenyésztékének a javulását mutatták. Eredményeinkhez hasonlóan több forrásmunka (*Potočnik és mtsai, 2007; Emmerling és mtsai, 2009*) is a genetikai trendek növekedéséről számolt be. Ugyanakkor *Kaps és mtsai (2000)*, valamint *Röhrmoser és Pichler (2002)* az SGY genetikai trendjét stagnáló jellegűnek találták.

KÖVETKEZTETÉSEK

A szimentáli fajtacsoport egyedei általában jó hústermelők, de a tejtermelésük a tejhasznú fajtakénál jóval gyengébb. Ennek következtében a figyelem a magyar tarka fajtában elsősorban a tejtermelő-képesség és a másodlagos tulajdonságok javítására irányult, így a hústermelő-képesség esetén pedig már a szinten tartás, illetve a kismértékű javulás is elfogadható eredménynek tekinthető. Ez utóbbi megállapítást jelen dolgozatunk eredményei teljes mértékben alátámasztják.

A hús tenyészték index a kettőshasznosítású termelési index 27%-át teszi ki. A hús tenyészték index jelenleg három tulajdonság tenyésztékéből tevődik össze, ezek a csontos hús termelés, a színhús-százalék és a SEUROP izmoltsági pontszám (*Húth és mtsai, 2013; Kovács-Mesterházy, 2021*). Eredményeink alapján úgy tűnik, hogy a tejtermelés és a hústermelés céljából végzett egyidejű szelekció nem okoz sem érdemi javulást, sem pedig romlást a magyar tarka fajtában növekedési és vágási tulajdonságaiban.

FELHASZNÁLT IRODALOM

- Bene, Sz. (2013):* Különböző fajtájú mének STV eredménye hazánkban 1998-2010 között. 6. közlemény: Populációgenetikai paraméterek, tenyésztékek. Állatteny. Tak., 62. 21-36.
- Bene, Sz. - Vigh, Z. - Húth, B. - Füller, I. - Wagenhoffer, Zs. - Polgár, J. P. (2016):* Magyar tarka hizóbikák hizlalási és vágási eredménye ivadékteljesítmény-vizsgálat alapján 2. közlemény: Populációgenetikai paraméterek, tenyésztékek és trendek. Állatteny. Tak., 65. 55-70.
- Bene, Sz. - Polgár, J. P. - Szűcs, M. - Márton, J. - Szabó, E. - Szabó, F. (2021):* Environmental effects, population genetic parameters, breeding value, phenotypic and genetic trend for age at first calving of Limousin cows. JCEA, 22. 240-249.
- Bjelka, M. - Subrt, J. - Polách, P. - Krestynová, M. - Uttendorfsky, K. (2002):* Carcass quality in crossbred bulls in relation to SEUROP system grading. Czech J. Anim. Sci., 47. 467-475.
- Bureš, D. - Bartoň, L. (2018):* Performance, carcass traits and meat quality of Aberdeen Angus, Gascon, Holstein and Fleckvieh finishing bulls. Liv. Sci., 214. 231-237.
- Cesarani, A. - Hidalgo, J. - Garcia, A. - Degano, L. - Vicario, D. - Masuda, Y. - Misztal, I. - Lourenco, D. (2020):* Beef trait genetic parameters based on old and recent data and its implications for genomic predictions in Italian Simmental cattle. J. Anim. Sci., 98.skaa242.

- Coyne, J. M. - Evans, R. D. - Berry, D. P. (2019): Dressing percentage and the differential between live weight and carcass weight in cattle are influenced by both genetic and non-genetic factors. *J. Anim. Sci.*, 97. 501-1512.
- Crews, D. H. - Pollak, E. J. - Weaber, R. L. - Quaas, R. L. - Lipsey, R. J. (2003): Genetic parameters for carcass traits and their live animal indicators in Simmental cattle. *J. Anim. Sci.*, 81. 1427-2433.
- Elzo, M. A. - Pollak, E. J. - Quaas, R. L. (1987): Genetic trends due to bull selection and differential usage in the Simmental population. *J. Anim. Sci.*, 64. 983-991.
- Emmerling, R. - Dodenhoff, J. - Krogmeier, D. (2019): Genetische trends für Fleckvieh in Bayern. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft Institut für Tierzucht, Grub, Deutschland.
- Engellandt, T. - Reinsch, N. - Schild, H. J. - Kalm, E. (1999): Genetic parameters from two different field testing schemes for beef traits of German Gelbvieh finishing bulls. *Liv. Prod. Sci.*, 60. 219-228.
- Füller, I. - Stefler, J. - Bene, Sz. - Kiss, B. - Fördős, A. - Szabó, F. - Polgár J. P. (2009): Hizlalási és vágási paraméterek örökölhetősége és tenyésztéke a mai kettőshasznosítású magyar tarka fajtában. *Állatteny. Tak.*, 58. 315-325.
- Geuder, U. - Pickl, M. - Scheidler, M. - Schuster, M. - Götz, K. U. (2012): Growth performance, carcass traits and meat quality of Bavarian cattle breeds. *Züchtungskunde*, 84. 485-499.
- Gregory, K. E. - Cundiff, L. V. - Koch, R. M. - Dikeman, M. E. - Koohmaraie, M. (1994): Breed effects and retained heterosis for growth, carcass, and meat traits in advanced generations of composite populations of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 72. 833-850.
- Hickey, J. M. - Keane, M. G. - Kenny, D. A. - Cromie, A. R. - Veerkamp, R. F. (2007): Genetic parameters for EUROP carcass traits within different groups of cattle in Ireland. *J. Anim. Sci.*, 85. 314-321.
- Holló G. - Füller I. - Tóth A. (2008): Magyar tarka tenyész bikák hús tenyésztékeinek összehasonlító elemzése. *Acta Agr. Kaposváriensis*, 12. 3.1-10.
- Húth, B. - Holló, I. - Füller, I. - Polgár, J. P. - Komlósi, I. (2013): Tenyésztési stratégia a magyartarka nemesítésében. *Állatteny. Tak.*, 62. 384-397.
- IBM Corporation (2020): IBM SPSS Statistics for Windows. Version 27.0, Armonk, NY.
- Kapš, M. - Posavi, M. - Stipič, N. - Mikulič, B. (2000): Genetic evaluation of semen and growth traits of young Simmental bulls in performance test. *Agric. Conspec. Sci.*, 65. 15-20.
- Kovács-Mesterházy, Z. (2021): Magyar tarka tenyész bika teljesítmény összesítő. Magyartarka Tenyésztők Egyesülete, Bonyhád.
- Kögel, J. - Graser, H. U. - Matzke, P. - Pickl, M. (1991): Entwicklung der Fleischleistung von Bayerischen Fleckvieh im Zeitraum 1965-1990. *Züchtungskunde*, 63. 354-365.
- Laborde, F. L. - Mandell, I. B. - Tosh, J. J. - Wilton, J. W. - Buchanan-Smith, J. G. (2001): Breed effects on growth performance, carcass characteristics, fatty acid composition, and palatability attributes in finishing steers. *J. Anim. Sci.*, 79. 355-365.
- Lee, C. - Van Tassel, C. P. - Pollak, E. J. (1997): Estimation of genetic variance and co-variance components for weaning weight in Simmental cattle. *J. Anim. Sci.*, 75. 325-330.
- Lengyel, Z. - Balika, S. - Polgár, J. P. - Szabó, F. (2004): Hazai limousin állományok ellés lefolyásának és választási eredményeinek vizsgálata. 2. közlemény: Apa- és egyedmodell összehasonlítása. *Állatteny. Tak.*, 53. 199-211.
- Ostler, S. - Fries, R. - Emmerling, R. - Götz, K. U. - Aumann, J. - Thaller, G. (2005): Investigation of determinants for the genetic progress in the Bavarian Fleckvieh. *Züchtungskunde*, 77. 341-357.
- Özlütürk, A. - Tüzemen, N. - Yanar, M. - Esenbuga, N. - Dursun, E. (2004): Fattening performance, carcass traits and meat quality characteristics of calves sired by Charolais, Simmental and Eastern Anatolian Red sires mated to Eastern Anatolian Red dams. *Meat Sci.*, 67. 463-470.
- Polgár, J. P. - Wagenhoffer, Zs. - Grubics, Zs. - Hornyák, Z. - Török, M. - Lengyel, Z. - Szabó, F. (2005): Red angus F₁ és R₁ hízómarhák vágási és csontozási eredményeinek értékelése. *Állatteny. Tak.*, 54. 109-120.
- Polgár, J. P. - Vigh, Z. - Húth, B. - Füller, I. - Wagenhoffer, Zs. - Bene, Sz. (2016): Magyar tarka hízó bikák hizlalási és vágási teljesítménye ivadékteljesítmény-vizsgálat alapján. 1. közlemény: Néhány tényező hatása a hizlalási és vágási eredményekre. *Állatteny. Tak.*, 65. 59-74.

- Potočnik, K. - Štepec, M. - Krsnik J. (2007):* Genetic trends for production and non-production traits in Simmental breed in Slovenia. *Biotechnol. Anim. Husb.*, 23. 47-53.
- Röhrmoser, G. - Pichler, R. (2002):* Improvement of both beef and milk in one breed - with Fleckvieh Simmental. 14. World Simmental Fleckvieh Congress, 19. - 29. August 2002, South Africa, Namibia.
- Rumph, J. M. - Shafer, W. R. - Crews, D. H. - Enns, R. M. - Lipsey, R. J. - Quaas, R. L. - Pollak, E. J. (2007):* Genetic evaluation of beef carcass data using different endpoint adjustments. *J. Anim.Sci.*, 85. 1120-1125.
- Steen, R. W. J. (1995):* The effect of plane of nutrition and slaughter weight on growth and food efficiency in bulls, steers and heifers of three breed crosses. *Liv. Prod. Sci.*, 42. 1-11.
- Su, H. - Golden, B. - Hyde, L. - Sanders, S. - Garrick, D. (2017):* Genetic parameters for carcass and ultrasound traits in Hereford and admixed Simmental beef cattle: Accuracy of evaluating carcass traits. *J. Anim. Sci.*, 95. 4718-4727.
- Szőke, Sz. - Komlósi, I. (2000):* BLUP modellek összehasonlítása. *Állatteny. Tak.*, 49. 231-246.
- Vorísková, J. - Frelich, J. - Ríha, J. - Subrt, J. (2002):* Relationships between parameters of meat performance in Czech Pied bulls and their crossbreds with beef breeds. *Czech J. Anim. Sci.*, 47. 357-364.

Érkezett: 2024. január

Szerzők címe: Polgár, J. P. - Kovács, Á. - Bene, Sz.
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus
Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Georgikon Campus
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

Szabó, F.
Széchenyi István Egyetem Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar
Széchenyi István University Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Kovács-Mesterházy, Z.
Magyartarka Tenyésztők Egyesülete
Association of Hungarian Simmental Breeders
H-7150 Bonyhád, Zrínyi utca 3.

ÚTMUTATÓ A KÉZIRATOK ELKÉSZÍTÉSÉHEZ

Készült: 2024. január
Érvényes: 2024. második lapszámtól

1. Formai követelmények

1.1. Általános szabályok

A kéziratok szöveges részének magyar vagy angol nyelven, míg a cikkek címének, az összefoglalónak, illetve a táblázat- és ábraszövegeknek magyar és angol nyelven kell elkészülnie, figyelemmel a következőkre:

- A kézirat maximális terjedelme táblázatokkal és ábrákkal együtt 15 oldal.
- A papírméret A4, az alsó, felső, jobb oldali és bal oldali margó egyaránt 2,5 cm.
- A sorokat folyamatos számozással kell ellátni.
- A sortáv szimpla, a betűméret 12, a betűtípus Times New Roman.
- Az összefoglalókat, a táblázatokat és az ábrákat a szövegbe, a helyükre beillesztve kérjük szerkeszteni.
- A kéziratban az új bekezdések első sora 1,25 cm-es behúzással kezdődjön.
- A fejezetcímek és az alfejezet címek, a táblázatok és az ábrák, valamint a képletek előtt és után 12 pt helykihagyás legyen
- A fejezeteket és az alfejezeteket számozni kell, és balra kell igazítani.
- Az idézett szerzők neve a kéziratban és az irodalomjegyzékben is dőlt betűvel írandó.
- A cím középre igazítva, nagy, vastagon szedett 14-es betűkkel legyen megírva.

1.2. Táblázatok

Kérjük szerzőinket, hogy a táblázatok szerkesztésekor a következőkre legyenek figyelemmel:

- a táblázat sorszáma a bal felső sarokba kerüljön, dőlt betűkkel írva;
- utána kettőspont, majd a táblázat címe félkövér betűkkel írva;
- címe legyen rövid, de kifejező;
- a táblázat címsora után 6pt helykihagyás;
- elhelyezése legyen a sorokkal megegyező irányú (ne legyen fekvő formátumú), azaz lehetőség szerint ne tartalmazzon több, mint megnevezés + hét számoszlopot (legyen a lehetőségekhez képest a legegyszerűbben szerkesztve);
- a "fej" szöveg lehetőleg rövid legyen, használhatók az elfogadott rövidítések.
- A normál sorokra kereszt irányba szövegeket ne írjunk, az oszlopok és sorok első szavai nagybetűvel kezdődnek.
- Kerülendő ugyanazon adatok közlése táblázatban és ábrán.
- Csak értelmezhető mennyiségű tizedes szám közlése ajánlatos. A táblázatokban lévő számokat jobbra kell igazítani.
- Csillag (*, ** vagy ***) csak a szignifikancia szintek jelölésére alkalmazható, értelmezéssel a táblázat, vagy ábra lábjegyzetében.
- Az angol (vagy magyar) nyelven nem érthető szöveget zárójelbe tett számmal kell jelölni, majd a táblázat alatt, az angol (vagy magyar) nyelvű cím után, új sorban kezdve, a megfelelő fordítási szöveg után újra leírni [pl.: emse (1); ...gilt (1)].

- Nem fordítandók a nemzetközi szakirodalomban elfogadott rövidítések.
- A nem szokványos rövidítéseket értelmezni és fordítani szükséges.
- A felhasznált rövidítések és az alkalmazott jelek, az táblázat alatt, lábjegyzetben értelmezendők.

1.3. Ábrák

Az ábrák és fényképek elkészítésére - értelemszerűen - mindazon előírások érvényesek, mint a táblázatokra. A kézirat mellett kérjük az ábrákat MS Excel, a fényképeket képfájl (jpg, tiff, png, bmp stb.) formában külön is elküldeni. A képeket olyan méretben, hogy azok max. 50%-os kicsinyítést - az értelmezhetőség romlása nélkül - elbírjanak.

2. A kézirat szerkezete, felépítése

2.1. Cím magyar és angol nyelven

A cím legyen tömör és jellemző, fejezze ki a munka tartalmát. Cikksorozatot csak indokolt esetben fogadunk közlésre. Ilyen esetben feltüntetendő a közlemény sorszáma (pl. 1. Közlemény, ill. 1st Paper). Az alcím 12-es betűmérettel írandó.

Az angol nyelvű cím közvetlenül a magyar nyelvű cím után következik. Az angol nyelvű cím jelentése a magyarral azonos legyen.

2.2. Szerző(k) neve

Kérjük megadni valamennyi szerző pontos nevét. A családnevet végig nagybetűvel, a keresztnévet kisbetűvel kell kiírni. A nevek között „-” legyen.

2.3. Összefoglaló magyar és angol nyelven

Legyen tömör, de egyben adjon teljes körű tájékoztatást a közlemény célkitűzéséről, módszereiről, eredményeiről és következtetéseiről. Az összefoglaló ne legyen hosszabb, mint kb. 1200 betűhely. Kérjük az egyes szám, vagy többes szám 3. személyű használatát. Például:

- „Jelen közlemény célja..., A szerzők a tenyészbikákat öt csoportra osztották, majd a bikacsoportok átlagos tenyészértékét becsülték meg.”

Az összefoglalást követően 5-6 kulcsszó következik. Ezek legyenek lényegre törőek, adjanak iránymutatást a dolgozat tartalmával kapcsolatban.

Az összefoglalás fejezetet követően megjegyzendő, ha a közlemény eredeti verziója tudományos konferencián hangzott el, vagy egy külföldön korábban már megjelent cikk módosított, magyar nyelvű változata.

Az angol nyelvű összefoglalás formája teljes mértékben megegyezik a magyar nyelvű összefoglalóval, az alábbi kivétellel:

Kérjük szerzőinket, a külföldi olvasók számára - a jobb érthetőség érdekében - legyenek kedvesek az angol nyelvű összefoglalásból kiegészített változatot készíteni. Ezt az összefoglalást négy részre kell tagolni (Objective, Methods, Results, Conclusions), és bővebben, legalább 2000-2500 betűhellyel megírni.

2.4. Bevezetés és/vagy Irodalmi áttekintés

Tartalmaznia kell az elvégzett kutatómunka célkitűzését, valamint a kapcsolódó hazai és nemzetközi szakirodalmi referenciákat. A szerkesztőbizottság különleges

hangsúlyt helyez - különösképp a hazai szerzők esetében - a magyar szakirodalom feldolgozására.

Hivatkozás egy vagy két szerzőre a családnév dőlt betűvel írásával és a mű megjelenésének évszámával történhet [... munkájában *Kis* (1999) arról ír..., vagy ...állított be kísérletet (*Kis és Nagy*, 1999)].

Több szerzős közlemény esetén hasonlóan kell eljárni, azzal a különbséggel, hogy csak az első szerző neve „és *mtsai*”, valamint ebben az esetben is, a mű megjelenésének évszáma kerül közlésre [...*Kis és mtsai* (1999) megjegyzi ..., vagy ...mutatták ki (*Nagy és mtsai*, 1993; *Kis és mtsai*, 1999)].

Több szerző azonos megállapítására hivatkozáskor, a megjelenés sorrendjében kell közölni a neveket.

2.5. Anyag(ok) és módszer(ek)

E fejezetnek kell tartalmaznia a beállított kísérlet(ek)ben alkalmazott valamennyi anyag és módszer pontos leírását, valamint a kísérlet tervezésekor és értékelésekor alkalmazott biometriai eljárásokat. Szükség esetén a fejezet alfejezetekre osztható.

Ajánlatos a speciális vegyszerek (valamint egyéb anyagok pl. takarmány-kiegészítők, gyógyszerek, stb.) és műszerek jellemző adatait (gyártó neve és címe; reagensek, vegyszerek esetében katalógusszám) is közölni.

Kémiai, biokémiai módszerek esetén, amennyiben abban érdemi változtatás nem történt elegendő az eredeti módszer leírásra hivatkozni (pl.: „A fehérje tartalom meghatározása *Lowry és mtsai* (1951) módszerével történt.”). Szabvány módszerek esetén elegendő a szabványra történő hivatkozás (pl.: MSZ-EN 4322).

Ha a bemutatott munka, a dolgozat állatkísérletre épült, fel kell tüntetni az etikai engedély számát is.

2.6. Eredmények

A közlemény e részében kell közölni az elért eredményeket, a hozzátartozó táblázatokkal és ábrákkal együtt. Szükség esetén alfejezetekre osztható.

2.7. Megbeszélés

Ez a rész szükség szerint összevonható az „Eredmények” fejezettel. Az eredmények megvitatása, összevetése, ütköztetése a hazai és nemzetközi szakirodalmi megállapítások tükrében.

2.8. Következtetések, javaslatok

A kísérlet, a kutatómunka eredményeiből levonható következtetések ismertetése, a gyakorlat számára átadható javaslatok.

2.9. Köszönetnyilvánítás

Szükség szerint lehetséges.

2.10. Felhasznált irodalom

A jegyzék csak a közleményben hivatkozott műveket tartalmazhatja, azokat azonban kivétel nélkül tartalmaznia kell. A forrásmunkákat az első szerző neve szerinti ABC sorrendben (névegyezés esetén a további nevek ABC sorrendje, ill. az évszám szerint) kell felsorolni.

Ugyanazon szerző(k) azonos évben megjelent közleményeit évszám, majd “a” vagy “b” vagy “c” jelölés különböztetheti meg.

Hivatkozás folyóiratból:

- a szerző(k) családneve (vessző) és keresztnévének kezdőbetűje (pont) dőlt betűvel írandó,
- több szerző esetén a nevek között kötőjellel,
- a megjelenés évszáma zárójelben, majd kettőspont,
- a mű címe eredeti nyelven, vagy angolul (ha a mű címe nem eredeti nyelven kerül feltüntetésre, jelezni kell mi volt az eredeti nyelv),
- majd a folyóirat megnevezése (a nemzetközileg elfogadott rövidítést kell alkalmazni, nem kell kiírni a folyóirat teljes nevét),
- évfolyamszám, kezdő és befejező oldal.
- Ahol rendelkezésre áll, kerüljön feltüntetésre a DOI azonosító is.

Például:

- *Polgár, J. P. – Szabó, F. – Kovács, Á. – Kovács-Mesterházy, Z. – Bene, Sz. (2023): Characteristics of meat production traits in the Hungarian Simmental herd selected for the simultaneous improvement of milk and meat production. Arch. Anim. Breed., 66. 233–244. <https://doi.org/10.5194/aab-66-233-2023>*
- *Szabó, F. – Füller, I. – Fördős, A. – Keller, K. – Nagy, B. – Nagy, L. – Bene, Sz. (2006): Húshasznú magyar tarka borjak választási eredménye. 1. Közlemény: Környezeti hatások. Állatteny. Tak., 55. 333–342.*
- *Wells, P. N. T. (1991): The description of animal farm and function. Liv. Prod. Sci., 27. 19–34. [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(91\)90043-P](https://doi.org/10.1016/0301-6226(91)90043-P)*
- *Schmidt, J. – Sipócz, P. – Sipócz, J. (2000): Bypass protein in feeding of high-yielding dairy cows. Hung. J. Anim. Prod., 49. 37–50. [In Hungarian]*

Könyv esetében a szerző(k) és évszám (hasonlóan, mint a folyóiratokból), a könyv címe eredeti nyelven, a kiadó neve és székhelye, a könyv oldalszáma. Például:

- *Baintner, K. (1982): Hogyan írjunk tudományos közleményeket? TAKEFT Kiadó, Budapest, 105.*

Amennyiben a könyv egy kiemelt fejezetére történik hivatkozás, úgy az előbbieket, de azonos szerző esetén, a következő példa szerint:

- *Eco, U. (szerk.) (1991): A végső szöveg megszerkesztése. In: Hogyan írjunk szakdolgozatot? Gondolat, Budapest, 221–253.*

Különböző szerzők esetén pedig:

- *Gyűrű, F. (1992): A ló anatómiája. In: Lótenyésztők kézikönyve. Szerk.: Bodó, I. – Hecker, W., Mezőgazda Kiadó, Budapest, 430.*

Egyéb közlemények (kongresszusi anyag, intézeti/egyetemi kiadvány, disszertáció, kutatási jelentés stb.) esetében, a fenti példáknak megfelelően, értelemszerűen kell eljárni.

Az irodalomjegyzékben valamennyi szerző nevét fel kell tüntetni, az “és *mtsai*” vagy az “et al.” nem használható. Külön felhívjuk szerzőink szíves figyelmét az idegen nevek és szavak gondos helyesírására, továbbá a folyóiratok nemzetközileg elfogadott rövidítéseinek pontos használatára.

2.11. A szerző(k) munkahelye

A kézirat végén magyar és angol nyelven kérjük megadni a közlemény elkészítési helyének (intézményének, városának) pontos elnevezését, ill. címét. Kérjük

megjelölni a kapcsolattartó személy (levelező szerző) nevét, továbbá feltüntetni az e-mail címét.

2.12. Angol nyelvű dolgozatok

A folyóiratban lehetőség van angol nyelvű dolgozatok közlésére is. Az angol nyelvű kéziratra ugyanazok a formai szabályok vonatkoznak, mint a magyar nyelvű verzióra. Értelemszerűen, ami a magyar nyelvű verzióban magyarul íródik, azt az angol nyelvű verzióban angolul kell megírni, és ugyanígy fordítva is, ami a magyarban angolul íródik, az angol dolgozatban magyarul kell szerepeltetni.

Az amerikai, vagy angol írásmód egyaránt elfogadható, de a kéziratban egységesen csak az egyik használandó.

Az angol nyelvű dolgozatban a szakirodalmi források címet, ill. a folyóiratok, könyvek nevét kizárólag angol nyelven kell feltüntetni.

2.13. Szakirodalmi szemlecikkek

A folyóirat lehetőséget kínál szakirodalmi szemlecikkek megjelentetésére is. A szemlecikkek tagolása és felépítése eltérhet a 2. fejezetben korábban leírtaktól. A szemlecikkek logikus felépítése és összeállítása, valamint a fejezetcímek meghatározása - a téma, illetve az érintett kutatási terület sajátosságai alapján - a szerzők hatáskörébe tartozik. A vonatkozó formai követelmények a szakirodalmi szemlecikkekre is érvényesek.

3. Doktori disszertációk összefoglalóinak megjelentetése

A folyóiratban van lehetőség a vonatkozó tudományterületeken megvédett doktori dolgozatok összefoglalójának a közlésére. Ehhez

- kérjük közölni a szerző nevét, a disszertáció pontos címét és fokozatát (pl.: Ph.D., vagy D.Sc. stb.),
- a témavezető(k), a hivatalos bírálók nevét és tudományos fokozatát,
- a disszertáció rövid ismertetését, beleértve az elfogadott tudományos eredményeket (az ismertetést magyar és angol nyelven, nyelvenként maximum 2500 betűhely terjedelemben kell a szerkesztőségnek megküldeni),
- továbbá a fokozatot jóváhagyó szervezet (TMB, egyetem) nevét és a jóváhagyás időpontját.
- Közlendő továbbá a szerző elérhetősége és e-mail címe is.

4. Egyebek

Kérjük szerzőinket, fogalmazzanak világosan és érthetően, a magyar nyelv szabályai szerint:

- *MTA (2015): A magyar helyesírás szabályai. Új magyar helyesírás. 12. kiadás, Akadémiai Kiadó, Budapest.*

Kérjük, ha lehet, ne használjanak idegen fogalmakat, segítsék elő, hogy szakmánk nyelvezete minél jobban megfeleljen a szép magyar beszéd és fogalmazás követelményeinek.

Kérjük elkerülni a sorok közötti táblázatszerű szöveg és adatok közlését.

A görög és cirill betűket kérjük a MS Word véleményezés/megjegyzés funkcióval a kézirat margójára is kiírni (pl. nagy ómega). Kerülendők az oldal alján lévő lábjegyzetek.

A közleményekben az SI mértékegységek használandók.

Kérjük szerzőinket, hogy beküldendő kéziratuk angol nyelvű részeit gondosan készítsék el, különös tekintettel a szakkifejezések helyes használatára.

A kéziratban dőlt betűvel kell írni a következőket: az idézett szerzők neve, a növény, állat és anatómiai tudományos elnevezések, a hivatkozott táblázat és ábra (pl.: *1. táblázat*), a közhasználatú latin vagy görög szavak (pl.: *in vitro*).

A szerkesztőbizottság korábbi állásfoglalása szerint a „súly” megjelölés használatos. Gyakori a „tömeg”, vagy a „súly” és „tömeg” felváltva történő helytelen használata.

Folyóiratunkban a szignifikancia jelölésére a kis „p” betű használata az elfogadott.

A kapcsolattartás a szerkesztőséggel kizárólag elektronikus úton (e-mail) történik. Postai úton semmit sem kell a szerkesztőségbe küldeni.

5. A kézirat beküldése

Az elkészült kéziratokat a szerkesztőségnek kizárólag elektronikus formában kell megküldeni. A beérkezett kéziratokat a technikai szerkesztő fogadja, a kézirat beérkezéséről visszaigazoló üzenetet küld.

Az elkészült kézirat mellé csatolni kell az *1. mellékletben* szereplő nyilatkozatot. Ezt a levelező szerző aláírásával, szkennelt, vagy elektronikusan aláírt formában kérjük benyújtani.

A dolgozat tartalmáért a szerző(k) felel(nek). A szerkesztőség nyomtatékosan kéri az angol nyelvű szövegrészek gondos, szakmai és nyelvhelyességi, lehetőleg anyanyelvi ellenőrzését.

A szerkesztőség címe:

Állattenyésztés és Takarmányozás Szerkesztősége
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus
8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
Főszerkesztő, technikai szerkesztő: Dr. Bene Szabolcs
E-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu
Telefon: +36-30-633-3278; +36-83-545-398

6. A kézirat bírálata

A beküldött kéziratokat, a szerzők nevének közlése nélkül, a szerkesztőség két bírálónak (ellentétes vélemény esetén egy harmadiknak) küldi meg, és a bírálatok alapján dönt az elfogadásról (lásd *2. melléklet*). Amennyiben az szükséges, akkor a bíráló nevének közlése nélkül, a szerkesztőségi észrevételekkel kiegészítve visszaküldi a kéziratot a szerző(k)nek, a végleges változat elkészítése érdekében (lásd *3. melléklet*).

7. A cikk megjelenése

Az elfogadott közlemények javítások utáni, végső változatát kizárólag elektronikus verzióban (lehetőség szerint MS Word 2003, tehát „doc” formában) kell a technikai szerkesztőnek beküldeni (e-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu). Amennyiben a kézirat tartalmaz ábrát, vagy fényképet, azokat kérjük külön fájlban a kézirat mellé csatolni. A folyóiratban ezek alap esetben fekete-fehérben jelennek meg, de színes fotók és ábrák közlésére is van lehetőség.

A szerkesztőség fenntartja magának a jogot arra,

- hogy mindazon kéziratokat, amelyek nem felelnek meg az előbbiekben ismertetett előírásoknak, a szerző(k)nek visszaküldje;
- továbbá arra is, hogy szükség esetén, a kéziratban, a szakmai mondanivalót nem érintő, kisebb javításokat, módosításokat végezhesen el (pl. stiláris javítások, táblázat- vagy ábramódosítás).

A kéziratból készült utolsó, ún. „tördelt” levonatot (*proof* - PDF fájl formátumban) a nyomdába küldés előtt a szerzőknek elektronikusan megküldjük. Kérjük a szerző(k) et, ezt az eredeti szöveggel (adatokkal stb.) egyeztessék, a szükséges javításokat

- kék színű tollal, a szabványos korrektúra jelekkel, az aktuális sorban, a lap jobb vagy bal margóján végezzék el, majd a javított kéziratot szkennelve küldjék el a szerkesztőségbe.
- vagy PDF korrektúrával elektronikus utón jelezzék a hibákat, majd a javításokat tartalmazó fájlt e-mailben küldjék el a szerkesztőségbe.

A levonatot, a beküldéskor kapcsolattartóként megjelölt szerzőnek küldjük ki, és kérjük azt az e-mail küldésétől számított három napon belül elektronikusan visszaküldeni.

Az eredeti kézirattól eltérő javítást, csak kivételes esetekben tud a szerkesztőség elfogadni.

Az elfogadott kéziratok a szerkesztőségbe érkezés dátumának feltüntetésével jelennek meg.

A kapcsolattartóként megjelölt szerző címére a megjelent folyóirat egy példányát díjmentesen elküldjük. Az esetleges többlet példány igényt kérjük előre jelezni.

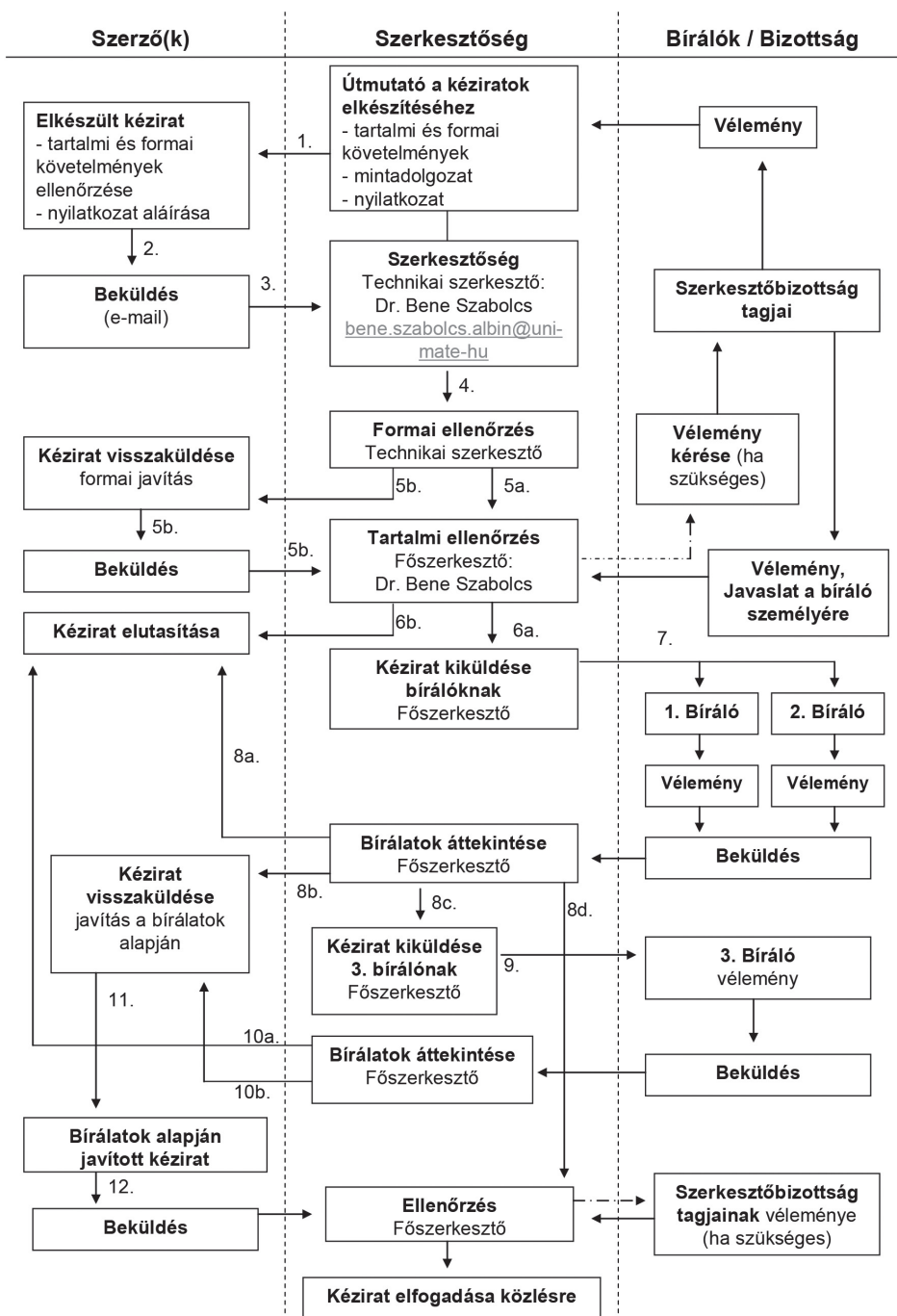
1. melléklet: Szerzői nyilatkozat

Nyilatkozat	
Kézirat címe:	
Szerzők:	
Levelező szerző:	
Levelező szerző címe, elérhetősége:	
A fent nevezett kézirat kapcsán az alábbi nyilatkozatot teszem:	
1.	A kézirat az Állattenyésztés és Takarmányozás folyóirat kéziratok elkészítésére vonatkozó útmutatója szerint került összeállításra.
2.	A kézirat az Állattenyésztés és Takarmányozás folyóirat formai és alaki követelményeinek megfelel.
3.	A kézirat tartalmát valamennyi szerző ismeri, azzal egyetért és hozzájárul a kézirat Állattenyésztés és Takarmányozás folyóiratban történő megjelenéséhez. A dolgozat tartalmáért a szerző(k) felel(nek).
4.	A szerzők kéziratban megjelölt sorrendjével minden szerző egyet ért. A szerzők, illetve a szerzők sorrendje a beküldést követően véglegesnek tekinthető.
5.	A kéziratban a források felhasználása, idézése és kezelése a vonatkozó tudományetikai szabályok betartása mellett történt.
6.	A kéziratban lévő angol nyelvű szövegrészek, címek és lábjegyzetek anyanyelvi ellenőrzése (<i>proofreading</i>) megtörtént.
7.	Abban az esetben, ha a kézirat egy korábban külföldön megjelent dolgozat módosított, magyar nyelvű változata, az eredeti mű adatai (szerzők, cím, folyóirat, DOI azonosító stb.) a kéziratban pontosan fel lettek tüntetve.
Kelt:	
levelező szerző aláírása	

2. melléklet: Útmutató a bírálatok elkészítéséhez

Lektori vélemény	
Azonosító:	
Kézirat címe:	
1. Tartalmaz-e a dolgozat új megállapításokat, vagy olyan szakmai ismereteket, amelyek a felsőfokú képesítésű agrárszakemberek számára hasznosak, új információkat nyújtanak?	
2. A kísérleti célkitűzés időszerűsége és megfogalmazása, a téma szakirodalmi áttekintése megfelelő-e, a vonatkozó hazai szakirodalom feldolgozásra került-e?	
3. Az alkalmazott kísérlettervezési és értékelési módszerek korszerűsége (az <i>in vivo</i> és <i>in vitro</i> kísérletek metodikája, a biometriai értékelés színvonala, a levont következtetések megalapozottsága).	
4. Tartalmaz-e a dolgozat vitaindító, vagy vitára okot adó megállapításokat? (Amennyiben igen, kérünk arra vonatkozó javaslatot, hogy szerkesztőségünk kit kérjen fel válaszára.)	
5. A dolgozat nyelvezetének helyessége, különös tekintettel arra a közös célunkra, miszerint növelni kívánjuk a szakszerű és szép magyar fogalmazás (beszéd) iránti igényességet.	
6. A dolgozat megfelel-e a vonatkozó formai - alaki előírásoknak?	
Bírálata végén kérjük, egyértelműen nyilatkozzon a kézirat megjelentetésével kapcsolatos döntéséről (az alábbiak közül egy megjelölendő):	
- elfogadja a kéziratot közlésre változtatás nélkül	
- elfogadja a kéziratot közlésre minimális javítással	
- elfogadja közlésre a dolgozatot annak alapos átdolgozását követően	
- a javítások után kéri vissza az átdolgozott kéziratot ismételt bírálatra	
- nem javasolja a cikk közlését	
Kelt:	

3. melléklet: Folyamatábra





- › VIDÉKFEJLESZTÉS
- › AGRÁRSZAKKÉPZÉS
- › TERMÉSZETMEGŐRZÉS
- › KÖRNYEZETVÉDELEM

ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS

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

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

Szerkesztőbizottság (Editorial board):

Elnök (President): HORN Péter (Kaposvár)

MANABE, N. (Japán),

ROSATI, A. (EAAP, Olaszország),

ANTON István (Herceghalom),

BALOGH Krisztián (Gödöllő),

BODÓ Imre (Szentendre),

DUBLECZ Károly (Keszthely),

HIDAS András (Gödöllő),

HOLLÓ István (Kaposvár),

HULLÁR István (Budapest),

HUSVÉTH Ferenc (Keszthely),

KOMLÓSI István (Debrecen),

KOVÁCSNÉ GAÁL Katalin

(Mosonmagyaróvár),

MIHÓK Sándor (Debrecen),

PÓTI Péter (Gödöllő),

RÁTKY József (Budapest),

SZABÓ Ferenc

(Mosonmagyaróvár),

URBÁNYI Béla (Gödöllő),

WAGENHOFFER Zsombor

(Budapest),

ZSARNÓCZAI Gabriella (Szeged)

Szerkesztőség: Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Állattenyésztés Tudományok Intézet
Állatnemesítési Tanszék (Georgikon Campus)
Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Institute of Animal Sciences
Department of Animal Breeding (Georgikon Campus)
8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
tel.: (+36) 83 545 398; mobil: (+36) 30 633 3278;
e-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

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

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

Felelős kiadó (Publisher): Bozzay Péter ügyvezető, HOI Nonprofit Kft.

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

A lap az Agrárminisztérium tudományos folyóirata

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

(„Állattenyésztés”) by Prof. József Czakó

A kiadást támogatja (sponsored by): Agrárminisztérium

MTA Könyv- és Folyóiratkiadó Bizottsága

Megjelenik évente négyszer

A folyóiratokra a kiadónál fizethet elő az alábbiak szerint.

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

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

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

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

Bármely más információért forduljon bizalommal kollégáinkhoz a lenti elérhetőségek bármelyikén:

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

Nyomdai kivitelezés: Séd Nyomda