

ÁLLATTENYÉSZTÉS és TAKARMÁNYOZÁS

2024. 73. 4

Alapítás éve: 1952

ÁLLATTENYÉSZTÉS – TARTÁS – TAKARMÁNYOZÁS



> Strucc csibék növekedése

> A ráma és a termelés összefüggése holstein-fríz tehenek esetén

> A küllem jelentősége a holstein-fríz fajta nemesítésében

> Lipicai lovak testméretei

> A hurokközvetített izotermikus sokszorosítás alkalmazhatósága a kórokozók kimutatásában

TARTALOM - CONTENTS

Szanati Angéla – Lukács Gábor: Szendrey Ignác emlékezete - Petőfi apósa, a jószág-felügyelő247

Mbithi, Andrew – Kusza, Szilvia – Bagi, Zoltán: A review of loop mediated isothermal amplification in pathogen detection: Pros and cons (A hurokközvetített izotermikus sokszorosítás alkalmazhatóságának áttekintése a kórokozók kimutatásában: előnyök és hátrányok)250

Brassó Dóra Lili – Komlósi István – Várszegi Zsófia: A strucc csibék allometrikus növekedésének értékelése (Evaluation of the allometric growth of ostrich chicks).....269

Kőrösi Zsolt Jenő – Bognár László – Bene Szabolcs – Szabó Ferenc: A tehének küllemének jelentősége a holstein-fríz fajta nemesítésében - Irodalmi áttekintés (Importance of the conformation of cows in selection of Holstein-Friesian breed - Literature review)283

Kőrösi Zsolt Jenő – Holló Gabriella – Bene Szabolcs – Bognár László – Szabó Ferenc: Holstein-fríz tehének termelési és egyes méretbeli küllemi tulajdonságainak összefüggése (Relationship between some morphometric conformation traits and production of Holstein-Friesian cows)294

Luptyák Lilla Mercédész – Polgár J. Péter – Bene Szabolcs: Néhány tényező hatása kifejlett lipicai fajtájú lovak testméreteire (Some effects on body measurements of adult Lipizzaner horses)308

A 2023-ban sikeresen megvédett PhD disszertációk összefoglalói - harmadik rész (Summaries of PhD dissertations in the year of 2023 - part three):.....319

Klein Renáta: A mezőhegyesi történelmi lófajták populációgenetikai értékelése (Genetic assessment of historical Hungarian horse breeds from Mezőhegyes)319

*Molnár Áron: A sügér (*Perca fluviatilis*) intenzív tartás-, és takarmányozási technológiájának fejlesztése (Development of intensive farming and feeding technology of European perch (*Perca fluviatilis*))*.....324

Tenke János: A takarmányok lizin/energia arányának hatása az aminosavak ileális emészthetőségére és a N-retencióra különböző genotípusú sertések hizlalása során (Effect of dietary lysine/energy ratio on ileal amino acid digestibility and N-retention during fattening of different genotype pigs).....327

Tartalom, 2024. VOL. 73.....332

Köszönetnyilvánítás335

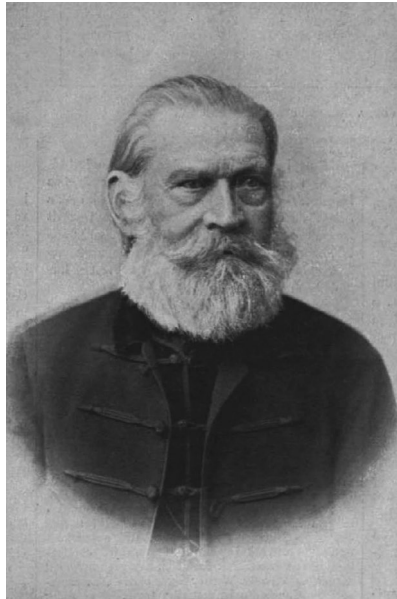
Címlap kép (Frontpage photograph)

Noniusz fogat a Hortobágyon (Fotó: Bene Szabolcs)

Nonius cart on Hortobágy (Photo: Szabolcs Bene)

Szendrey Ignác emlékezete - Petőfi apósa, a jószágfelügyelő

Korának egyik legismertebb, a szakfolyóiratokban rendszeresen publikáló gazdája, az OMGE egyik alapító tagja volt Szendrey Ignác, aki 1800. november 9-én született a Borsod vármegyei Aszalón. Júlia lánya jellemzése szerint édesapja „Egyszerű, de művelt lelkű ember volt, tudott számolni a körülményekkel. Középiskolát végzett, s pap akart lenni. Betegeskedése miatt azonban a szabadabb mozgású gazdasági pályára lépett, a keszthelyi Georgikonban végezve tanulmányait”. Európa elsőként alapított mezőgazdasági tanintézetében elvégzett tanulmányait követően 1830-ig a keszthelyi, Festetics-uradalom újmajori ispánságát vezette. Innen az Alföldre, Nagymágocsra és Szénásra került családjával, majd Erdődön dolgozott, a Károlyi család szolgálatában. Az 1840-től megjelenő szaklap, a Magyar Gazda rendszeres levelezője és szerzője lesz. Nagymágocs és Orosháza között még életében, 1873-ban majort neveznek el róla, mely ma is megtalálható.



Az utókor számára ugyanakkor nem kiemelkedő gazdasági tevékenysége és termékeny, a jó gyakorlatokat bemutató szerzői munkássága miatt vált ismertté a neve, hanem későbbi vejevel, Petőfi Sándorral kialakult hírhedten rossz viszonyuk miatt. A nemzet emlékezetében leginkább „Egy apához” írt vers sorainak értékelése maradt fent: *“Mindent tevél, amit szabad - És amit nem szabad, Hogy visszatartsd ellened - Szegűlt leányodat; Bekeríték őt apai - Tekintélyednek falai”*. E kép ugyanakkor egyoldalú, mivel Szendrey később támogatta leányát és vejét is, erre leginkább jó példa, hogy a forradalom kirobbanását követően éppen 9 hónappal, december 15-én Petőfi Zoltán születésekor Debrecenben egy fedél alatt éltek Petőfiék a Szendrey-családdal. Arany erről írta: *„Petőfi akkor ipával és napával egy háznál lakott, békességben, bár nem minden panasz nélkül”*. Lányait, vejét és unokáit később is támogatta, a gyermekeit tragikusan fiatal korukban elvesztő édesapja - Gyula fia 1850-ben, Gyulai Pálné, Mária lánya 1866-ban 28 évesen, Petőfiné majd Horvát Árpádné Szendrey Júlia 1868-ban 40 évesen hunyt el - Leányfalun töltötte “nyugdíjas éveit”. Petőfi szobrának felavatásán részt vett, erre veje, Gyulai Pál így emlékezett vissza: *„Az öreg Szendrey, Petőfinek híres hangos apósa, még megérte, hogy vejének szobrot emeltek. Gyulaival ment ki a szobor elé s nézi az öreg úr a szobrot - majd így szól: „Lehet, hogy jó hazafi volt - de goromba ember, velem cudarul bánt.”* A kortárs visszaemlékezők szerint matuzsálemi kort megérve is gazdálkodott, erről az „Új idők” 1895-ben közölte az alábbiakat: *„Egyszer a kertben dolgozó szigetbeli napszámosok megjegyzé-*

seket tettek az öreg úr pomológus kedvtelésére. - Mit vesződik annyit ezekkel a fákkal, úgyse eszik gyümölcsükből. Szendrey véletlenül arra felé sétált s hallotta e megjegyzést. Szakasztottan úgy tett, mint a mesebeli öreg gyümölcsoltogató. Nem szólt semmit, hanem türelmesen várt néhány esztendeig, míg a fák gyümölcsökkel jutalmazták fáradságát. Akkor magához citálta a napszámosokat s a kosarakba rakott mosolygó piros almákra mutatva, így szólt hozzájuk: - Vigyék ezt kendtek haza cselédeknek. Aztán mondják el otthon, hogy az ember sohasem lehet elég öreg arra, hogy gyümölcsfákkal ne vesződjék." Tartására, életére jellemző halk elmúlása is: 1895. szeptember 26-án reggel még öltözködni kezdett, majd gyengeségre panaszkodott és halkán, zsörtölődve megjegyezte: „Pedig nem vagyok még olyan öreg” - ezek voltak lejegyzett utolsó mondatai.

A mezőgazda Szendrey a „Magyar Gazda” című folyóiratban 1842-ben az 1385-1392. hasábocon tett közzé takarmányozási témájú tanulmányt, „Néhány szó a' takarmányról annak idejében” címmel. A témaválasztás az állattenyésztés korabeli fejlődése miatt rendkívül aktuális volt. Megfogalmazása szerint a „különféle majd előszámlálhatlan nemei a takarmánynak nem lévén egyértékűek, s így marháinknak, nem mind ugyanazon mennyiségben adhatók”, ezért cikkével azon gazdáknak adott útmutatást, „kiknek eddig vagy alkalmuk, vagy idejük nem vala a hosszú számításra”. Nem elméleti munkát kívánt írni, hiszen tudta: a széna- és szemérték mennyiségei „majd minden gazdaságról irt kül- és belföldi könyvekből megtanulhatók”, ezért egy korábbi Magyar Gazda számból idézett szénaérték-számítást. A szénaérték kibővítésére, a szénát helyettesítő takarmányok („számtalan pótlói”) belső értékének meghatározását tűzte ki céljául, vagyis „milly mennyiségben képesek ezek kipótolni bizonyos szénamennyiséget?”. Az összehasonlítás alapjául – hasonlóan „minden okszerű belés külföldi” gazdához – a rozs értékét vette, amit a „többi nemek között legállandóbbnak tapasztaltatott”, ehhez mérte a széna és a többi takarmány értékét is. Gazdatisztjei a gyakorlatban is alkalmazták a Szendrey által közölt táblázatot, melyben szerepelt, hogy „milly arányban vannak különféle eddig leghasználatbb, s így számításba is leginkább felvehető takarmánynemek egymáshoz? S minő mennyiségben pótolhatják ki egymást?”. Az elterjedten alkalmazott, fontra történő számítás helyett a „gabonanemeket itcze számszerint is az egészhez, s ezt azokhoz alkalmazva” is kifejezte. Szendrey Ignác művein egyértelműen érezhető a Georgikon szemléletmódja, az elméleti ismeretek hazai gyakorlatba történő átültetésének az igénye. Az 1797- es alapítástól kezdődően a gyakorlatban jól alkalmazható tiszték képzése kapta a hangsúlyt, Nagyváthy és az alapítók szemléletmódja jól érezhető: a „tapasztalás minden erősségeken felül való bizonyosság”.

A takarmányozási ismeretek kapcsán Szendrey leírta, hogy a „repcze legeltési használata, vagy is annak olcsósága 's jósaága ellen semmi egyéb kifogásom, vagy észrevételem nincs; minthogy ezen takarmány egyedül a' juhoknak használható, 's csak is télen fagygyal (midőn felséges, s szapora legelőt ád), kivált nagyobb kiterjedésben”. Leírta továbbá, hogy mit ért takarmány alatt: „takarmány név alatt nem egyedül gyepe vagy sásos széna s sarjú értetődik, hanem számtalan nemei az eddig ismert növényeknek, mint p. o. luczerna, stájerlóher, baltaczim, bükköny, muhar, csibehúr, tengeri, 's általában véve mindennemű gabonaszemek, szalmás és kapálóveteményeknek szalmái, úgy burgonya, répanemek, tök 'sat. 'sat. egy- szóval minden növény, mit a' marha zöldjében megeszik, száraz minőségében is

takarmányul használható". Ugyanakkor a „Szárassággal ostorozott pusztáinkon” szenvedő állatok „koplálásra bocsátva” voltak, így nem is tudtak jó eredményeket elérni, a korszakban többek által javasolt lucerna és a lóhere „néhánykor főleg vizes állapotjában szinte gyakran halált okoz”, így a fentieket összegezve a „legjobbnak, és legbátorságosabbnak találtatott eddig a’ zöld tengeri takarmány, de mivel ez hazánkban igen drága, ennek pótlásául én a czirokot ajánlom gazdáink figyelmébe”.

Szemléletmódjára jellemzőek egyik első művében - amelyet 1841. júniusában írt Erdődön - megfogalmazott gondolatai: „Czélom lévén nem annyira theoreticai elmékedéseket, mint int practicai megpróbált fogásokat az érdemes olvasó közönséggel, főleg a’ javításokkal eddig nemigen törődött gazdatársaimmal közölni - ezen vélt és talán sikerült javításoknál a’ mathematicai számításokat elmellőztem, mert megvallom, azokat szükségesnek sem igen véltem, azonban az erre felszen-telendő hosszas időt is drágának tartottam, minekutána azok majd kézzelfogható világosságuk.”

Szendrey nekrológjai kiemelték, hogy “Az öregúr a józan magyar, gazdatisztek törölmetszett típusa volt. A gazdaságot nem akadémikus, hanem gyakorlati szempontból fogta fel. Még egy betűt sem írtak az országutak befásításáról, mikor ő már tényleg befásította az óriási uradalmak mentén vonuló országutakat. Ezekben az uradalmakban olyan gazdasági rendszert létesített, melyet az ország első szakemberei máig is mintaszerűnek mondanak. Ezt jellemzi az is, hogy Károlyi Lajos gróf végrendeletében arra utasította örökösét, Károlyi Alajos grófit, hogy a gazdaságban semmi változtatást ne tegyen s hogy tanácsért gazdasági ügyekben senki máshoz ne forduljon, mint Szendrey Ignáchoz.”

Szendrey Ignác felújított sírja Nemzeti Sírkertünkben, a Fiumei Úti Sírkertben található, emlékéit ma lányának szülőhelyén, Keszthelyen a MATE által felújított és kialakított Szendrey Emlékházban is bemutatjuk és tisztelettel ápoljuk, születésének 225. jubileumi évében több megemlékezést is tervezünk tartani.

Szanati Angéla és Lukács Gábor

A review of loop mediated isothermal amplification in pathogen detection: Pros and cons

A hurokközvetített izotermikus sokszorosítás alkalmazhatóságának áttekintése a kórokozók kimutatásában: előnyök és hátrányok

MBITHI Andrew - KUSZA Szilvia - BAGI Zoltán

SUMMARY

Infectious diseases in farm animals threaten agricultural productivity and animal welfare, necessitating the need for rapid diagnostic methods. This review explores the application of Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP) for detecting pathogenic bacteria in fecal samples from cattle and domestic pigeons, with a focus on Environmental DNA (eDNA) extraction and analysis. LAMP offers significant advantages over traditional diagnostics, including high sensitivity, specificity, simplicity, and rapid results. Notably, LAMP can detect as few as 10 copies of bacterial DNA per reaction, demonstrating its remarkable sensitivity. Key challenges include optimizing LAMP assays for various animal species, improving eDNA extraction from fecal samples, and addressing sample preservation and transportation effects on diagnostic accuracy. A comparative analysis reveals LAMP's superiority over conventional methods, being 50% more cost-effective and delivering results in an average of 35 minutes, compared to several hours for PCR. This review affirms LAMP's potential to revolutionize pathogen detection through eDNA analysis hence early disease detection and intervention strategies.

Keywords: Fecal samples; Farm animals; Environmental DNA (eDNA); LAMP; Pathogen detection

ÖSSZEFOGLALÁS

Célkitűzés: A haszonállatok fertőző betegségei veszélyeztetik a mezőgazdasági termelékenységet és az állatok jólétét, ezért gyors diagnosztikai módszerekre van szükség. Ez az áttekintés a hurokközvetített izotermikus sokszorosítás (LAMP) alkalmazhatóságát tárja fel a patogén baktériumok kimutatása során szarvasmarhák és házi galambok bélsár mintáiban, különös tekintettel a környezeti DNS (eDNS) alkalmazására.

Eredmények: A LAMP jelentős előnyöket kínál a hagyományos diagnosztikához képest, beleértve a nagy érzékenységet, specifitást, egyszerűséget és gyors eredményeket. Nevezetesen, a LAMP reakciónként mindössze 10 kópia bakteriális DNS-t képes kimutatni, ami figyelemre méltó érzékenységet jelent. A legfontosabb kihívások közé tartozik a LAMP-vizsgálatok optimalizálása különböző állatfajokra, az eDNS-kivonás hatékonyságának javítása a székletmintákból, valamint a minták tárolásának és szállításának a diagnosztikai pontosságra gyakorolt hatásainak kezelése. Ez az összehasonlító elemzés rávilágít a LAMP előnyeire a hagyományos módszerekkel szemben, miszerint 50%-kal költséghatékonyabb, és átlagosan 35 perc alatt biztosít eredményt, szemben a PCR több órás időszükségletével.

Következtetések: Ez az áttekintés megerősíti, hogy a LAMP az eDNS technológiával kombinálva képes forradalmasítani a kórokozók ellátási ponton történő kimutatását, így javítva a betegség korai felismerését és segítve a hatékony beavatkozási stratégia kialakítását.

Kulcsszavak: bélsár minta; haszonállat; környezeti DNS (eDNS); LAMP; kórokozó diagnosztika

1. Introduction

The huge surge in the global human population which is accompanied by increasing food consumption necessitates a rigorous approach to safeguarding both livestock and public health. As animal protein demand escalates, there is an essential need for enhanced farm animal health practices to optimize productivity, minimize economic setbacks, and ensure public health safety. The application of the Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) technique for discerning pathogens from fecal eDNA of farm animals represents a groundbreaking strategy in this domain, promising timely disease prevention, detection, and control, whilst safeguarding livestock health for constantly increasing ruminant population and reducing potential human transmission (Notomi *et al.*, 2000; Nagamine *et al.*, 2002). Dairy cattle, vital to the global food supply, remain particularly susceptible to various infections. Pathogens such as *Escherichia coli* and *Staphylococcus aureus* can undermine milk quality and safety, thereby imposing significant economic burdens on farmers and health hazards for consumers (Hogan and Smith, 2003; Oliver *et al.*, 2009). Infections like those by *Salmonella enterica* further complicate the scenario. These pathogens can lead to severe diseases, such as salmonellosis in humans (Scallan *et al.*, 2011). The emerging challenge posed by antibiotic-resistant pathogens globally accentuates the urgency for rapid and efficient diagnostic methodologies (Ventola, 2015). Conventional diagnostic tools often lag in speed and require intensive manual labor. In contrast, the LAMP technique emerges as a formidable solution, catering especially to farm animals integral to the food supply chain (Parida *et al.*, 2008).

Pigeons, pivotal in urban ecosystems and often kept as pets, carry diseases of significant concern. However, the species is also becoming increasingly important in food production in some countries. Besides the already established threat of *Chlamydia psittaci*, pigeons have been identified as reservoirs for pathogens like *Salmonella enterica* and *Escherichia coli*, which have implications for both animal and human health (Magnino *et al.*, 2009). Monitoring these infections is becoming increasingly crucial in urban farming, pigeon pet-keeping and squab production. Overlooking such potential carriers of diseases might not only impact pigeon keepers but also pose a broader public health risk. Hence, efficacious detection and handling of such diseases are pivotal for safeguarding both avian and human health (Haag-Wackernagel and Moch, 2004). Thus, the domestic pigeon is an ideal model for investigating pathogenic diagnostic challenges in diverse human-avian domestic animal interactions. To sum up, the innovation and implementation of sophisticated diagnostic methodologies, such as the LAMP technique for detecting pathogens in farm animal fecal samples, are of supreme significance. Such advancements stand as indispensable beacons amidst the contemporary challenges faced in the realms of global health, agriculture, and food security (FAO, 2011).

1.1. Environmental DNA (eDNA)

Environmental DNA (eDNA) refers to genetic material obtained directly from environmental samples such as soil, water, or air without the need to capture or observe the organism of interest. This approach has revolutionized biodiversity

monitoring and ecological research by enabling detection and identification of species through analysis of DNA shed into the environment via skin cells, feces, urine, or other biological materials. eDNA analysis involves extracting genetic material from environmental samples and using molecular techniques such as polymerase chain reaction (PCR) or LAMP, metabarcoding, or high-throughput sequencing to identify species present in a particular habitat. This method is highly sensitive, capable of detecting rare, cryptic, or elusive species that might be difficult to observe directly.

For instance, a study by *Bohara et al.* (2022) demonstrated the use of eDNA to detect and monitor marine species like fish and whales, showing its effectiveness in marine conservation efforts. In freshwater environments, eDNA has been used to detect invasive species early, aiding in their management and control (*Jerde et al.*, 2016). One of the major advantages of eDNA is its non-invasive nature, which reduces disturbance to organisms and their habitats compared to traditional survey methods involving capture or observation. This is particularly beneficial for studying endangered species or those inhabiting sensitive ecosystems. Despite its advantages, eDNA analysis has some challenges. These include potential contamination of samples, degradation of DNA in the environment, and the need for rigorous laboratory protocols to ensure reliable results.

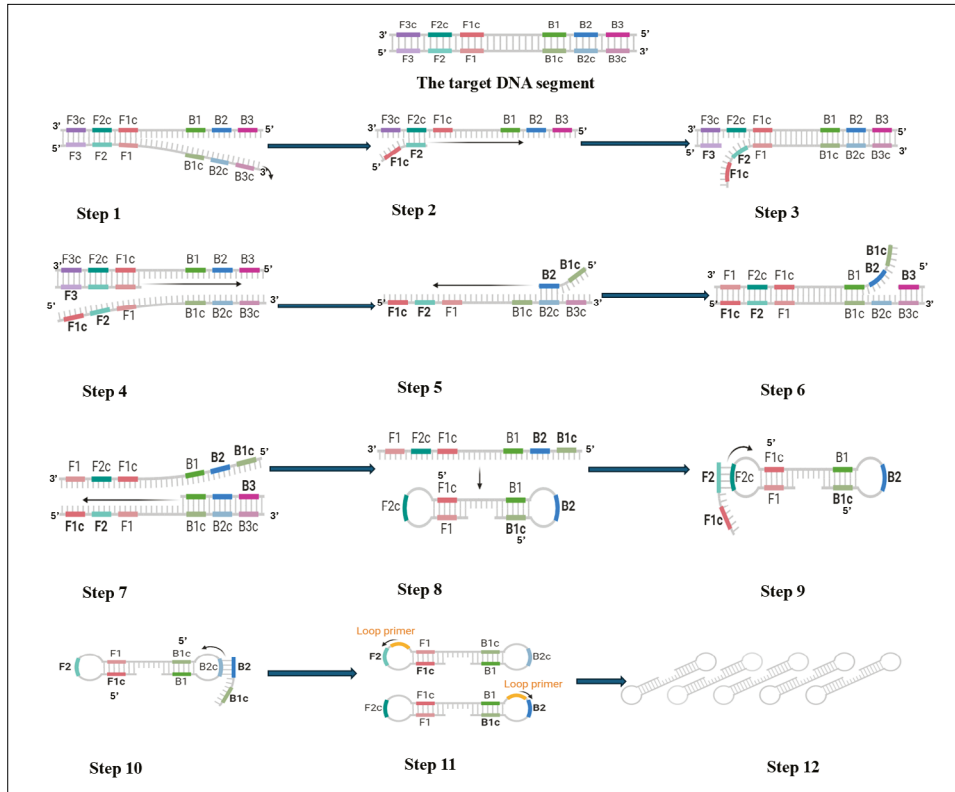
1.2. Loop-mediated isothermal amplification (LAMP)

LAMP is a prominent molecular diagnostic tool appreciated for its versatility in detecting pathogens across varied samples. It operates under a consistent temperature range of 60-65°C, eliminating the need for thermocycling devices, which offers an advantage in resource-limited settings (*Notomi et al.*, 2000; *Mori et al.*, 2001; *Njiru*, 2012). While the use of multiple primers (*Figure 1*) amplifies its specificity, reducing false positives, it's essential to note that LAMP can sometimes encounter difficulties with multiplexing and might also be sensitive to sample impurities, potentially affecting the accuracy of results (*Goto et al.*, 2009; *Mori and Notomi*, 2009). The development of the LAMP method for detecting pathogens in fecal samples of farm animals holds immense importance, bridging the gap between animal health and broader public health, food safety, and economic considerations. As our comprehension of these pathogens evolves, cutting-edge diagnostic tools will play an indispensable role in efficiently tackling potential outbreaks and managing diseases (*Parida et al.*, 2008; *WHO*, 2016; *Jelocnik et al.*, 2017).

1.3. Primer design, software tools, and cost considerations of LAMP

LAMP utilizes a unique set of primers that distinguishes it from conventional PCR, which typically uses only two primers. In contrast, LAMP employs four to six primers, which target six distinct regions on the target DNA, ensuring high specificity and efficient amplification. The main primers involved in LAMP are the outer primers, F3 and B3, which initiate the amplification, and the inner primers, FIP (Forward Inner Primer) and BIP (Backward Inner Primer), which drive the core amplification process. FIP and BIP consist of two regions: one complementary

Figure 1. Detailed mechanism of LAMP process for DNA amplification



Step 1 involves DNA denaturation, where the target DNA segment undergoes separation into single strands, preparing the DNA for primer binding. In Step 2, the forward inner primer (F1c-F2) binds to the F2c region of the single-stranded DNA and initiates complementary polymerization. Step 3 sees the F3 primer binding to the F3c region. Step 4 follows with the F3 primer displacing the F1c-F2 strand, producing a single-stranded DNA segment for subsequent steps. In Step 5, the backward inner primer (B2-B1c) binds to the displaced strand and starts polymerization. Step 6 involves the B3 primer binding to the B3c region of the newly synthesized strand, displacing the B2-B1c strand and initiating another polymerization cycle. Step 7 continues this displacement and initiation process. Step 8 describes the formation of a “dumbbell” structure through complementarity interaction by the B2-B1c resultant amplicon. Step 9 involves the F1c-F2 primer binding to the dumbbell structure and synthesizing a complementary strand. In Step 10, the B2-B1c primer binds to the newly synthesized strand and continues the LAMP cycle. Step 11 includes the addition of loop primers to increase the shape complexity of the amplicons, enhancing the LAMP reaction’s efficiency and speed. Finally, Step 12 describes the production of millions of loop complex.

1. ábra: A LAMP folyamat részletes mechanizmusa DNS-amplifikáció során

Az 1. lépés a DNS denaturációját foglalja magába, ahol a cél-DNS szegmens egyetlen szála válik szét, előkészítve a DNS-t a primer bekötődéséhez. A 2. lépésben a forward belső primer (F1c-F2) az egyszálú DNS F2c régiójához kötődik, és beindítja a komplementer polimerizációt, amelyet kék színnel jelöltünk. A 3. lépésben az F3 primer az F3c régióhoz kötődik. A 4. lépésben az F3 primer kiszorítja az F1c-F2 szálát, és egy egyszálú DNS-szakaszt hoz létre a következő lépésekhez. Az 5. lépésben zölddel jelölve látható ahogy a reverz belső primer (B2-B1c) kötődik a kiszorított szárhoz,

(folytatás a következő oldalon)

és megkezdí a polimerizációt. A 6. lépésben a B3 primer kötődik az újonnan szintetizált szál B3c régiójához, ezzel kiszorítva a B2-B1c szálát így elindítva egy újabb polimerizációs ciklust. A 7. lépés folytatja ezt a kiszorítási és indítási ciklust. A 8. lépés során a keletkezett a B2-B1c ampikon két végének komplementaritása miatt egy „súlyzó” alakú struktúra alakul ki. A 9. lépésben az F1c-F2 primer a „súlyzó” szerkezethez kötődik, és egy komplementer szálát szintetizál. A 10. lépésben a B2-B1c primer kötődik az újonnan szintetizált szálhoz, és folytatja a LAMP-ciklust. A 11. lépés magában foglalja a hurokprimerek hozzáadását az ampikonok alaki komplexitásának növelése érdekében, ami növeli a LAMP-reakció hatékonyságát és sebességét. Végül a 12. lépés a több millió hurokkomplex előállítását írja le.

to the 3' end and another to the 5' end of the target sequence, which facilitates strand displacement and rapid amplification. In some cases, as shown in Figure 1 additional loop primers, such as F-loop and B-loop, are introduced to further enhance the speed and efficiency of the reaction by binding to the loop structures formed during the process (Notomi et al., 2000; Mori and Notomi, 2009).

To design these complex primer sets, specialized software applications are often employed. One widely used tool is PrimerExplorer, developed by Eiken Chemical Co., which allows users to input the target sequence and receive a complete set of LAMP primers based on the sequence's structural characteristics. PrimerExplorer considers factors such as primer length, melting temperature, and GC content to optimize primer efficiency and specificity (Parida et al., 2008). Another useful tool is LAMP Designer, a commercial software that includes features for avoiding dimer formation and ensuring high specificity. Additionally, LAVA (LAMP Assay Versatile Analysis) offers flexible options for LAMP primer design and analysis of potential secondary structures that could affect the reaction (Tomita et al., 2008). These tools greatly simplify the process of designing effective LAMP primers, which are crucial for the method's high specificity.

In terms of costs, LAMP reactions generally involve higher reagent costs compared to PCR due to the requirement for Bst polymerase, a high-efficiency DNA polymerase capable of strand displacement without thermal cycling. Bst polymerase tends to be more expensive than the Taq polymerase used in PCR, but the overall equipment cost for LAMP is significantly lower because it does not require a thermocycler. LAMP reactions can be performed in a simple water bath or heating block that maintains a constant temperature of around 60–65°C, whereas PCR requires a more expensive thermocycler to repeatedly heat and cool the reaction mixture (Mori et al., 2001). While LAMP reactions generally require 4–6 primers per reaction, increasing primer costs relative to the two primers used in PCR, the absence of a thermocycler and the potential for rapid, real-time detection without complex equipment can make LAMP more cost-effective in specific settings. Detection methods in LAMP, such as turbidity, colorimetric detection, or fluorescence, are relatively simple and inexpensive compared to PCR, which often requires gel electrophoresis or real-time PCR systems for detection of amplified products (Mori and Notomi., 2009). In terms of per-reaction costs, LAMP costs depend on the reagents and detection methods used, while PCR reactions are generally less expensive per reaction (Nagamine et al., 2002). However, in field settings, LAMP is often the more practical option due to its minimal equipment requirements and faster time to result, especially for pathogen detection and

diagnostics (*Mori et al.*, 2001). In conclusion, while LAMP may involve higher upfront reagent costs, its lower equipment requirements and rapid detection capabilities make it an appealing alternative to PCR in many diagnostic and field-based applications. The complexity of primer design is mitigated by the availability of specialized software tools like PrimerExplorer and LAVA, ensuring that LAMP reactions are both specific and efficient for a wide range of nucleic acid detection tasks.

1.4. Qualitative LAMP and its end point detection

Qualitative LAMP is distinguished by its ability to detect presence or absence of specific nucleic acid sequences in a sample. This is particularly useful in resource-limited settings due to its simplicity and rapidity. Several end point detection methods can be used for qualitative LAMP: Colorimetric detection, Fluorometric detection and Turbidimetric detection. Colorimetric detection leverages in color changes in pH-sensitive dyes to visually indicate DNA amplification. For instance, in a study by *Goto et al.* (2009), researchers used hydroxynaphthol blue (HNB), where a successful amplification changes the solution's color from violet to blue, allowing immediate visual verification without the need for specialized equipment. Fluorometric detection involves the incorporation of fluorescent dyes that increase in fluorescence in direct proportion to the amount of DNA amplified during the reaction.

A study highlighted by *Jung and Park* (2015) employed fluorescent intercalating dyes that bind to double-stranded DNA, enabling the visualization of LAMP results under UV light, thus enhancing its utility in rapid diagnostics (*Nguyen et al.*, 2019). Turbidimetric detection involves amplification of DNA where magnesium pyrophosphate is produced as a byproduct, which increases the turbidity of the solution. This change can be quantitatively monitored using a turbidimeter, offering a simple yet effective method of detection. Study by *Mori et al.* (2001) demonstrates the effectiveness of turbidimetric detection in monitoring of LAMP reactions, providing a cost-effective alternative to more sophisticated methods (*Yang et al.*, 2024). Qualitative LAMP is particularly advantageous for field use, allowing rapid and effective decision-making directly at the point of care or in environmental assessments.

1.5. Quantitative LAMP and its end point detection

Quantitative LAMP (qLAMP) builds upon the basic principles of LAMP to enable the quantification of nucleic acids, offering precise measurements that are crucial for understanding disease dynamics, monitoring treatment efficacy, and controlling outbreaks. Several end point monitoring methods can be used for quantitative LAMP: Real-time fluorescence monitoring and endpoint quantification analysis. Real-time fluorescence monitoring uses real-time data to monitor the progression of the LAMP reaction. The fluorescence emitted by intercalating dyes correlates with the amount of nucleic acid amplified, providing not only presence or absence but also the quantity of the target. *Park* (2022) described the application of real-time fluorescence in qLAMP to monitor viral RNA in clinical samples, enhancing

its application in viral load determination and treatment monitoring. In endpoint quantification analysis, the final fluorescence readings are compared against a calibrated standard curve to estimate nucleic acid concentrations. This method is particularly useful in settings where real-time monitoring may be impractical. Studies like the one by Yang et al. (2024) have successfully applied endpoint analysis in food safety to quantify pathogenic bacteria, demonstrating qLAMP's utility in public health surveillance.

Quantitative LAMP is applicable in clinical and environmental contexts. The ability of qLAMP to quantify pathogen load is invaluable in clinical settings (Saengsawang et al., 2023). In environmental science, qLAMP facilitates the detection and quantification of microbial contaminants in water sources or soil samples (Yang et al., 2024).

1.6. Gel electrophoresis as an end-point detection method for LAMP

Gel electrophoresis is a commonly used method for the end-point detection of nucleic acid amplification, including LAMP. In LAMP, after the amplification process, the presence of the amplified product can be confirmed by visualizing the DNA bands using gel electrophoresis. The LAMP reaction generates a ladder-like pattern on the gel due to the production of various sizes of concatenated amplicons, which is distinct from the single, discrete bands typically observed in PCR. In this method, the LAMP reaction mixture is subjected to agarose gel electrophoresis. The amplified DNA is separated based on size by applying an electric current across the gel, and a DNA-specific dye like ethidium bromide or SYBR Green is used to visualize the DNA under ultraviolet (UV) light. This approach is relatively straightforward and provides a clear visual confirmation of successful amplification (Tomita et al., 2008). However, it is important to note that gel electrophoresis is time-consuming and requires specialized equipment such as a gel chamber and UV transilluminator, which may limit its use in field-based LAMP applications where rapid detection is needed (Mori et al., 2001). Despite these limitations, gel electrophoresis remains a valuable method for confirming LAMP results, especially in laboratory settings where equipment for electrophoresis is readily available. Its use allows researchers to assess not only the presence of amplification but also to estimate the size of the amplified products, providing further confirmation of the reaction's specificity (Goto et al., 2009).

1.7. Pathogenic bacteria of veterinary importance in cattle and domestic pigeons

Escherichia coli, while commonly found in mammalian intestines, consists of various strains. Some strains, like *E. coli* O157:H7, have been linked to significant foodborne outbreaks, especially connected with beef products (Mead and Griffin, 1998; Rangel et al., 2005). The bacteria's ability to form biofilms, adhere to various surfaces, and its high prevalence in cattle underscore the importance of efficient diagnostics and management strategies. Rapid and accurate detection methods, like LAMP, could be instrumental in early identification, timely intervention, and prevention of potential outbreaks. *Staphylococcus aureus* is another notable

pathogen in dairy cattle, associated with mastitis, severely impacting milk production and quality (Barkema et al., 2006). Additionally, *Salmonella enterica* in dairy cattle has become a growing concern due to its zoonotic potential and association with foodborne illnesses (Threlfall, 2002). Given the implications of these bacteria, rapid diagnostic techniques like LAMP are pivotal for early detection and intervention (Parida et al., 2008).

Domestic pigeons (*Columba livia domestica*), often underrepresented in research, can carry significant pathogens such as *Salmonella enterica*. These birds might be asymptomatic carriers, potentially transmitting pathogens to both avian and human populations, especially in close-contact scenarios (Haag-Wackernagel and Moch, 2004). *Escherichia coli*, too, finds its presence in pigeons, with specific strains linked to avian colibacillosis, affecting pigeon health, and posing transmission risks to humans in proximity. Pigeons, commonly found in diverse environments, are recognized as reservoirs for pathogens, with *Chlamydia psittaci* being a primary concern due to its zoonotic characteristics (Magnino et al., 2009). This bacterium can transmit from birds to humans, leading to diseases like psittacosis. Common transmission modes include inhalation of infected dried feces or nasal secretions (Smith et al., 2005). Given the increasing cases of psittacosis linked to pigeon interactions, rapid and accurate diagnostic tools like LAMP are of utmost importance. As per World Organization for Animal Health (WOAH) global laboratory mapping there is uneven distribution of laboratories across the world. This limits the field detection of animal disease outbreaks in many underdeveloped and developing countries. The aim of this review was to address the application of LAMP diagnostic technique for the detection of pathogenic bacteria: *Escherichia coli*, *Salmonella enterica*, *Staphylococcus aureus* in dairy cattle, and *Chlamydia psittaci*, *Salmonella enterica*, and *Escherichia coli* in domestic pigeons using fecal eDNA.

2. Environmental DNA (eDNA) and LAMP potential in pathogen detection

The analysis of the studies on environmental DNA (eDNA) and LAMP highlights their significant contributions to pathogen detection and ecological monitoring. This method provides critical insights into the sensitivity, specificity, and efficiency of detecting various biological targets. The quantitative data from eDNA studies demonstrate the high sensitivity and specificity of eDNA tools in detecting a range of organisms (Table 1).

For instance, Borrelli et al. (2020) reported a sensitivity of 92% for detecting *Batrachochytrium dendrobatidis*. Similarly, Bourgeois et al. (2019) showed an eDNA tool with 85% sensitivity and 95% specificity for nematode detection. The ability of eDNA to reveal genetic diversity and population structures, as evidenced by Brunner (2020) underscores its utility in ecological studies. Moreover, Burian et al. (2021) identified 23 species and provided quantitative abundance estimates, reflecting eDNA's effectiveness in assessing species richness. The quantitative data from LAMP assay studies shows its high sensitivity and specificity across various pathogens. Barkway et al. (2011) reported a LAMP assay with 98% sensitivity and 96% specificity for detecting *Eimeria* species, while Jelocnik et al. 2017 documented sensitivities of 94% and 91% for *Chlamydia psittaci* and

Table 1.

Study findings showing the sensitivity, specificity and limit of detection of pathogens when eDNA and LAMP are used

Study Findings (1)	Reference (2)
Sensitivity of eDNA for <i>Batrachochytrium dendrobatidis</i> : 92%	Borrelli et al. (2020)
Sensitivity of eDNA tool for nematode detection: 85%; Specificity: 95%	Bourgeois et al. (2019)
Genetic diversity metrics from eDNA: Population structure revealed	Brunner (2020)
Species richness: 23 species identified; abundance: quantitative estimates provided	Burian et al. (2021)
Detection rate of wildlife using eDNA: 78%	Carroll et al. (2018)
Shifts in gut microbiome composition: Various taxa quantified	Çelik et al. (2022)
Avian gut microbiota diversity: Metrics on species richness and relative abundance	Childress et al. (2024)
LAMP assay sensitivity for <i>Chlamydia spp.</i> detection: 96%; Specificity: 94%	Clune (2021)
Antibiotic resistance prevalence: 65% of samples showed resistance	Collis et al. (2024)
Invasive species detection rate using eDNA: Varied by species and environmental conditions	Garlapati et al. (2019)
Quantification of <i>Giardia</i> and <i>Cryptosporidium</i> using eDNA: Concentrations reported	Lux et al. (2023)
DNA yield from fecal samples for gut microbiota: Mean 50 ng/µl	Mathay et al. (2015)
Comparison of eDNA metabarcoding methods: Species detection rates >80%	Ruppert et al. (2019)
Fecal eDNA yield and species richness: Metrics on number of species detected	Schilling et al. (2022)
eDNA detection efficiency: Varies with temperature and inhibitor presence	Seymour et al. (2018)
eDNA methods for fish monitoring: Detection limits reported	Thalinger et al. (2021)
Sensitivity of LAMP assay for <i>Eimeria spp.</i> : 98%; Specificity: 96%	Barkway et al. (2011)
LAMP assay sensitivity for <i>Chlamydia psittaci</i> : 94%; <i>Chlamydia pecorum</i> : 91%	Jelocnik et al. (2017)
Performance metrics of LAMP assays across studies: Summarized in review	Mansour (2015)
Sensitivity and specificity for <i>Mycobacterium tuberculosis</i> complex: 90-95%	Padzil (2022)
Sensitivity of eDNA for detecting aquatic invertebrates: 88%	Taberlet et al. (2018)
Species detection rate of amphibians using eDNA: 95%	Valentini et al. (2009)
eDNA detection of endangered species: Successful identification in 90% of samples	Thomsen et al. (2012)
LAMP assay for detecting avian influenza: Sensitivity: 97%; Specificity: 96%	Fukuta et al. (2003)
Comparative analysis of eDNA and traditional methods for biodiversity monitoring: eDNA shows higher sensitivity	Dejean et al. (2012)

Study Findings (1)	Reference (2)
Quantitative detection of fish species using eDNA: Biomass estimates provided	<i>Yamamoto et al. (2017)</i>
Sensitivity of LAMP assay for detecting <i>Trypanosoma brucei</i> : 98%; Specificity: 94%	<i>Njiru et al. (2008)</i>
LAMP assay for malaria diagnosis: Sensitivity: 96%; Specificity: 97%	<i>Poon et al. (2006)</i>
eDNA sampling for microbial diversity in arctic soils: Abundance and diversity metrics reported	<i>Ruppert et al. (2019)</i>

1. táblázat: A kórokozók érzékenységét, specificitását és kimutatási határát mutató vizsgálati eredmények eDNS és LAMP alkalmazása esetén

A tanulmány eredményei (1); hivatkozás (2)

Chlamydia pecorum, respectively. *Clune (2021)* highlighted the rapid detection capability of LAMP, with a detection limit of 10 RNA copies/ μ l for norovirus and a turnaround time of 30 minutes.

The studies reveal that eDNA and LAMP assays are highly effective in their respective applications. eDNA is particularly valuable and non-invasive sampling technique for environmental monitoring, detecting invasive species, and assessing biodiversity (*Carroll et al., 2018; Schilling et al., 2022*). It provides comprehensive data on species' presence and genetic diversity, which are crucial for ecological research and conservation efforts. On the other hand, LAMP assays offer rapid, sensitive, and specific pathogen detection, making them suitable for clinical diagnostics, especially in resource-limited settings. The simplicity and cost-effectiveness of LAMP further enhances its applicability in various diagnostic scenarios. These studies demonstrate that both eDNA and LAMP assays have distinct advantages and potential applications. eDNA excels in environmental and ecological studies, while LAMP is highly effective for rapid and accurate pathogen detection.

2.1. Evaluation measures of LAMP as a diagnostic technique of livestock pathogens

Diagnostic test evaluation involves several statistical measures beyond just sensitivity and specificity, and these metrics are crucial for interpreting the performance of diagnostic tests like LAMP. While LAMP has been widely used due to its high sensitivity and specificity, other evaluative criteria such as *Positive Predictive Value (PPV)*, *Negative Predictive Value (NPV)*, *Receiver Operating Characteristic (ROC) Curve and Area Under the Curve (AUC)*, *Diagnostic Odds Ratio (DOR)* and prevalence must be considered to get a holistic understanding of its utility in clinical and field settings, especially in livestock disease diagnosis.

The PPV of a diagnostic test represents the probability that a subject with a positive test result truly has the disease. PPV is affected by both the sensitivity and specificity of the test, but more importantly, it is highly dependent on the prevalence of the disease in the population being tested. In the context of LAMP, a high PPV means that most of the animals identified as infected by the test

are truly infected. However, if the disease is rare (low prevalence), the PPV can decrease significantly even if the sensitivity and specificity of the test are high (Griner et al., 1981). For example, if LAMP is used to detect a bacterial infection like *E. coli* in a herd where the infection rate is low, the probability of false positives increases. This is because, in populations with low disease prevalence, a positive test result is more likely to be a false positive, unless the PPV is very high (Banoo et al., 2010). Therefore, veterinarians or field technicians using LAMP for bacterial diagnosis must consider this relationship between prevalence and PPV to avoid overestimating the number of infected animals.

The NPV refers to the likelihood that an individual with a negative test result is truly free of the disease. NPV, like PPV, is influenced by both the sensitivity and specificity of the test, but it also varies with disease prevalence. In populations where the disease prevalence is low, the NPV is generally higher because a negative result is more likely to be true (Dohoo et al., 2009). For LAMP-based diagnostics in livestock, a high NPV is particularly important in ensuring that uninfected animals are not falsely identified as healthy. In highly prevalent conditions, however, a negative result might not rule out the disease completely, especially if the test's sensitivity is compromised. For instance, in an outbreak of a bacterial disease in cattle, if LAMP tests produce some false negatives due to sample quality issues or reaction conditions, the NPV will drop, leading to possible underdiagnosis (Toma et al., 1999).

Prevalence refers to the proportion of individuals in a population who have a particular disease at a specific time. It directly influences the PPV and NPV of diagnostic tests. In regions where livestock bacterial infections are common, like in areas with poor sanitation or overcrowded farming practices, the prevalence of diseases like brucellosis or bovine tuberculosis can be quite high (WOAH, 2020). Under such conditions, the PPV of LAMP might increase because the likelihood of an animal testing positive and truly being infected is high. However, in regions where the prevalence of such infections is lower, as in well-managed farms with good biosecurity, a positive LAMP result might be less predictive of true infection, and the PPV would decrease. Therefore, when using LAMP or any other diagnostic test, it's critical to understand the local prevalence of the disease being tested for, as it can heavily influence the interpretation of test results.

The ROC curve is another important tool for evaluating diagnostic tests. It plots the sensitivity (true positive rate) against 1-specificity (false positive rate) across different threshold levels. The AUC provides a single measure of a test's overall ability to distinguish between infected and non-infected individuals. A higher AUC indicates a better-performing test (Swets, 1988). For LAMP, especially in field settings where real-time diagnosis is crucial, ROC curves can help assess the trade-offs between sensitivity and specificity at different decision thresholds, ensuring the test is used in the most effective manner (Fawcett, 2006). Studies show that LAMP tends to have an AUC close to 1 in many bacterial diagnostic applications, highlighting its high discriminatory power (Notomi et al., 2000).

The DOR is another metric used to evaluate the effectiveness of a diagnostic test. It is the ratio of the odds of a test being positive if the subject has the disease to the odds of it being positive if the subject does not have the disease. A higher DOR indicates better test performance (Glas et al., 2003). DOR is independent

of disease prevalence and provides a single indicator of test performance that combines sensitivity and specificity. For LAMP, which often demonstrates high sensitivity and specificity, DOR values tend to be high, indicating that it's a robust tool for bacterial diagnosis in livestock. In summary, while LAMP is a powerful diagnostic tool with high sensitivity and specificity for bacterial infections in livestock, interpreting its results accurately requires understanding the broader metrics of diagnostic test evaluation, including PPV, NPV, prevalence, and DOR. These metrics, in combination with sensitivity and specificity, allow for a more nuanced understanding of test performance, especially in variable field conditions. As LAMP continues to be deployed in various agricultural settings, these evaluations ensure its results are both reliable and actionable in controlling livestock diseases.

3. Key advantages of LAMP in pathogen detection

LAMP assay offers several distinct advantages in pathogen detection. Studies have consistently shown high sensitivity and specificity of LAMP across various applications. For example, *Zeng et al. (2021)* demonstrated a sensitivity of 98% and specificity of 96% in detecting *Eimeria species* in chickens, while *Clune (2021)* reported 96% sensitivity and 94% specificity for detecting *Chlamydia pecorum* in sheep. These findings underscore the assay's accuracy and reliability in clinical settings, making it a robust tool for pathogen identification. One of the standout features of LAMP assays is their rapid turnaround time. *Zeng et al. (2021)* illustrated this capability by detecting human norovirus in stool samples with a detection limit of 10 RNA copies/ μ l within just 30 minutes. *Mansour (2015)* further highlighted that LAMP reactions can be completed in less than an hour, making them highly suitable for point-of-care diagnostics and epidemiological surveys where timely results are critical.

In addition to speed, LAMP assays are known for their simplicity and cost-effectiveness. *Nagamine et al. (2002)* noted that LAMP does not require the complex thermal cycling equipment used in PCR, simplifying setup and reducing infrastructure costs in laboratory settings. *Zhao et al. (2013)* reinforced this point, emphasizing the economical nature of LAMP assays compared to traditional molecular methods, which are particularly advantageous in resource-limited settings. LAMP assays also exhibit robustness to inhibitors commonly present in complex sample matrices such as feces. *Zorkóczy et al. (2023)* reviewed multiple studies confirming that LAMP is less affected by inhibitors compared to PCR-based methods, enhancing its utility in challenging environmental conditions. *Lux et al. (2023)* demonstrated successful detection of *Clostridium difficile* in feces using a real-time LAMP assay, further highlighting its resilience in the presence of potential inhibitors.

Moreover, the versatility of LAMP assays in detecting a wide range of pathogens is well-documented. *Barkway et al. (2011)* and *Jelocnik et al. (2017)* showcased the adaptability of LAMP across various microbial targets, including viruses, bacteria, and parasites. This broad applicability makes LAMP a versatile tool for different diagnostic needs and underscores its role in diverse clinical and field settings. Overall, the field-friendly nature of LAMP assays enhances their

usability beyond traditional laboratory settings *Dhama et al. (2014)* emphasized that LAMP's isothermal reaction mechanism allows for on-site diagnostics and surveillance efforts in remote or underserved areas, further extending its utility in global health initiatives and outbreak management.

Integrating eDNA techniques with other molecular methods, such as metagenomics, can provide comprehensive insights into ecosystem health and biodiversity (*WOAH, 2018*). Moreover, combining eDNA with high-throughput sequencing technologies can offer a more detailed understanding of microbial communities and their interactions with host species (*WOAH, 2018*). The advancements in LAMP and eDNA technologies have the potential to transform pathogen detection and environmental monitoring. Continued innovation, standardization, and interdisciplinary collaboration will ensure these techniques are effectively utilized to address global health and ecological challenges (*ISO 16140-2:2016, n.d.*). The future of diagnostic science lies in the integration of these powerful methods, paving the way for more efficient, accurate, and comprehensive monitoring solutions.

4. Limitations of LAMP

Despite its many advantages, the LAMP assay is not without limitations that need to be considered in its application. One significant challenge is the potential for contamination due to the assay's high sensitivity and efficiency in amplifying DNA. *Zorkóczy et al. (2023)* and *Childress et al. (2024)* highlighted the importance of stringent laboratory practices to prevent cross-contamination, particularly in clinical and point-of-care settings where accuracy is paramount.

Another limitation of LAMP assays lies in the complexity of primer design. *Nagamine et al. (2002)* pointed out that designing LAMP primers, which typically involve multiple primers targeting different regions of the target DNA, can be more intricate compared to conventional PCR. This complexity may hinder the rapid development of new LAMP assays for emerging pathogens, limiting their broader application in diagnostic settings.

Multiplexing, or the ability to detect multiple pathogens in a single reaction, is another area where LAMP assays face challenges. While highly effective for single-target detection, LAMP may not be as suitable for multiplex assays as PCR. *Childress et al. (2024)* and *Zorkóczy et al. (2023)* discussed these limitations, which could restrict the assay's utility in creating comprehensive diagnostic panels needed for certain clinical scenarios.

Furthermore, LAMP assays have been observed to detect DNA from non-viable organisms, which can lead to false-positive results in infection diagnostics. *Lux et al. (2023)* emphasized the importance of careful result interpretation to distinguish between active infections and the presence of non-viable pathogens, highlighting critical consideration in clinical practice. Temperature control is another significant concern with LAMP assays. Maintaining precise isothermal conditions, typically around 60-65°C, is crucial for the success of LAMP reactions. *Nagamine et al. (2002)* and *Mansour (2015)* discussed the challenge of temperature regulation, particularly in field settings where maintaining consistent temperatures without specialized equipment can be difficult, potentially affecting assay reliability.

Lastly, while LAMP assays are highly sensitive for qualitative detection, they

generally provide limited quantitative data on pathogen load compared to quantitative PCR (qPCR). According to *Dhama et al.* (2014) while real-time LAMP (RT-LAMP) can offer some quantitative insights, its precision and accuracy in quantitative diagnostics do not match that of qPCR, which remains the gold standard for quantification in molecular diagnostics. While LAMP assays offer rapid, sensitive, and cost-effective pathogen detection, careful consideration of these limitations is essential to ensure their appropriate use and interpretation in clinical, field, and research settings. Addressing these challenges through ongoing methodological advancements and rigorous validation will further enhance the utility of LAMP assays in infectious disease diagnostics and surveillance.

5. Other isothermal amplification techniques

In the realm of molecular diagnostics, especially in settings requiring rapid and efficient testing, several isothermal amplification methods stand out, each with unique characteristics tailored to specific needs. Among these, LAMP has gained prominence due to its rapid processing time and high sensitivity, making it highly suitable for point-of-care applications. LAMP's ability to detect as low as one copy of the target per microliter and its use of multiple primers for enhanced specificity sets it apart from other techniques. This method is particularly advantageous in resource-limited settings because it does not require sophisticated laboratory equipment and allows for visual detection of results through turbidity or color change, facilitating quick diagnostics directly in the field (*Park, 2022*).

Comparatively, Recombinase Polymerase Amplification (RPA), usually completes reactions within 20 to 40 minutes, and operates effectively at lower temperatures (37-42°C). This makes RPA a strong contender for applications requiring quick turnaround without the need for thermal cycling *Zou et al.* (2020). The cost of the enzymes required for RPA and its sensitivity to sample impurities can limit its broader application, particularly in complex diagnostic scenarios where robustness and cost-efficiency are crucial (*Zou et al., 2020*).

Rolling Circle Amplification (RCA), another isothermal technique distinguishes itself by utilizing a simple mechanism that amplifies DNA through rolling circle replication. This method is particularly effective for analyzing small circular DNA molecules such as plasmids and viral genomes. Although its reaction time of about 90 minutes is slower than LAMP, RCA's ability to visualize amplification products with fluorescent dyes and its unique suitability for circular DNA templates provide significant benefits in virology and genetic research. However, RCA's slower reaction time and sometimes lower specificity compared to LAMP can be a drawback, especially in urgent diagnostic situations where speed and accuracy are paramount (*Li and Macdonald, 2015*).

By comparing these methods, it's evident that each has its strengths and limitations. LAMP, with its ability to provide rapid, reliable results with minimal equipment, proves to be highly advantageous in many scenarios. This makes it a preferred method, especially when immediate decision-making is essential in clinical or field diagnostics. The detailed discussion of the limitations of alternatives like RPA and RCA underscores the relative advantages of LAMP, ensuring a balanced perspective and justifying its recommendation for widespread diagnostic use.

6. Conclusions

LAMP assays and eDNA techniques represent powerful diagnostic tools with distinct advantages and applications. LAMP assays demonstrate exceptional sensitivity and specificity in pathogen detection, offering rapid results, simplicity, and cost-effectiveness, which are particularly beneficial in resource-limited environments. However, challenges such as potential contamination, complex primer design, and limited quantitative capability need to be addressed. Their adaptability to various environmental conditions enhances their versatility. Nevertheless, variability in detection efficiency due to environmental factors and the need for precise methodological protocols are areas for improvement. Future research should focus on addressing these limitations to enhance the diagnostic capabilities and broader applications of both LAMP and eDNA techniques and to promote their combined application. Collaboration between researchers, clinicians, and policymakers, along with investments in training and capacity-building initiatives, will be crucial for the effective implementation and advancement of these methods.

7. Acknowledgements

Mbithi A. was supported by the Tempus Public Foundation within the Stipendium Hungaricum Programme. This work was supported by 2023-1.1.1-PIACI_FOKUSZ-2024-00042. Supported by the University of Debrecen Program for Scientific Publication.

8. References

- Banoo, S. – Bell, D. – Bossuyt, P. – Herring, A. – Mabey, D. – Poole, F. – Smith, P. G. – Sriram, N. – Wongsrichanalai, C. – Linke, R. – O'Brien, R. – Perkins, M. – Cunningham, J. – Matsoso, P. – Nathanson, C. M. – Olliaro, P. – Peeling, R. W. – Ramsay, A.* (2010): Evaluation of diagnostic tests for infectious diseases: general principles. *Nat. Rev. Microbiol.*, 8(12), S17-S29. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1523>
- Barkema, H. W. – Schukken, Y. H. – Zadoks, R. N. – Verhoeff, J.* (2006): The role of cow, pathogen, and treatment regimen in the therapeutic success of bovine *Staphylococcus aureus* mastitis. *J. Dairy. Sci.*, 89. 1877–1895. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72256-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72256-1)
- Barkway, C. P. – Pocock, R. L. – Vrba, V. – Blake, D. P.* (2011): Loop mediated isothermal amplification (LAMP) assays for the species-specific detection of *Eimeria* that infect chickens. *BMC Vet. Res.*, 7. 1–8. <https://doi.org/10.3791/52552>
- Bohara, K. – Yadav, A. K. – Joshi, P.* (2022): Detection of fish pathogens in freshwater aquaculture using eDNA methods. *Diversity*, 14. 1015. <https://doi.org/10.3390/d14121015>
- Borrelli, L. – Minichino, A. – Pace, A. – Dipineto, L. – Fioretti, A.* (2020): Faecal sample collection method for wild birds associated microbiome research: Perspectives for wildlife studies. *Animals*, 10. 1349. <https://doi.org/10.3390/ani10081349>
- Bourgeois, S. – Kaden, J. – Senn, H. – Bunnefeld, N. – Jeffery, K. J. – Akomo-Okoue, E. F. – McEwing, R.* (2019): Improving cost efficiency of faecal genotyping: New tools for elephant species. *PLoS One*, 14. e0210811. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0210811>
- Brunner, J. L.* (2020): Pooled samples and eDNA based detection can facilitate the “clean trade” of aquatic animals. *Sci. Rep-UK.*, 10(1), 10280. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-66280-7>

- Burian, A. – Mauvisseau, Q. – Bulling, M. – Domisch, S. – Qian, S. – Sweet, M. (2021): Improving the reliability of eDNA data interpretation. *Mol. Ecol. Resour.*, 21. 1422–1433. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13367>
- Carroll, E. L. – Bruford, M. W. – DeWoody, J. A. – Leroy, G. – Strand, A. – Waits, L. – Wang, J. (2018): Genetic and genomic monitoring with minimally invasive sampling methods. *Evol. Appl.*, 11. 1094–1119. <https://doi.org/10.1111%2Feva.12600>
- Çelik, C. – Pınar, O. – Sipahi, N. (2022): The prevalence of *Aliarcobacter species* in the fecal microbiota of farm animals and potential effective agents for their treatment: A review of the past decade. *Microorganisms*, 10. 2430. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10122430>
- Childress, J. – Faust, C. L. – Deiner, K. (2024): Introduction to special issue: Advancing disease ecology through eDNA monitoring of infectious agents. *Env. DNA*, 6. e502. <https://doi.org/10.1002/edn3.502>
- Clune, T. (2021): Real-time fluorometric isothermal lamp assay for detection of *Cchlamydia pecorum* in rapidly processed ovine abortion samples: A veterinary practitioner's perspective. *Pathogens*, 10. 1157. <https://doi.org/10.3390/pathogens10091157>
- Collis, R. M. – Biggs, P. J. – Burgess, S. A. – Midwinter, A. C. – Brightwell, G. – Cookson, A. L. (2024): Impact of systemic antimicrobial therapy on the faecal microbiome in symptomatic dairy cows. *Plos One*, 19. e0296290. <https://doi.org/10.3390/pathogens10091157>
- Dejean, T. – Valentini, A. – Miquel, C. – Taberlet, P. – Bellemain, E. – Miaud, C. (2012): Improved detection of an alien invasive species through environmental DNA barcoding: The example of the American bullfrog *Lithobates catesbeianus*. *J. Appl. Ecol.*, 49. 953–959. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2012.02171.x>
- Dhama, K. – Karthik, K. – Chakraborty, S. – Tiwari, R. – Kapoor, S. – Kumar, A. – Thomas, P. (2014): Loop mediated isothermal amplification of DNA (LAMP): A new diagnostic tool lights the world of diagnosis of animal and human pathogens: A review. *Pakistan Journal of Biological Sciences: PJSBS.*, 17. 151–166. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2014.151.166>
- Dohoo, I. – Martin, W. – Stryhn, H. (2009): *Veterinary Epidemiologic Research*. 2nd Edition. Charlottetown: VER Inc.
- FAO. (2011): *World livestock 2011: Livestock in food security*. Rome, FAO. <https://www.fao.org/4/i2373e/i2373e.pdf>
- Fawcett, T. (2006): An introduction to ROC analysis. *Pattern Recognit. Lett.*, 27(8), 861–874. <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2005.10.010>
- Fukuta, S. – Iida, T. – Mizukami, Y. – Ishida, A. – Ueda, J. – Kanbe, M. – Ishimoto, Y. (2003): Detection of Japanese yam mosaic virus by RT-LAMP. *Arch. Virol.*, 148. 1713–1720. <https://doi.org/10.1007/s00705-003-0134-5>
- Garlapati, D. – Charankumar, B. – Ramu, K. – Madeswaran, P. – Ramana Murthy, M. V. (2019): A review on the applications and recent advances in environmental DNA (eDNA) metagenomics. *Rev. Environ. Sci. Bio.*, 18. 389–411. <https://link.springer.com/article/10.1007/s11157-019-09501-4>
- Glas, A. S. – Lijmer, J. G. – Prins, M. H. – Bossel, G. J. – Bossuyt, P. M. (2003): The diagnostic odds ratio: a single indicator of test performance. *J. Clin. Epidemiol.*, 56(11), 1129–1135. [https://doi.org/10.1016/S0895-4356\(03\)00177-X](https://doi.org/10.1016/S0895-4356(03)00177-X)
- Goto, M. – Honda, E. – Ogura, A. – Nomoto, A. – Hanaki, K.I. (2009b): Colorimetric detection of loop mediated isothermal amplification reaction by using hydroxy naphthol blue. *Biotechniques*, 46. 167–172. <https://doi.org/10.2144/000113072>
- Griner, P. F. – Mayewski, R. J. – Mushlin, A. I. – Greenland, P. (1981): Selection and interpretation of diagnostic tests and procedures. *Ann. Intern. Med.*, 94(4 Pt 2), 553–600.
- Haag-Wackernagel, D. – Moch, H. (2004): Health hazards posed by feral pigeons. *J. Infection.*, 48. 307–313. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2003.10.012>
- Hogan, J. S. – Smith, K. L. (2003): Coliform mastitis. *Vet. Res.*, 34. 507–519. <https://doi.org/10.1051/vetres:2003020>

- ISO 16140-2:2016. (n.d.). Protocol for the validation of alternative (proprietary) methods against a reference method. ISO. Retrieved 2 July 2024, from <https://www.iso.org/standard/54870.html>
- Jelocnik et al. (2017): Development and evaluation of rapid novel isothermal amplification assays for important veterinary pathogens: *Chlamydia psittaci* and *Chlamydia pecorum*. PeerJ, 5. e3799. <https://doi.org/10.7717/peerj.3799>
- Jerde, C. L. – Olds, B. P. – Shogren, A. J. – Andruszkiewicz, E. A. – Mahon, A. R. – Bolster, D. – Tank, J. L. (2016): Influence of stream bottom substrate on retention and transport of vertebrate environmental DNA. Env. Sci. Tech., 50. 8770–8779. <https://doi.org/10.1021/acs.est.6b01761>
- Jung, Y. K. – Park, H. G. (2015): Colorimetric detection of clinical DNA samples using an intercalator conjugated polydiacetylene sensor. Biosens. Bioelect., 72. 127–132. <https://doi.org/10.1016/j.bios.2015.04.093>
- Li, J. – Macdonald, J. (2015): Advances in isothermal amplification: Novel strategies inspired by biological processes. Biosens. Bioelect., 64. 196–211. <https://doi.org/10.1016/j.bios.2014.08.069>
- Lux, L. – Ulrich, R. G. – Santos-Silva, S. – Queirós, J. – Imholt, C. – Klotz, C. – Mesquita, J. R. (2023): Detection and molecular characterization of *Giardia* and *Cryptosporidium spp.* circulating in wild small mammals from Portugal. Animals, 13. 515. <https://doi.org/10.3390/ani13030515>
- Magnino, S. – Haag-Wackernagel, D. – Geigenfeind, I. – Helmecke, S. – Dovč, A. – Prukner-Radovič, E. (2009): Chlamydial infections in feral pigeons in Europe: Review of data and focus on public health implications. Vet. Microbiol., 135. 54–67. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2008.09.062>
- Mansour, S. M. (2015): Loop mediated isothermal amplification for diagnosis of 18 World Organization for Animal Health (OIE) notifiable viral diseases of ruminants, swine and poultry. Anim. Health. Res. Rev., 16. 89–106. <https://doi.org/10.1017/s1466252315000018>
- Mathay, C. – Hamot, G. – Henry, E. – Georges, L. – Bellora, C. – Lebrun, L. – Betsou, F. (2015): Method optimization for fecal sample collection and fecal DNA extraction. Biopreserv. Biobank., 13(2), 79–93. <https://doi.org/10.1089/bio.2014.0031>
- Mead, P. S. – Griffin, P. M. (1998): *Escherichia coli* O157. The Lancet, 352. 1207–1212. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(98\)01267-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(98)01267-7)
- Mori, Y. – Nagamine, K. – Tomita, N. – Notomi, T. (2001): Detection of loop mediated isothermal amplification reaction by turbidity derived from magnesium pyrophosphate formation. Biochem. Bioph. Res. Co., 289. 150–154. <https://doi.org/10.1006/bbrc.2001.5921>
- Mori, Y. – Notomi, T. (2009): Loop mediated isothermal amplification (LAMP): A rapid, accurate, and cost-effective diagnostic method for infectious diseases. J. Infect. Chemother., 15. 62–69. <https://doi.org/10.1007/s10156-009-0669-9>
- Nagamine, K. – Hase, T. – Notomi, T. J. M. C. P. (2002): Accelerated reaction by loop mediated isothermal amplification using loop primers. Mol. Cell. Probe., 16. 223–229. <https://doi.org/10.1006/mcpr.2002.0415>
- Nguyen, D. V. – Nguyen, V. H. – Seo, T. S. (2019): Quantification of colorimetric loop mediated isothermal amplification process. Biochip J., 13. 158–164. <https://doi.org/10.1007/s13206-019-3206-7>
- Njiru, Z. K. – Mikosza, A. S. J. – Armstrong, T. – Enyaru, J. C. – Ndung'u, J. M. – Thompson, A. R. C. (2008): Loop Mediated Isothermal Amplification (LAMP) method for rapid detection of *Trypanosoma brucei rhodesiense*. Plos Neglect. Trop. D., 2. e147. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000147>
- Njiru, Z. K. (2012): Loop mediated isothermal amplification technology: Towards point of care diagnostics. Plos Neglect. Trop. D., 6 e1572. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001572>
- Notomi, T. – Okayama, H. – Masubuchi, H. – Yonekawa, T. – Watanabe, K. – Amino, N. – Hase, T. (2000): Loop mediated isothermal amplification of DNA. Nucleic. Acids. Res., 28. E63. <https://doi.org/10.1093/nar/28.12.e63>
- Oliver, S. P. – Murinda, S. E. – Jayarao, B. M. (2009): Impact of antibiotic use in adult dairy cows on antimicrobial resistance of veterinary and human pathogens: A comprehensive review. Foodborne. Pathog. Dis., 6. 535–545. <https://doi.org/10.1089/fpd.2008.0206>

- Padzil, F. (2022): Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) as a promising point-of-care diagnostic strategy in avian virus research. *Animals*, 12. 76. <https://doi.org/10.3390/ani12010076>
- Parida, M. – Sannarangaiah, S. – Dash, P. K. – Rao, P. V. L. – Morita, K. (2008): Loop mediated isothermal amplification (LAMP): A new generation of innovative gene amplification techniques; perspectives in clinical diagnosis of infectious diseases. *Rev. Med. Virol.*, 18. 407–421. <https://doi.org/10.1002/rmv.593>
- Park, J. W. (2022): Principles and applications of loop-mediated isothermal amplification to point-of-care tests. *Biosensors*, 12. 857. <https://doi.org/10.3390/bios12100857>
- Poon, L. L. – Wong, B. W. – Ma, E. H. – Chan, K. H. – Chow, L. M. – Abeyewickreme, W. – Tangpukdee, N. – Yuen, K. Y. – Guan, Y. – Looareesuwan, S. – Peiris, J. M. (2006): Sensitive and inexpensive molecular test for *Falciparum malaria*: detecting *Pfalciparum* dnaDNA directly from heat-treated blood by loop mediated isothermal amplification. *Clin. Chem.*, 52. 303–306. <https://doi.org/10.1373/clinchem.2005.057901>
- Rangel, J. M. – Sparling, P. H. – Crowe, C. – Griffin, P. M. – Swerdlow, D. L. (2005): Epidemiology of *Escherichia coli* O157 outbreaks, United States, 1982–2002. *Emerg. Infect. Dis.*, 11. 603–609. <https://doi.org/10.3201/eid1104.040739>
- Ruppert, K. M. – Kline, R. J. – Rahman, M. S. (2019): Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Global Ecol. Conserv.*, 17. e00547. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00547>
- Saengsawang, N. – Ruang-areerate, P. – Kaothaisong, N. – Leelayoova, S. – Mungthin, M. – Juntanawiwat, P. – Hanyanunt, P. – Potisuwan, P. – Kesakomol, P. – Butsararattanagomen, P. – Wichaiwong, P. – Dungchai, W. – Ruangareerate, T. (2023): Validation of quantitative loop-mediated isothermal amplification assay using a fluorescent distance-based paper device for detection of *Escherichia coli* in urine. *Sci. Rep-UK.*, 13. 18781. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-46001-6>
- Scallan, E. – Hoekstra, R. M. – Angulo, F. J. – Tauxe, R. V. – Widdowson, M. A. – Roy, S. L. – Jones, J. L. – Griffin, P. M. (2011): Foodborne illness acquired in the United States—major pathogens. *Emerg. Infect. Dis.*, 17. 7–15. <https://doi.org/10.3201/eid1701.P11101>
- Schilling, A. K. – Mazzamuto, M. V. – Romeo, C. (2022): A review of non-invasive sampling in wildlife disease and health research: What's new? *Animals*, 12. 1719. <https://doi.org/10.3390/ani12131719>
- Seymour, M. – Durance, I. – Cosby, B. J. – Ransom-Jones, E. – Deiner, K. – Ormerod, S. J. – Creer, S. (2018): Acidity promotes degradation of multi-species environmental DNA in lotic mesocosms. *Comm. Biol.*, 1. 4. <https://doi.org/10.1038/s42003-017-0005-3>
- Smith, K. A. – Bradley, K. K. – Stobierski, M. G. – Tengelsen, L. A. (2005): Compendium of measures to control *Chlamydia psittaci* infection among humans (psittacosis) and pet birds (avian chlamydiosis), 2005. *Javma-J. Am. Vet. Med. A.*, 226. 532–539. <https://doi.org/10.2460/javma.2005.226.532>
- Swets, J. A. (1988): Measuring the accuracy of diagnostic systems. *Science*, 240(4857), 1285–1293. <https://doi.org/10.1126/science.3287615>
- Taberlet, P. – Bonin, A. – Zinger, L. – Coissac, E. (2018): Environmental DNA: for biodiversity research and monitoring. Oxford University Press, Oxford, 268. <https://doi.org/10.1093/oso/9780198767220.001.0001>
- Thalinger, B. – Deiner, K. – Harper, L. R. – Rees, H. C. – Blackman, R. C. – Sint, D. – Bruce, K. (2021): A validation scale to determine the readiness of environmental DNA assays for routine species monitoring. *Env. DNA*, 3. 823–836. <https://doi.org/10.1002/edn3.189>
- Thomsen, P. F. – Kielgast, J. – Iversen, L. L. – Wiuf, C. – Rasmussen, M. – Gilbert, M. T. P. – Orlando, L. – Willerslev, E. (2012): Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. *Mol. Ecol.*, 21. 2565–2573. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05418.x>

- Threlfall, E. J. (2002): Antimicrobial drug resistance in Salmonella: Problems and perspectives in food. and water-borne infections. FEMS Microbiol. Rev., 26. 141–148. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2002.tb00606.x>
- Toma, B. – Dufour, B. – Sanaa, M., et al. (1999): Epidemiologie appliquee a la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures. Paris: AEEMA.
- Tomita, N. – Mori, Y. – Kanda, H. – Notomi, T. (2008): Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) of gene sequences and simple visual detection of products. Nature Protocols, 3(5), 877-882. <https://doi.org/10.1038/nprot.2008.57>
- Valentini, A. – Pompanon, F. – Taberlet, P. (2009): DNA barcoding for ecologists. Trends Ecol. Evol., 24. 110–117. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2008.09.011>
- Ventola, C. L. (2015): The antibiotic resistance crisis: Part 1: Causes and threats. Pharm. Therap., 40. 277–283.
- WHO (2016): Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics. <https://remed.org/wp-content/uploads/2017/03/global-priority-list-of-antibiotic-resistant-bacteria-2017.pdf>
- WOAH (2018): World Organization for Animal Health Strategic Plan: Protecting animals, preserving our future 2016-2020. https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/About_us/docs/pdf/6thSP_ANG.pdf
- WOAH (2020): Terrestrial Animal Health Code. Paris: World Organisation for Animal Health.
- Yamamoto, S. – Masuda, R. – Sato, Y. – Sado, T. – Araki, H. – Kondoh, M. – Minamoto, T. – Miya, M. (2017): Environmental DNA metabarcoding reveals local fish communities in a species-rich coastal sea. Sci. Rep., 7. 40368. <https://doi.org/10.1038/srep40368>
- Yang, N. – Zhang, H. – Han, X. – Liu, Z. – Lu, Y. (2024): Advancements and applications of loop mediated isothermal amplification technology: A comprehensive overview. Front. Microbiol., 15. 1406632. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1406632>
- Zeng, Y. – X. Li, H. R. – Han, W. – Luo, W. (2021): Comparison of gut microbiota between Gentoo and Adélie penguins breeding sympatrically on antarctic ardley island as revealed by fecal DNA sequencing. Diversity, 13. 500. <https://doi.org/10.3390/d13100500>
- Zorkóczy, K. O. – Bujtor, Z. – Szives, A. – Ózsvári, L. – Wagenhoffer, Z. – Zenke, P. (2023): A LAMP- (hurok által közvetített izotermikus sokszorosítás) technika fő alkalmazási lehetőségei az állatorvostudományban (Irodalmi összefoglaló). Magyar Állatorvosok Lapja, 145(10), 611–624. <https://doi.org/10.56385/magyallorv.2023.10.611-624>
- Zou, Y. – Mason, M. G. – Botella, J. R. (2020): Evaluation and improvement of isothermal amplification methods for point-of-need plant disease diagnostics. Plos One, 15. e0235216. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235216>

Érkezett: 2024. szeptember

Authors' address: Mbithi, A.

Centre of Agricultural Genomics and Biotechnology, Doctoral School of Animal Science, University of Debrecen

Szerzők címe: Debreceni Egyetem Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ
H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1.

*Kusza, Sz. - Bagi, Z.**

Centre for Agricultural Genomics and Biotechnology, University of Debrecen
Debreceni Egyetem Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ
H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1.

*corresponding author, e-mail: bagiz@agr.unideb.hu

A strucc csibék allometrikus növekedésének értékelése

Evaluation of the allometric growth of ostrich chicks

BRASSÓ Dóra Lili – KOMLÓSI István – VÁRSZEGI Zsófia

ÖSSZEFOGLALÁS

A Szerzők Magyarországon felnevelt, 0-4 hetes korú növendék struccok allometrikus növekedését elemezték. A méretfelvételt összesen 141, ezek közül 45 napos, 29 egyhetes, 14 kéthetes, 20 háromhetes és 33 négyhetes egyedden végezték el. Az elemzett paraméterekbe a csibék súlya, a fejhossz, a nyakhossz, a törzshossz, a szárnyhossz, a lábszárhossz, a lábszárkörméret és a csüdkörméret tartozott. Páros testrésznél a jobboldali mérésre került sor. A különböző korú madarak elemzett testrészeit figyelembe véve a fejzsélesség, a nyakhossz és a lábszárhossz mutatta a legnagyobb méretbeli eltéréseket. Az élősúlyhoz viszonyítva mindegyik elemzett testrész kisebb mértékben nőtt. A fejzsélesség lineárisan nőtt, a törzshossz, a szárnyhossz és a lábszárhossz fokozatos növekedést mutatott. A lábszárkörméret b értéke a naposoknál a legnagyobb volt, majd a későbbi korosztályoknál csökkent. A csüdkörméret testsúlyhoz viszonyított növekedésében a négy hét alatt nagy változatosságot figyeeltünk meg. A testrészméretetek allometrikus növekedésének R^2 értékei a négy hetet figyelembe véve 0,01 és 0,99 közötti értékeket vettek fel. A csibék napos kori súlya átlagosan 883 g volt. A különböző korosztályok heti súlyértékeit figyelembe véve egyhetes korig részbeni csökkenés (-135,45 g), majd egyhetestől kéthetes korra részbeni növekedés (+386,86 g) volt tapasztalható, de sem az egyhetes, sem a kéthetes súly nem tért el a kelési súlytól ($p > 0,05$). A háromhetes madarak súlya a naposcsibék kelési súlyának duplája (1752 g) volt. Az egyes életkorokban mért súlyértékek közötti különbség a kor növekedésével nőtt és négyhetes korra a keléskori súlyuknak több, mint háromszorosát érték el. A szakirodalmi eredményekkel összehangban esetünkben is a hosszúságok mutatták a legintenzívebb növekedést, ezt követte a fejzsélesség, végül a körméretek. Az irodalomhoz képest a hazai struccok hasonló, vagy nagyobb testsúllyal rendelkeztek azonos korcsoportbeli fajtársaikhoz képest. Emuval és brojlercsirkevel összehasonlítva a hazai struccok növekedési üteme a kezdeti időszakban gyorsabb. Saját eredményeinkhez viszonyítva, a struccok allometrikus növekedését illetően, a fellelhető irodalmak az egyes testrészeknél (nyak, szárny) nagyobb b értékekről számolnak be. Az eltérések oka többek között a genotípusban, a takarmányozásban, a klimatikus viszonyokban és a madarak ivarában keresendő, melyek legtöbb esetben nem voltak ismertek. A pontosabb és hosszabb távú következtetések levonása céljából a jövőben érdemes lenne a kutatást nagyobb korintervallumban, egyedi megjelöléssel, korcsoportonként nagyobb elemszámmal megismételni.

Kulcsszavak: strucc (*Struthio camelus*), brojlercsirke, víziszárnyas, emu, allometrikus növekedés

SUMMARY

Objective: Evaluation of the allometric growth and weekly weights of 141 0-4 weeks old ostriches reared in Hungary under intensive conditions. The study aimed to investigate the differences in the allometric growth of body parts and the weekly weight of juvenile birds between 0 and 4 weeks of age and to compare the results with the findings of international literature on the growth characteristics of ostrich and other avian species.

Methods: 45 day-old, 29 one-week-old, 14 two-weeks-old, 20 three-weeks-old and 33 four-weeks-old birds were included in the research. The measurements of body parts involved the head width, neck length, body length, wing length, shank length, shank circumference, and tarsus circumference. The size of each body part at different ages was compared to each other's and the body weight ($p < 0.05$).

Results: Head width, neck length, and shank length showed the greatest differences among the analysed body parts of different age groups. The allometric growth of all body parts was lower compared to the body weight. The head width showed a linear growth, while the body length, wing length, and shank length grew gradually. The b -value of the shank circumference was the highest for day-old chicks, and then it decreased. The growth of tarsus circumference showed a

fluctuating manner during the first four weeks. R^2 values took on values between 0.01 and 0.99 for all the examined body parts and weeks. The average hatching weight of chicks was 883 g. There was a partial decrease in their body weight up to one week of age (-135.45 g), then a partial increase from the first week to the second (+386.86 g). However, the weights at both ages did not differ from the hatching weight ($p > 0.05$). The chicks doubled their hatching weight (1752 g) by three weeks of age. At four weeks of age, the body weight was significantly higher (nearly 3 kg) compared to the previous weeks. The weekly weight gain was -135.45 g on the first week, 386.86 g on the second, 616.84 g on the third, and 1144.98 g on the fourth week. The weekly weight gain of chicks increased with age and by the end of the fourth week, they tripled their hatching weight.

Conclusions: In line with the international literature, length dimensions showed the most intensive growth followed by the head width and the circumference values. Compared to the literature data on ostriches of the same age groups, Hungarian birds had similar or higher body weights. In comparison with emus and broiler chickens, the growth rate of ostriches in our experiment was higher. Other authors revealed higher b values regarding the allometric growth of the neck and wings. Differences can be accounted for the genotype, feeding, climatic conditions and sex of birds which were unknown in most cases. In the future, a similar study with a longer age interval, individual observations and a higher population number could be suggested to gain further and more exact conclusions.

Keywords: ostrich (*Struthio camelus*), broiler chicken, water flow, emu, allometric growth

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

A strucc (*Struthio camelus*) a jelenleg élő legnagyobb háziiasított madárfaj, magassága a 2,7-2,8 métert is elérheti, súlya akár 150 kg is lehet (Mucsi és Benk, 2004). A struccot a világon és hazánkban is elsősorban húzáért tartják és tenyésztik, de egyéb termékeit (tojás, bőr, csont) is hasznosítják (Gál és mtsai, 2023; Szabó, 2021).

A strucc tenyésztés a többi ágazathoz hasonlóan a gazdasági körülményeknek és a fogyasztói preferenciáknak nagymértékben kiszolgáltatott. A strucc előállítás költségének legnagyobb részét a takarmányozás teszi ki (Kritzinger, 2011). Mindez a növekedési erély optimalizálását, illetve maximalizálását kívánja meg, a takarmányozási költségek csökkentésével. A növekedés szimulálásával a madarak takarmányigényének változása a növekedés során modellezhető (Kritzinger, 2011).

Az élő szervezet egyes részei különböző mértékben növekednek (Alkan és mtsai, 2011). A növekedési görbét a vizsgált genotípusnak, a meglévő környezeti tényezőknek és az adott testrész növekedési sajátosságainak figyelembe vételével szükséges kifejezni (Ersoy és mtsai, 2007; Alkan és mtsai, 2009; Balcioglu és mtsai, 2009). A gyakorlatban a növekedés mérésénél az élősúlyt és a különféle testrészek méretét vesszük fel. A vizsgált testrész önmagában nem szolgáltat kellő információt az adott egyed növekedési ütemét illetően, (Mendes, 2008) hanem célszerű azt a teljes test (élősúly) függvényében vizsgálni, összehasonlítva az egyes testrészeket egymással (Huxley, 1924; Koops és Grossman, 1991; Sørensen és mtsai, 2003; Abanikannda és Leigh, 2007). A különböző testrészek testsúlyhoz viszonyított növekedését allometrikus növekedésnek nevezzük (Cardoso és Negreiros-Franozo, 2004). A genetikai és a környezeti tényezők kölcsönhatása eredményezi a növekedést. Így, amennyiben az egyed genetikailag intenzív növekedésre képes, és ez megfelelő környezeti tényezőkkel (tartási és takarmányozási technológia) párosul, akkor a testrészek növekedése nagy valószínűséggel nagyon hasonló, arányos lesz (Mendes, 2008). Az allometrikus növekedés nyomon követése információt nyújt

számunkra a felnevelés körülményeiről, a hajtattott nevelés esetleges jelenlétéről, mely következtében egymáshoz képest aszimmetrikusan fejlődnek a testrészek (Alkan és mtsai, 2011). Emellett lehetőség teremt a különböző fajok allometrikus növekedésének összehasonlítására is (Sakomura és mtsai, 2011; Maruyama és mtsai, 2002; Sedinger, 1986; Goonewardene és mtsai, 2003).

Jelen közlemény célja megvizsgálni, hogy a hazánkban felnevelt strucc csibék milyen súllyal és főbb testméretekkel rendelkeznek életük első négy hetében. A mért adatok alapján célunk a csibék allometrikus növekedését (az egyes testrészek élısúlyhoz viszonyított növekedési üteme) jellemezni. A kapott eredményeket a struccfajban fellelhető nemzetközi irodalomhoz és más madárfajok növekedési sajátosságaihoz hasonlítjuk.

2. Anyag és módszer

2.1. A méretfelvétel helyszíne, ill. a keltetési, tartási és takarmányozási technológia

A méret-felvételezést 2020 júliusában, hazánk egyik legnagyobb strucctelepén végeztük, mely Magyarország keleti részén található.

A tojasokat gyűjtést és fertőtlenítést követően 16 °C-on és 40%-os relatív páratartalommal, 45 °-os forgatással legfeljebb egy hétig tárolták. A keltetés mosott és fertőtlenített, 120 tojás kapacitású szekrényes keltetőgépben, 36,6 °C-on és 27% relatív páratartalommal történt, óránkénti 45 °-os forgatással. A 38. napon az élő magzatú tojasokat a bújtatóba tették, ahol 35 °C-os belső hőmérsékletet és 40%-os relatív páratartalmat állítottak be. A csibéket életük első hetében nem takarmányozták, a tápanyagot a szikanyag biztosította. Ez utóbbira azért is volt szükség, hogy a szikanyag felszívódásával elkerülhető legyen annak bakteriális bomlása, mely a takarmányfogyasztás során a fel nem használandó szikanyagban bekövetkezhet.

A telepen zeolitos mélyalmot használtak, melyet hetente cseréltek. Egyhetes kortól négyhetes korig maximum 40-50 egyedből álló csoportokat alakítottak ki az azonos korú madarokból, 5 madár/m² telepítési sűrűséggel. Öt hetes kortól 12 hónapos korig (a tenyészkiválasztás időpontja) a különböző korosztályokat testméret és testsúly alapján csoportosították. Az egy- és kéthetes madarak számára 28-30 °C-ot, háromhetes kortól 22-23 °C-ot biztosítottak.

A csibék egyhetes korig nem kaptak takarmányt. Egyhetes kortól strucc indítótápot (0,02-0,12 kg/madár/nap), probiotikumot, ízületvédőt (mikroelem komplex), valamint szecskázott csalánt és citromfűvet adtak számukra. A táp 12 MJ/kg metabolizálható energiát, 21% nyersfehérjét, 6,7% nyersrostot, 7,5% ásványi anyagot és 1,15% lizint tartalmazott. Az alapja kukorica, búza, GMO-mentes szójadara, lucerna pellet, full-fat szójadara, extrahált napraforgódara, cukorrépa pellet és napraforgóolaj volt.

2.2. A csibék száma és korszerinti megoszlása

Összesen 141, napos és négyhetes kor közötti csibe méreteit elemeztük, ezek közül 45 napos, 29 egyhetes, 14 kéthetes, 20 háromhetes és 33 négyhetes egyedét. A madarak ismeretlen genotípusúak voltak. A legfeljebb negyven-ötven

egyedből álló csoportokból véletlenszerűen választottuk ki a mérésre kerülő madarakat. A mérések egy hónapon belül, öt különböző korcsoporton (napos, egyhetes, kéthetes, háromhetes, négyhetes) történtek. A strucc ebben az életkorban rendkívül stressz érzékeny (az első négy héten az elhullási arány 34%; Brassó, 2023), így az egyedszámot a lehető legkisebbre kellett csökkentenünk. Célunk volt elkerülni, hogy a méréseink miatt megnövekedjen az elhullási százalék. A csibék egyedi azonosítására nem volt módunk, így a mérések eredményei nem egyedi, hanem korcsoportszintű változást mutatnak be. Egyedi jelölésnél többféle (gumi-pánt, tépőzár stb.) módszert is kipróbáltunk, de egyik sem bizonyult tartósnak. A madárfajoknál gyakran alkalmazott szárnyjelző a tapasztalatok szerint struccnál nem vált be. Korábban történt próbálkozás szárnyjelző *radius* és *ulna* csontok közötti bőrképletbe illesztésével, de a kismadarak e testrésze még annyira gyenge és sebezhető a kezdeti életszakaszban (első néhány hét), hogy ezzel a módszerrel nem sikerült tartós jelölést kivitelezni. Mikrochipet pedig - a költségessége miatt - nem alkalmaztak a telepen. Ebből adódóan nem az egyedi növekedést és fejlődést követtük nyomon, hanem azt vizsgáltuk, hogy adott korban a madarakra milyen élősúly és főbb testrészméretek jellemzőek. Az egyes testrészek méreteit adott korban az ugyanazon korban mért élősúlyhoz hasonlítottuk és így kaptuk meg a testrészek allometrikus növekedését. A négyhetes kor utáni méret-felvételezésre azért nem került sor, mert öthetes kortól a különböző korú madarakat a helyhiány miatt összetelepítik és egészen 12 hónapos korig (a tenyészkiválasztás időpontja) együtt tartják. Ezáltal lehetetlenné vált volna a különböző korosztályok nyomon követése, főként egyedi jelölés hiányában.

2.3. Az elemzett paraméterek és mérésük módszere

A vizsgált paraméterekbe a csibék súlya, a fejhossz, a nyakhossz, a törzshossz, a szárnyhossz, a lábszárhossz, a lábszárkörméret és a csüdkörméret tartozott. A csibék súlyát két tizedes jegy pontosságú mérlegen (Demandy®, Kaifeng Group, típus: ACS-768) mértük le. A méretfelvételt *Mucsi* és *Komlósi* (2007) útmutatásai alapján végeztük, két tizedes jegy pontosságú tolómérővel. A páros testrészeknél a jobboldali testrészt mértük meg. A csibék stressz-érzékenységre való tekintettel döntöttünk csak az egyik oldal elemzése mellett. Ugyanezen ok miatt minden testrészt egyszer mértünk le, ismétlést nem alkalmaztunk.

2.4. Statisztikai értékelés

Az élősúly- és testméret értékek kor szerinti eltéréseit az SPSS 23.0 program segítségével, többváltozós varianciaanalízissel elemeztük, 5%-os hibahatár mellett ($p < 0,05$). A modellben az életkor fix hatásként, az élősúly- és testméret adatok függő változókként szerepeltek.

Az allometrikus növekedési tényezőket a Microsoft Excel 2016 programban regresszió-analízissel számítottuk ki, mely során az egyenlet logaritmizált változatát vettük alapul.

Az allometrikus növekedés monofázisos egyenlete:

$$Y = a \cdot x^b \text{ à } \log_y = \log_a + b \cdot \log_x$$

(Ahol: $\log(x)$ = a madarak súlya (g); $\log(y)$ = az adott testrész mérete (cm), melynek értékét az ugyanazon korban mért testsúly értékéhez hasonlítottuk; b = az allometrikus növekedési együttható (Kupai, 2007).

A növekedés izometrikusnak (x és y egyenlő intenzitással nő) tekinthető, ha $b = 1$. Amennyiben y gyorsabban nő, mint x , $b > 1$, az adott testrész (y) egyes életkorokban mért méretei közötti eltérés nagyobb, mint a testsúlynál (x). Ha azonban lassabban nő, $b < 1$, a testrészek (y) egyes életkorokban mért értékei közötti eltérés kisebb, mint a testsúlynál (x).

A b értékek különbözőségének vizsgálatára az IBM SPSS Statistics 23.0 program segítségével egytényezős varianciaanalízist alkalmaztunk, 5%-os hibahatár mellett ($p < 0,05$). A modellben a \log_x fix hatásként, a \log_y függő változóként szerepelt.

3. Eredmények és értékelésük

3.1. A strucc csibék súlya az egyes életkorokban

Az 1. ábra a strucc csibék élősúlyát mutatja be, napos kortól négyhetes korig. A csibék napos kori súlya átlagosan 883 g volt. Egyhetes korig részbeni csökkenés (-135,45 g), majd egytől kéthetes korra részbeni növekedés (+386,86 g) volt tapasztalható. Az egy- és kéthetes kori súlyok azonban a kelési súlytól szignifikánsan nem különböztek ($p > 0,05$). Háromhetes korra megduplázták (1752 g) a kelési súlyukat. A négyhetes kori súlyuk szignifikánsan nagyobb (közel 3 kg) volt, mint a korábbi hetekben. A kelési súlyhoz képest egyhetes korra a súlykülönbség

1. ábra: A strucc csibék súlya napos és négy hetes kor között

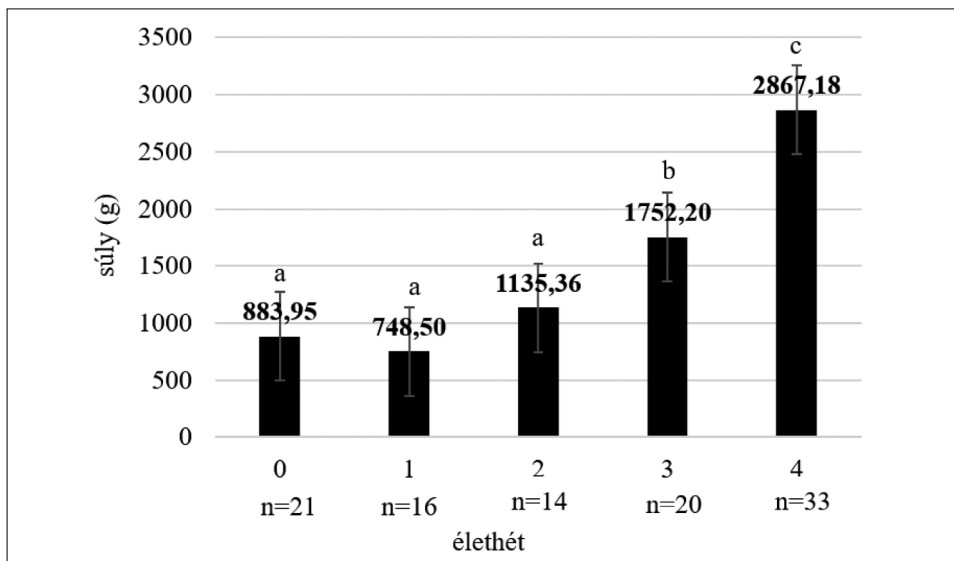


Figure 1: Weekly weight gain of ostrich chicks from 0 to 4 weeks of age

body weight (g) (1); day-old (2); one-week-old (3); two-weeks-old (4); three-weeks-old (5); four-weeks-old (6)

-135,45 g, az egy- és kéthetes kori súlyok között 386,86 g különbséget figyeltünk meg, a két- és háromhetes korú madarak súlyában 616,84 g eltérés volt, míg a három- és négyhetesek súlya között 1144,98 g különbség volt. A csibék heti súlykülönbsége koraival növekedett és életük első négy hetében a keléskori súlyuk több, mint háromszorosát érték el. Ha a heti súlynövekményt napi súlygyarapodásban fejeznék ki, az 70 g/nap intenzitást jelentene.

Az első héten tapasztalható kismértékű súlycsökkenés a kelés utáni stressznek és annak tulajdonítható, hogy ebben az időszakban külső forrásból nem jutottak táplálékanyaghoz. A második hétre és ezt követően minden héten közel megduplázták a súlyukat. *Cooper* (2001) szerint amennyiben a strucc csibék a kikelést követően nem jutnak azonnal takarmányhoz, óránként 1,35 g súlyt veszítenek. Részben ezt figyelhettük meg jelen esetben is, ugyanakkor a súlycsökkenés betudható volt a szikanyag felhasználódásának, a szikanyag súlya csökkenésének is. *Chamblee és mtsai* (2012) szerint a szikanyag felszívódásának intenzitása a kelés utáni első 48 órában hirtelen megemelkedik és a súlygyarapodás az első 24 órában megindul. Emellett az is elképzelhető, hogy a takarmányozás hiánya miatt a szikanyag lassabban értékesült. Ezáltal olyan kismértékű súlygyarapodás történt, mely nem haladta meg a szikanyag súlyának a csökkenését, emiatt volt kisebb az egyhetes kori csibesúly a kelési súlyhoz képest. A strucc csibék kikelés utáni táplálásával kapcsolatban megoszlanak a vélemények. *Viljoen és mtsai* (2012) szerint a csibék éheztetése az első héten fokozza a szikanyag felszívódását. Ezzel szemben csirkénél több szerző (*Dibner*, 2000; *Smirnov és mtsai*, 2003), strucc csibénél *Mushi és mtsai* (2004) megállapították, hogy a frissen kelt madarakat célszerű rögtön takarmánnyal ellátni, mivel annak bekerülése az emésztőtraktusba fokozza az utóbbi motilitását, ezáltal serkenti a szikanyag adszorpcióját. Ezzel szemben az éheztetés negatív hatással van az emésztőrendszer és az emésztőenzimek működésére is. *Deeming* (1995) szerint a szikanyag teljes felszívódásához 10-14 nap szükséges. A szikholtyag eltávolítása 10 naposnál fiatalabb korban két nappal késlelteti a növekedést, így jelenléte a kezdeti növekedésben elengedhetetlen. A nigériai *Adewumi és mtsai* (2017) 15, egy- és hathetes kor közötti, ismeretlen genotípusú struccok heti súlygyarapodását elemezték. A madarak kelési súlya átlagosan 414 g volt, egyhetes korban 476 g, kéthetes korban 818 g, háromhetes korban 1290 g, négyhetes korban 1883 g volt az átlagos élősúlyuk. Az első héten 61,57 g, a másodikon 342,5 g, a harmadikon 471,64 g, a negyediken 593,04 g volt a heti súlygyarapodásuk. Az eredményeinkkel összevetve a madarak kiindulási súlya több, mint 400 g-mal volt kevesebb. A megállapításainkkal ellentétben a kutatásukban szereplő madarak az életük első hetében nem mutattak súlycsökkenést. Az első heti súlygyarapodásukon kívül azonban a későbbi hetekben kisebb heti súlygyarapodást értek el. Az izraeli *Degen és mtsai* (1991) 30, 1 és 98 nap közötti, 951 g-os átlagos kelési súlyú, ismeretlen genotípusú strucc napi súlygyarapodását vizsgálták. Azt tapasztalták, hogy az első hat napban összesen 45,6 g-mal csökkent, majd hat- és tizennégy napos kor között 347,2 g-mal nőtt az élősúlyuk. Tizennégy- és huszonegy napos kor között 798 g-ot, huszonegy- és harmincöt napos kor között 2030 g-ot gyarapodtak, így a 35. napra 4080 g-os élősúlyt értek el. A szerzők nagyobb heti súlykülönbségeket figyeltek meg. A legnagyobb napi súlygyarapodást 70 és 98 napos kor között tapasztalták (455 g/nap). *Mushi és mtsai* (1998) 37 strucc csibe növekedését elemezték keléstől 16 hetes korig, a genotí-

pusukat nem közölték. A szerzők a csibék keléskori súlyát 820 g-nak állapították meg, amely kisebb az általunk és a *Degen és mtsai* (1991) által tapasztaltnál, de nagyobb annál, amit *Adewumi és mtsai* (2017) megállapítottak. A második héten *Mushi és mtsai* (1998) is kismértékű csökkenést, majd növekedést figyeltek meg. A csibék kiindulási (820 g) és négyhetes kori súlya (2500 g) valamivel kisebb volt. A hivatkozott telepeken a takarmány értéke a hazaihoz képest hasonló (10-12 MJ/kg, 20-24% nyersfehérje-tartalom) volt. Az eltéréseket azonban a tartástechnológia és a genotípus is befolyásolhatta, de az utóbbiról nem számolt be a szakirodalom. *Cooper* (2005) szerint a madarak növekedési intenzitását elsősorban a genotípus, az etetett takarmány összetétele, valamint az ivar befolyásolja. Az eredményeink szakirodalmi adatoktól való eltérését mindhárom tényező indokolhatta, melyek legtöbb esetben ismeretlenek voltak. *Zullinger és mtsai* (1997) szerint az inflexiós pont az állatoknál általában a kifejlett kori súly egyharmadának elérésénél következik be. *Du Preez és mtsai* (1992) Dél-Afrika különböző régióiból (Oudtshoorn, Namibia és Zimbabwe) származó struccok *Gompertz*-féle növekedését elemezték. A csibék kelési súlya 780 és 850 g, kifejlett kori súlyuk 92 és 105 kg közötti volt. Megállapították, hogy a maximális napi súlygyarapodás a Zimbabwe-i struccoknál a 92., a namibiaiaknál a 121., az Oudtshoorn területéről származó struccoknál a 163. napon következett be. A kifejlett kori súlyokban nem volt közöttük különbség. *Kritzinger* (2011) becslése szerint azonban a strucc csibék növekedése a 156. életnapon a legkifejezettebb, ez az életkor tekinthető a növekedés inflexiós pontjának. A maximális növekedés időpontját *Cilliers és mtsai* (1995) 163 és 199 napos kor között állapították meg. A struccok az optimális vágósúlyt 12-14 hónapos korban érik el (*Cooper*, 2000), habár a Zimbabwe-i kéknyakú genotípus már 10-12 hónapos korban megfelelő húsformákat mutathat (*Pollok és mtsai*, 1997). Ezt követően a struccok súlya nem mutat változást (*Brassó és mtsai*, 2021), tehát a 12 hónapos kori súly tekinthető a kifejlett kori súlynak. *Goonewardene és mtsai* (2003) emunál megfigyelték, hogy a madarak növekedése 105 napos korban, 9,8 kg-os testsúlynál a legintenzívebb. Az emuk kifejlett kori súlya 55 kg, napi súlygyarapodása átlagosan 68,4 g/nap, míg a brojlercsirkéké 54 g/nap. Ez alapján az emuk 722 napos korban érik el a kifejlett kori testsúlyt, míg a brojlercsirkénél ez 84 napos korban következik, ami az emuval szemben 8,4-szer intenzívebb növekedést jelent. Esetünkben, az egyhetes és négyhetes súly közötti különbség alapján átlagosan 70 g/nap súlygyarapodást feltételezhetünk, ami az emuénál és a brojlercsirkénél is nagyobb. *Miah és mtsai* (2020) Bangladesben a strucc csibék súlyát egyhetes korban átlagosan 998 g-nak találták, négyhetes korra viszont 4292 g-ot értek el. Az első három héten 200 g alatti napi súlygyarapodást figyeltek meg. A szerzők szerint a csibék növekedése az ötödik hét után felgyorsult és a 9. és 10. héten volt a legintenzívebb. Vizsgálatukban az egyhetes és a négyhetes kori súlyok lényegesen nagyobbak voltak. A csibéket 12 MJ/kg energiataralmú, 19% nyersfehérje-tartalmú és 5% nyerszsír-tartalmú táppal etették, amely hasonló összetételű az általunk alkalmazotthoz. A genotípusuk nem volt ismert. *Zuidhof és mtsai* (2005) brojlercsirkénél megfigyelték, hogy a koránérő vonal növekedési görbéjének inflexiós pontja 47 és 56 napos kor között jelenik meg. Ebben az időszakban a legnagyobb a növekedés intenzitása, innentől kezdve a növekedés üteme csökken. Tehát struccal szemben a hústípusú csirkénél az erőteljes növekedés időszaka (első nyolc hét) a vágási életkort (öt- hathetes kor) jobban

megközelíti, mint a struccnál, ahol ez csak az optimális vágási életkor (12 hónapos kor) közepén (öt- hat hónapos kor) figyelhető meg.

3.2. A strucc csibék allometrikus növekedése

Az 1. táblázat összefoglalóan tartalmazza az egyes testrészek méreteinek adott korcsoporthoz tartozó átlagértékeit.

A csibék fejsszélessége napos kortól kezdve intenzív növekedést mutatott, a heti átlagértékek szignifikánsan eltértek egymástól. A nyakhossz hasonló mértékben nőtt és a négy hét alatt megduplázódott a mérete. A törzshosszban a napos és egyhetes, valamint a két- és háromhetes csibék között nem volt különbség, de a négyhetesek törzshossza mindegyik fiatalabb korosztályétól nagyobb volt. A szárnyhossz a napos és egyhetes madaraknál, valamint az egy- és kéthetes madaraknál nem tért el egymástól, de a kétheteseké a naposokétól nagyobb volt. A három- és négyhetesek szárnyhossza egymástól és mindegyik fiatalabb korosztályétól nagyobb volt. A lábszárhossz mindegyik héten szignifikánsan nőtt az azt megelőző hetekhez képest, legintenzívebb növekedést három- és négyhetes kor között ért el a vizsgálati időszak alatt. A lábszárkörméret napostól kéthetes korig statisztikailag nem tért el, háromhetes korban a fiatalabb korosztályokhoz képest növekedést tapasztalhattunk. Négyhetes korban a lábszárkörméret minden korábbi

1. táblázat:

A csibék testrész-méreteinek átlagértékei napostól négy hetes korig

Testrész (1)	Életkor (2)				
	Napos (3)	Egy hetes (4)	Két hetes (5)	Három hetes (6)	Négy hetes (7)
Fejsszélesség (cm) (8)	3,56±0,02 ^a	3,78±0,03 ^b	3,98±0,04 ^c	4,28±0,04 ^d	4,67±0,03 ^e
Nyakhossz (cm) (9)	10,96±0,25 ^a	12,58±0,32 ^b	15,85±0,46 ^c	18,62±0,38 ^d	21,92±0,29 ^e
Törzshossz (cm) (10)	17,49±0,37 ^a	18,88±0,47 ^a	21,30±0,67 ^b	23,05±0,56 ^b	29,18±0,44 ^c
Szárnyhossz (cm) (11)	7,48±0,17 ^a	8,17±0,21 ^{ab}	8,81±0,31 ^b	10,51±0,26 ^c	13,16±0,20 ^c
Lábszárhossz (cm) (12)	6,47±0,15 ^a	7,15±0,19 ^b	8,21±0,27 ^c	9,65±0,22 ^d	12,16±0,17 ^e
Lábszárkörméret (cm) (13)	3,93±0,70 ^{ab}	3,94±0,09 ^{ab}	3,70±0,12 ^a	4,07±0,10 ^b	4,50±0,08 ^c
Csüdkörméret (cm) (14)	5,70±0,10 ^a	5,68±0,12 ^a	6,10±0,17 ^a	6,90±0,15 ^b	8,14±0,11 ^c

^{a-e} A különböző korú struccok adott testrészhez tartozó méretbeli eltérései szignifikánsan ($p < 0,05$) eltérnek egymástól

Table 1: Mean values of chicks' body part sizes between 0 and 4 weeks of age

^{a-e} letters indicate significant ($p < 0.05$) differences between the different age groups within each body part; body parts (1); age (2); day-old (3); one-week-old (4); two-weeks-old (5); three-weeks-old (6); four-weeks-old (7); head width (8); neck length (9); body length (10); wing length (11); shank length (12); shank circumference (13); tarsus circumference (14)

korosztálynál nagyobb méretet mutatott. A csüdkörméret a három- és négyhetes madaraknál eltért egymástól és a fiatalabb korosztályokhoz képest nagyobb volt. A napos kori méretéhez képest, négyhetes korra arányaiban a nyakhossz nőtt a legintenzívebben az elemzett testrészek közül.

Cooper és Mahrose (2004) szerint struccnál az első két hónapban a comb-, a láb- és a lábszárcsont növekedése nagyon intenzív. A szárnycsontok mérete kisebb, fejlődése kevésbé gyors. Saját eredményeinket figyelembe véve a lábszárhossz szintén egyenletes, intenzív növekedést mutatott, de a fejszélesség és a nyakhossz is hasonló mértékben nőtt. *Mellet és Randall (1994)* a *Gompertz*-függvény alapján megállapította, hogy a struccok feje 1, a nyaka 4, a szárnyai 5 hónapos korban mutatják a legintenzívebb növekedést. Esetünkben az elsőtől a negyedik hétig korcsoportszinten legnagyobb arányban a hosszúságú méretek (166-200%-os növekedés), majd a fejszélesség (31%-os növekedés), végül a körméretek (14-42%-os növekedés) nőttek. *Bodó és mtsai (2004)* hozzánk hasonlóan megfigyelték, hogy fajtól függetlenül először a magassági, majd a hosszúsági méretek alakulnak ki, majd ezeket a szélességi, mélységi és körméretek követik.

A 2. ábra a strucc csibék allometrikus növekedési intenzitását mutatja be a négyhetes mérési időszak alatt.

A testsúlyhoz viszonyítva a fejszélesség a vizsgált négy héten enyhe lineáris növekedést mutatott. A nyakhossz az élősúlyhoz képest az egyhetes madaraknál a naposokhoz képest ugrásszerűen megnőtt. Egy- és háromhetes kor között kismértékű, három- és négyhetes kor között nagymértékű növekedést mutatott. A törzshossz egy- és kéthetes kor között intenzíven nőtt. A szárnyhossz az első két héten a testsúlyhoz képest intenzíven megnőtt. Az utolsó két héten kisebb mértékű növekedés volt jellemző. A testsúlyhoz viszonyítva a lábszárhossz az első két héten enyhe, az utolsó két héten intenzív mértékben nőtt. A lábszárkörméret - annak ellenére, hogy napos korban a testsúlyhoz képest a legnagyobb méretet mutatta - növekedési intenzitása egyhetes korra nagymértékben, kéthetes korra kismértékben csökkent, majd kettőtől négyhetes korig kismértékben nőtt. A csüdkörméret testsúlyhoz viszonyított növekedése erős változatosságot mutatott. Az első héten intenzíven csökkent, majd a második héten a kiindulásánál nagyobb szintre nőtt. A harmadik héten a második hetinek a harmadára esett vissza, a negyedik héten a harmadik hetinek a duplájára nőtt. A b érték mindegyik testrésznél 1-nél kisebb volt, tehát az elemzett időszakban az élősúlyhoz viszonyítva mindegyik testrész kisebb mértékben fejlődött.

Morgado és Günther (1990) a negatív előjelű b értékek esetén az x és y változó között inverz kapcsolat áll fenn. *Lumer (1936)* megállapította, hogy ez az inverz kölcsönhatás csak akkor állhat fenn, amikor a növekedési görbe egy korlátozott területen halad át, $x > 1$ -nél metszve az x tengelyt. A struccok allometrikus növekedésére vonatkozóan kevés adat fellelhető a nemzetközi irodalomban és a legtöbb, növekedéssel kapcsolatos kutatás valamely takarmányozási vagy vakcinázási program nyomon követésének alapjául szolgál (*Bonato és mtsai, 2009; Mahrose és mtsai, 2015; Kritzinger, 2011*). *Kritzinger (2011)* a bőr, a csontok, valamint egyes belső szervek és piaci szempontból jelentősebb húsrészek növekedését elemezte struccfajban, *Gompertz* növekedési görbe alapján. Megállapította, hogy a combcsont növekedésének regressziós együtthatója 1,10, a nyaké 1,00, a szárnyé 1,24 volt, ami a testsúlyhoz képest egy intenzívebb gyarapodást jelent. Az eltérések

2. ábra: A strucc csibék testméreteinek allometrikus növekedése napostól négy hetes korig

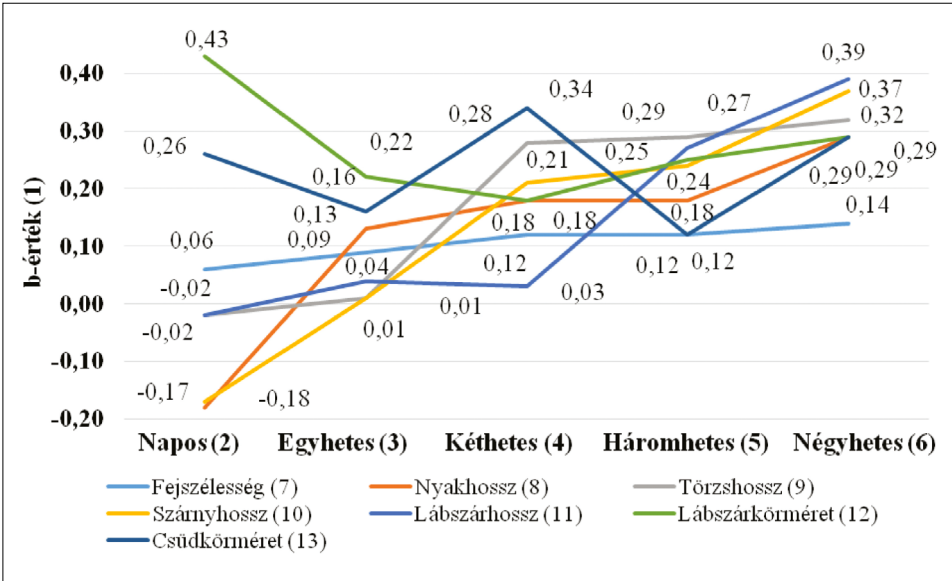


Figure 2: Allometric growth of body parts from 0 to 4 weeks of age

steepness (b) (1); day-old (2); one-week-old (3); two-weeks-old (4); three-weeks-old (5); four-weeks-old (6); head width (7); neck length (8); body length (9); wing length (10); shank length (11); shank circumference (12); tarsus circumference (13)

oka lehetett, hogy a szerző velünk szemben jelentősen nagyobb korintervallumot (1-285 napos kor) elemezett. *Isaac és mtsai* (2023) különböző genotípusú, keresztezett csirkék allometrikus növekedését vizsgálták, 2 és 10 hetes kor között. A lábszárhossz és törzsszélesség izometrikus növekedést mutatott. A lábszárhossz és testsúly kapcsolatánál a b érték 0,32 volt a kopasznyakú x Isa Brown keresztezeteknél. Ez az összefüggés azt mutatta, hogy a lábszárhossz és törzsszélesség jól alkalmazható a fiatalok testsúly becslésénél. Esetünkben a 3. és 4. héten mért lábszárhossz b értékei közelítik meg az irodalomban közölt 0,32-es lábszárhossz b értéket. Kacsák mellizom növekedésének allometrikus növekedését vizsgálva *Maruyama és mtsai* (1999) megállapították, hogy négy- és 53 napos kor között a súlynövekedéshez képest a mellizom növekedése intenzívebb ($b > 1$), a comb és a lábszár növekedése kisebb ($b < 1$) volt. Esetünkben a testsúlyhoz viszonyítva mindegyik elemzett testrész kisebb mértékben növekedett. *Sedinger* (1986) kanadai lúdnál megfigyelte, hogy a testsúlyhoz viszonyítva, keléstől felnőtt korig a mell súlya több, mint tízszeresére (0,5%-ról 7,6%-ra), a comb pedig a másfélszeresére (4,2%-ról 6,8%-ra) nőtt. Struccnál a legértékesebb testrész a comb, húskihozatal szempontjából szinte az egyetlen jelentős testrész. Futómadár lévén a mellizom mennyisége nála elhanyagolható.

A b értékek megbízhatóságát a 2. táblázatban foglaltuk össze. Az R^2 értékek alapján a napos korban mért értékek becslésének megbízhatósága (determinációs együttható; R^2) a lábszár-körméreten kívül a többi testrésznél gyenge

($R^2 \leq 0,3$), a lábszár-körméretnél erős ($R^2 = 0,3-0,5$) volt. Az egy- és háromhetes madaraknál mindegyik testrész determinációs együtthatója kicsi volt. Kéthetes korban a csüdkörméret R^2 értéke közepes, a többi testrészé gyenge volt. A négyhetes korban mért testrészek közül a törzshossz, a szárnyhossz és a lábszárhossz becslésének R^2 értéke közepes, a többi testrészé gyenge volt. *Kupai* (2007) eltérő típusú juhok értékes húsrészeinek allometrikus növekedését elemezte a nyakalt törzshöz viszonyítva és nagy determinációs együtthatót állapított meg ($R^2 > 0,9$). *Kritzinger* (2011) vizsgálatában a combcsont, a nyak és a szárny növekedésének R^2 értéke 0,95, 0,98 és 0,96 volt, mely egy igen erős becslési megbízhatóságot fejez ki. Esetünkben az első négy héten mért nyakhossz, valamint az első három héten mért szárnyhossz kisebb R^2 értéket mutatott.

2. táblázat:

Az allometrikus növekedés becslésének megbízhatósága egynapos kortól négyhetes korig

Testrész (1)	Életkor (2)				
	Napos (3)	Egyhetes (4)	Kéthetes (5)	Háromhetes (6)	Négyhetes (7)
	R ²				
Fejszélesség (8)	0,99	0,17	0,82	0,68	0,69
Nyakhossz (9)	0,01	0,14	0,23	0,38	0,64
Törzshossz (10)	0,01	0,01	0,65	0,72	0,63
Szárnyhossz (11)	0,01	0,01	0,39	0,66	0,89
Lábszárhossz (12)	0,01	0,01	0,88	0,67	0,89
Lábszárkörméret (13)	0,52	0,17	0,75	0,58	0,69
Csüdkörméret (14)	0,32	0,26	0,74	0,19	0,71

Table 2: The fitting of growth curve between 1-day and 4 weeks of age

body parts (1); age (2); day-old (3); one-week-old (4); two-weeks-old (5); three-weeks-old (6); four-weeks-old (7); head width (8); neck length (9); body length (10); wing length (11); shank length (12); shank circumference (13); tarsus circumference (14)

4. Következtetések, javaslatok

Az egyhetes korú madarak súlyának csökkenése a naposokéhoz képest a szakirodalommal összhangban rámutat a csibék napos kori takarmányozásának szükségességére. Egyhetes kor után kompenzációs növekedést figyeltünk meg. Tehát az irodalmi adatokkal összevetve a hazai struccok hasonló, vagy nagyobb testsúllyal rendelkeztek azonos korcsoportú fajtársaikhoz képest. Emuval és brojlercsirkével összehasonlítva a hazai struccok növekedési üteme e kezdeti időszakban (0-4 hetes kor) gyorsabb. Saját eredményeinkhez viszonyítva, a struccok allometrikus növekedését illetően, a fellelhető irodalmak az egyes testrészeknél (nyak, szárny) nagyobb b értékekről számolnak be. Az eltérések oka többek között a genotípusban, a takarmányozásban, a klimatikus viszonyokban és a madarak ivarában keresendő, melyek legtöbb esetben nem voltak ismertek. A pontosabb és hosszabb távú következtetések levonása céljából a jövőben érdemes lenne

a kutatást nagyobb korintervallumban, egyedi megjelöléssel, korcsoportonként nagyobb elemszámmal megismételni.

5. Köszönetnyilvánítás

A publikáció elkészítését az EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008 számú projekt támogatta. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

6. Felhasznált irodalom

- Abanikannnda, O. T. F. – Leigh, A. O. (2007): Allometric relationships between composition and size of chicken table eggs. *Int. J. Poult. Sci.*, 6. 211–217. <http://dx.doi.org/10.3923/ijps.2007.211.217>
- Adewumi, A. – Samuel, A. – Samman, A. (2017): Performance traits and survival rate of ostrich *Struthio Camelus* (linnaeus, 1758) chicks in captivity. *Nig. J. Agr., Food Envir.*, 13. 45–49.
- Alkan, S. – Mendes, M. – Karabaó, K. – Balcioólu, M. S. (2009): Effect of short-term divergent selection for 5-week body weight on growth characteristics of Japanese quail. *Arch. Gefl.*, 73. 124–131.
- Alkan, S. – Mendes, M. – Karabag, K. – Balcioglu, M. S. (2011): Allometric growth of body components in 11 generations selected Japanese quails of different lines. *Arch. Gefl.* 75., 13–19.
- Balcioglu, M. S. – Kizilkaya, K. – Karabag, K. – Alkan, S. – Yolcu, H. I. – Sahint, E. (2009): Comparison of growth characteristics of chukar partridges (*Alectoris chukar*) raised in captivity. *J. Appl. An. Res.*, 35. 21–24. <https://doi.org/10.1080/09712119.2009.9706977>
- Bodó I. – Dinnyés A. – Farkasné Bali Papp Á. – Fésüs L. – Hidas A. – Holló I. – Horvainé Szabó M. – Komlósi I. – Kovács A. – Lengyel A. – Mihók S. – Nagy N. – Polgár J. P. – Szabó F. – Szabóné Willin E. – Tózsér, J. (2004): Általános állattenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 396.
- Bonato, M. – Evans, M. R. – Hasselquist, D. – Cloete, S. W. P. – Cherry, M. I. (2009): Growth rate and hatching date in ostrich chicks reflect humoral but not cell-mediated immune function. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 64., 183–191. <http://dx.doi.org/10.1007/s00265-009-0835-1>
- Brassó, D. L. (2023): Egyes hazai struccállományok termelési tulajdonságait és viselkedését befolyásoló tényezők vizsgálata. PhD értekezés. 141.
- Brassó, L. D. – Szabó, V. – Komlósi, I. – Pusztahelyi, T. – Várszegi, Zs. (2021): Preliminary study of slaughter value and meat characteristics of 18 months ostrich reared in Hungary. *Agriculture*, 11. 885. <https://doi.org/10.3390/agriculture11090885>
- Cardoso, R. C. F. – Negreiros-Franzoso, M. L. (2004): A comparison of the allometric growth in *Uca leptodactyla* (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae) from two subtropical Estuaries. *J. Mar. Biol. Assoc. Un. Kingd.*, 84. 733–735. <https://doi.org/10.1017/S0025315404009828h>
- Chamblee, T. N. – Brake, J. D. – Schultz, C. D. – Thaxton, J. B. (1992): Yolk sac absorption and initiation of growth in broilers. *Poult. Sci.*, 71. 1811–1816.
- Cilliers, S. C. – du Preez, J. J. – Maritz, J. S. – Hayes, J. P. (1995): Growth curves of ostriches (*Struthio camelus*) from Oudtshoorn in South Africa. *An. Sci.*, 61. 161–164. <https://doi.org/10.1017/S1357729800013655>
- Cooper, R. G. (2001): Critical factors in ostrich (*Struthio camelus australis*) production: A focus on Southern Africa. *W. Poult. Sci. J.*, 56. 247–265. <https://doi.org/10.1079/WPS20000019>
- Cooper, R. G. (2005): Growth in the ostrich. *An. Sci. J.*, 76. 1–4. <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2005.00230.x>
- Cooper, R. G. – Mahroze, K. M. (2004): Anatomy and physiology of the gastrointestinal tract and growth curves of the ostrich (*Struthio camelus*). *An. Sci. J.*, 75. 491–498. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1740-0929.2004.00218.x>

- Degen, A. – Kam, M. – Rosenstrauch, A. – Plavnik, I. (1991): Growth rate, total body water volume, dry-matter intake and water consumption of domesticated ostriches (*Struthio camelus*). Anim. Prod., 52. 225–232. <https://doi.org/10.1017/S0003356100005870>
- Dibner, J. (2000): Early nutrition in young poultry. In: Garnsworthy, P. C. – Wiseman, J. (Edit): Recent Advances in Animal Nutrition. University of Nottingham, Nottingham, UK, 73–88.
- Deeming, D. C. (1995): Possible effect of microbial infection on yolk utilization in ostrich chicks. Vet. Rec., 136. 270–271. <https://doi.org/10.1136/vr.136.11.270>
- du Preez, J. J. – Jarvis, M. J. F. – Capatos, D. – de Kock, J. (1992): A note on growth curves for the ostrich (*Struthio camelus*). Anim. Prod., 54. 150–152. <https://doi.org/10.1017/S0003356100020687>
- Ersoy, I. E. – Mendes, M. – Keskin, S. (2007): Estimation of the parameters of linear and nonlinear growth curve models at early growth stage in California Turkeys. Arch. Gefl., 71. 175–180.
- Gál, J. – Tóth, T. – Marosán, M. – Zsizs, Á. (2023): A strucc (*Struthio camelus*) csibék elhullási okainak vizsgálata egy hazai strucc telepen. Acta Agr. Óvár., 64. 210–220.
- Goonewardene, L. A. – Wang, Z. – Okine, E. K. – Zhuidhof, M. – Dunk, E. – Onderka, D. (2003): Comparative growth characteristics of emus (*Dromaius novaehollandiae*). J. Appl. Poult. Res., 12. 27–31. <https://doi.org/10.1093/japr/12.1.27>
- Huxley, J. S. (1924): Constant differential growth ratios and their significance. Nature, 144. 895–896.
- Isaac, U. – Ejivade, M. – Jonas, E. – Nosike, R. J. (2023): Allometric growth models for improvement of size and conformation in crossbred chickens. Acta Sci. Vet. Sci., 5. 78–84. <https://doi.org/10.31080/ASVS.2023.05.0720>
- Koops, W. J. – Grossman, M. (1991): Application of a multiphasic growth function to body composition in pigs. J. Anim. Sci., 69. 3265–3273. <https://doi.org/10.2527/1991.6983265x>
- Kritzinger, W. J. (2011): Allometric description of ostrich (*Struthio camelus* var. *domesticus*) growth and development. MSc thesis Stellenbosch University. 142.
- Kshirsagar, A. – Smith, W. – Schucany, W. R. (1995): Growth curves (Statistics: A series of textbooks and monographs) 1st Edition. CRC Press. 392.
- Kupai, T. (2007): Eltérő típusú juhok növekedésének modellezése CT alkalmazásával. Phd értekezés Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar. 119.
- Lumer, H. (1936): The relation between b and k in systems of relative growth functions of the form $y = bx^k$. Am. Nat., 70. 188–191. <https://doi.org/10.1086/280654>
- Mahrose, M. E. – Ismail, A. E. – Abou-Kassem, I. E. – Abd El-Hack, M. E. (2015): Growth performance and certain body measurements of ostrich chicks as affected by dietary protein levels during 2–9 weeks of age. Open Vet. J., 5. 98–102. <http://dx.doi.org/10.5455/OVJ.2015.v5.i2.p98>
- Maruyama, K. – Akbar, M. K., – Turk, C. M. (1999): Growth pattern and carcass development in male ducks selected for growth rate. Brit. Poult. Sci., 40. 233–239. <https://doi.org/10.1080/00071669987656>
- Mellet, F. – Randall, J. (1994): A note on the growth of body parts of the ostrich (*Struthio camelus*). Anim. Prod., 58. 291–293. <https://doi.org/10.1017/S1357729800042612>
- Mendes, M. (2008): Asymmetry measures and allometric growth parameter estimates for investigate effect of early feed restriction on deviation from bilateral symmetry in broiler chickens. Arch. Tierz., 51. 611–619. <http://dx.doi.org/10.5194/aab-51-611-2008>
- Morgado, E. – Günther, B. (1990): On the hidden physical dimensions of the allometric equation. Arch. Biol. Med. Exp., 23. 29–39.
- Mucsi I. – Benk Á. (2004): A zárt tartásban élő struccok viselkedése. Tájékoztató közlemény. Állatteny. Tak., 53. 441–451.
- Mucsi I. – Komlósi I. (2007): A strucc tenyésztés kézikönyve - A strucc és egyéb futómadarak tenyésztése. Szegedi Tudományegyetem, Mezőgazdasági Kar. 390.
- Murakami, H. – Akiba, Y. – Horiguchi, M. (1992): Growth and utilization of nutrients in newly-hatched chick with or without removal of residual yolk. Growth Dev. Aging, 56. 75–84.

- Mushi, E. Z. – Isa, J. F. W. – Chabo, R. G. – Segaise, T. (1998): Growth rate of ostrich (*Struthio camelus*) chicks under intensive management, Botswana. *Tropic. Anim. Health Prod.*, 30. 197203. <https://doi.org/10.1023/a:1005067821642>
- Mushi, E. Z. – Binta, M. G. – Chabo, R. G. (2004): Yolk sac utilization in ostrich (*Struthio camelus*) chicks. *J. Vet. Res.*, 71. 247–249. <http://dx.doi.org/10.4102/ojvr.v71i3.267>
- Pollok, K.D. – Hale, D.S. – Miller, R.K. – Angel, R. – Blue-Mclendon, A. – Baltmanis, B. – Keeton, J.T. (1997): Ostrich slaughter and by-product yields. *Am. Ost.*, 4. 31–35.
- Ramos, S. B. – Caetano, S. L. – Savegnago, R. P. – Nunes, B. N. – Ramos, A. A. – Munari, D. P. (2013): Growth curves for ostriches (*Struthio camelus*) in a Brazilian population. *Poult. Sci.*, 92. 277–282. <https://doi.org/10.3382/ps.2012-02380>
- Sakomura, N. K. – Gous, R. M. – Marcato, S. M. – Fernandes, J. B. K. (2011): A description of the growth of the major body components of 2 broiler chicken strains. *Poult. Sci.*, 90. 12. 2888–2896. <https://doi.org/10.3382/ps.2011-01602>
- Scholtz, M. M. – Roux, C. Z. (1981): Allometric-autoregressive model in genetic studies: Heritabilities and correlations in the rat. *S. Afr. J. Anim. Sci.*, 11. 69–76.
- Sedinger, J. S. (1986): Growth and development of Canada goose goslings. *Condor*, 88. 169–180.
- Smirnov, A. – Uni, Z. – Sklan, D. (2003): Role of mucin in the chicken gastrointestinal tract – The influence of starvation. 14th Eur. Symp. Poult. Nutr. World's Poult. Sci. Assoc., Lillehammer, Norway. 231–232.
- Sørensen, K. – Grossman, M. – Koops, W. J. (2003): Size allometry in mink (*Mustela vison*) selected for feed efficiency. *Acta Agric. Scand. Sect. A, Anim. Sci.*, 53. 51–57.
- Szabó, V. (2021): A strucc (*Struthio camelus*) vágóértékének és húsmínőségének értékelése. Diplomadolgozat, Debreceni Egyetem, MÉK, 54.
- Zuidhof, M. J. – Schneider, B. L. – Carney, V. L. – Korver, D. R. – Robinson, F. E. (2014): Growth, efficiency, and yield of commercial broilers from 1957, 1978, and 2005. *Poult. Sci.*, 93. 12. 2970–2982. <https://doi.org/10.3382/ps.2014-04291>
- Zullinger, E. M. – Ricklefs, R. E. – Redford, K. H. – Mace, G. M. (1984): Fitting sigmoidal equations to mammalian growth curves. *J. Mammal.*, 65. 607–636. <http://dx.doi.org/10.2307/1380844>

Érkezett: 2024. szeptember

Szerzők címe: Brassó, D. L.* - Komlósi, I. – Várszegi, Zs.
Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi- és
Környezetgazdálkodási Kar

Authors' address: University of Debrecen, Faculty of Agricultural and Food Sciences and
Environmental Management
H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.
*levelező szerző, e-mail: brasso.dora@agr.unideb.hu

A tehének küllemének jelentősége a holstein-fríz fajta nemesítésében (Irodalmi áttekintés)

Importance of the conformation of cows in selection of Holstein-Friesian breed (Literature review)

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

ÖSSZEFOGLALÁS

A küllemi tulajdonságoknak mind fiziológiai, mind gazdasági értelemben fontos szerepe van a tejelő szarvasmarhák tenyésztésében. A küllem szorosan összefügghet olyan fontos tulajdonságokkal, mint a tejtermelés, a szaporulat és a hosszú hasznos élettartam. Korábbi kutatások közepesen szoros ($r = 0,48-0,54$) genetikai korrelációkat tártak fel a küllemi tulajdonságok és az első laktációs tejtermelés között. A termékenység és a küllemi tulajdonságok közötti korrelációk 0,00 és 0,79 között változtak. A hasznos élettartam, vagy az életteljesítmény és a küllemi tulajdonságok közötti korrelációk $-0,06$ és $0,16$ közöttiek voltak. Számos vizsgálat negatív korrelációkról számolt be a farlejtés, a hátulsó láb oldalnézet, a tőgmélység, a bimbóhosszúság, valamint a tejtermelés mutatószámai között. Általánosságban elmondható, hogy a nagyobb testméretű tehének - melyek küllemi bírálati pontszámai az átlagosnál nagyobbak - hosszabb élettartamúak. Azok a tehének érték el a leghosszabb hasznos élettartamot, amelyek erősen illesztett elülső tőgyféllel, magas hátulsó tőgyféllel, erős központi függesztőszalaggal, szorosan elhelyezkedő elülső bimbókkal és közepesen hosszú bimbókkal rendelkeztek. A küllemi tulajdonságok öröklődhetősége mérsékelt, $0,20 \pm 0,05$ és $0,38 \pm 0,04$ között változik. Az említett korreláció és öröklődhetőségi értékek rávilágítanak arra, hogy a tenyésztőknek újra kell értékelniük és előtérbe kell helyezniük a küllemi tulajdonságokat a holstein-fríz tehének tenyésztési programjában. A bírált tulajdonságok felülvizsgálatával és új tulajdonságok beépítésével a tenyésztők közvetetten javíthatják a tejtermelést, a szaporaságot és a hosszú élettartamot, ezáltal növelve a tejtermelés fenntarthatóságát. E szemleciikk célja a holstein-fríz tehének jelenlegi hivatalos küllemi bírálati rendszereinek összefoglalása, a különböző küllemi tulajdonságok fenntartható tejtermelésben betöltött jelentőségének hangsúlyozása, valamint javaslatok megfogalmazása a pontozási rendszer fejlesztésére.

Kulcsszavak: holstein-fríz, küllemi tulajdonságok, fenntarthatóság, tejtermelés

Summary

Objective: This review paper aims to summarize current official type evaluation systems for Holstein-Friesian cows, underscore the significance of various conformation traits in sustainable milk production, and propose potential enhancements to the scoring system.

Literature review: Conformation is intricately linked to key sustainability traits such as milk production, reproduction, and longevity. Research has revealed genetic correlations between body conformation traits and first lactation milk yield ranging from 0.48 to 0.54, and correlations between fertility and type traits vary from zero to 0.79. The relationships between productive life or herd life and type traits range from -0.06 to 0.16 , with negative correlations observed for characteristics such as rump angle, rear leg set, udder depth, and teat length. Generally, larger cows with slightly positive conformation traits are associated with longer herd life. Specifically, cows with well-attached fore udders, high rear udder attachment, strong central ligaments, close front teat placement, and moderately long teats are linked to the longest functional productive lives. The heritability estimates for conformation traits are moderate, ranging from 0.20 ± 0.05 to 0.38 ± 0.04 . These correlations and heritability values highlight the need for breeders to reassess and prioritize conformation traits within Holstein dairy cow breeding programs. By revising the traits scored and incorporating new ones during selection, breeders can indirectly improve milk production, reproduction, and longevity, thereby enhancing the sustainability of milk production.

Conclusions: Since the conformation of Holstein-Friesian cows plays a critical role not only physiologically but also economically, it is important to continuously review and modernize their scoring system.

Keywords: Holstein-Friesian, conformation traits, sustainability, milk production

1. Bevezetés

A küllem az állat testfelépítését, testrészeinek arányát, alkatát és formáját jelenti (*Talior és Field, 1977*). Mivel a küllem számos fontos termelési és szaporodásbiológiai tulajdonsággal kapcsolódik össze, a tenyésztők az ideális típus elérésére töreksenek. Néhány leíró kifejezés, amely az ideális holstein-fríz típust jellemzi a következő: méret, élesség, vékony farok, hosszú és vékony nyak, feszes tőgyfüggesztés és bimbóhelyeződés, erős lábak és körmök (*1. ábra*).

A tehenek küllemét küllemi bírálat során vizsgáljuk, értékeljük. A küllemi bírálat független értékelést nyújt az állatok külleméről, megállapítva az egyes állatok és az egész állomány erősségeit és gyengeségeit. A bírálattal a küllemi hibák rögzíthetők, így a következő generációban korrigálhatók, illetve csökkenthetők. Ez hosszú távon javíthatja az állatok élettartamát, egészségét, jóllétét és termelését, gazdasági előnyöket nyújtva a tenyésztők számára. A bírálat iránt folyamatos elkötelezettséget mutató állományok vezetői profitálnak a generációkon át tartó küllemi javulásokból, funkcionalitás és termelékenység szempontjából egyaránt.

1. ábra. Az ideális típusú holstein-fríz tehén (Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete)



Figure 1. The ideal type of Holstein-Friesian cow (National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders)

A holstein-fríz tenyésztők vezető küllemi bírálói 1986 óta vesznek részt rendszeresen a Holstein-Fríz Világszövetség (*World Holstein Friesian Federation*, WHFF) műhelymunkáiban, hogy harmonizálják a nemzetközi bírálatot.

2. A küllem, a teljesítmény és a funkcionális tulajdonságok közötti kapcsolat

A lineáris küllemi tulajdonságok bírálatát a legtöbb nemzetközi tenyésztési program részét képezi. Ezek főként a testméretekre vonatkoznak, így kevésbé valószínű, hogy ugyanolyan szoros korrelációban vannak a szaporasággal, mint más tulajdonságok (*Pryce és mtsai*, 2000).

Az állatok szubjektív vizuális értékelése a küllemi bírálók által többféle célból történik. Például a lineáris küllemi bírálatot a tejelő szarvasmarháknál számos országban rendszeresen végzik. Az adatokat előrejelzésére használják, a hosszú hasznos élettartam (*Brotherstone és Hill*, 1991; *Vollema és Groen*, 1997), a testtömeg (*Veerkamp és Brotherstone*, 1997; *Koenen és Groen*, 1998), a tőgyegészségi állapot (*Thomas és mtsai*, 1984; *De Jong és Lansbergen*, 1996), a láb és lábvég problémák (*Boelling és Pollott*, 1998), valamint az ellés lefolyásának (*Dadati és mtsai*, 1985; *Cue és mtsai*, 1990) becslésére.

Klassen és mtsai (1992) tanulmányozták a hosszú hasznos élettartam és a küllem közötti kapcsolatot. A legtöbb fenotípusos korreláció (r_p) az élettartam, a termelés és a típus összefüggésére 0,15 és 0,20 között alakult, kivéve a testkapacitást, a fart és a lábakat, amelyek $r_p = 0,07$ körüli értéket mutattak. A tőgy külső ($r_p = 0,29-0,33$) és belső ($r_p = 0,32-0,35$) szerkezete szintén a hosszú hasznos élettartam egyik fő meghatározója volt. Szoros genetikai korreláció volt megfigyelhető a hosszú hasznos élettartam és az élesség ($r_g = 0,44-0,55$), valamint a tejelő jelleg ($r_g = 0,53-0,56$) között. Laza, vagy közepes kapcsolat mutatkozott a hosszú hasznos élettartam és a farmagasság ($r_g = 0,14-0,25$), a ráma ($r_g = 0,07-0,18$), a tőgyállomány ($r_g = 0,19-0,26$), a tejelő jelleg ($r_g = 0,11-0,27$), a fej forma ($r_g = 0,15-0,23$), az ülőgumó alakulás ($r_g = 0,10-0,16$), a hátulsó tőgyfél szélesség ($r_g = 0,19-0,25$), valamint a hátulsó tőgyfél magasság ($r_g = 0,10-0,22$) között. Jellemzően negatív korrelációt az életteljesítmény és a sarokvánkös magasság ($r_g = -0,16$, ill. $-0,27$), a forgóhelyeződés ($r_g = -0,18$, ill. $-0,24$) és az elülső tőgyfél illesztés ($r_g = -0,05$, ill. $-0,11$) esetében tapasztaltak. Az életteljesítmény és a hátulsó tőgyfél között ($r_g = 0,19$ és $r_g = 0,25$), az életteljesítmény és a tejelő jelleg között szoros ($r_g = 0,53$ és $r_g = 0,56$) kapcsolat mutatkozott. Az életteljesítmény és a végsőpontszám (azaz az általános megjelenés) között laza és kedvező irányú ($r_g = 0,04-0,18$), míg a hosszú hasznos élettartam és az elülső tőgyfél között szintén laza és kedvezőtlen irányú ($r_g = -0,05$, ill. $-0,1$) volt a kapcsolat.

A *Rogers és mtsai* (1988) által végzett kutatás kiemeli a tőgy mélységének és a tőgybimbók helyeződésének jelentőségét a tejelő szarvasmarhák élettartamának előrejelzésében. Ezek a tulajdonságok szoros kapcsolatot mutattak a túléléssel mind a keresztezett, mind a fajtatiszta törzskönyvezett tehének esetében, ami azt jelzi, hogy ezek kulcsfontosságú tényezők lehetnek a tehénállomány élettartamának meghatározásában. Különösen a tőgy mélysége volt az, amely a túlélés valószínűségét hasonló mértékben befolyásolta, mint a tejtermelés. Ez alátámasztja ennek a tulajdonságnak a fontosságát a hosszabb hasznos élettartam javítását célzó tenyésztési programokban. A testalkati tulajdonságok kedvezően korre-

láltak a túléléssel, de ez csak a törzskönyvezett tehének esetében volt jelentős. A legjobb előrejelző modellek azonosítása érdekében több típusjegyet kombináltak. Általában a legmagasabb determinációs együtthatókat (R^2) akkor találták, amikor a legjobb egyedi tulajdonságokat kombinálták.

A tőgymélység negatív és kedvezőtlen korrelációban áll az elülső és a hátsó bimbók távolságával, ami arra utal, hogy azok a tehének, amelyeknek a bimbói távolabb helyezkednek el egymástól, közelebb vannak a talajhoz. Ez az állapot lehet a szalagos rendszerek megereszkedésének, vagy a nagyobb tőgyek padló közeli elhelyezkedésének az eredménye, amelyeknél a bimbók is távolabb kerülnek egymástól. Ugyanakkor, mivel a genetikai korrelációk mérsékelt, vagy alacsony értékűek, lehetőség nyílik arra, hogy a tőgymélység növelésére irányuló szelekció úgy történjen, hogy ne okozzon drasztikus változást a bimbók távolságában. Ebben az összefüggésben olyan tehének is előfordulhatnak, amelyeknek tőgye távolabb van a talajtól, és bimbóik jól elkülönülnek egymástól, ami hosszabb produktív életet és könnyebb fejtehetővé teszi az eredményezést.

Az átlagos genetikai korrelációs értékek a tőgyegyensúly és az elülső, illetve a hátsó bimbók távolsága között negatívak és alacsonyak voltak, ami azt jelzi, hogy az első és hátsó bimbók távolságának növelésére irányuló szelekció az ivadékoknál alacsonyabb tőgyegyensúly értékeket eredményezhet, ami nem kívánatos. Így előnyösebb a kiegyensúlyozottabb tőgyek szelekcióját előtérbe helyezni, mintsem kizárólag a bimbók távolságának növelésére koncentrálni, mivel a tőgyegyensúly nagyobb hatással van a tejtermelésre és a tehének élettartamára, mint a bimbók közötti távolság (Blötnner és mtsai, 2011; Tribut és mtsai, 2020). Emellett a tőgyegyensúly és az elülső és hátsó negyedek távolsága közötti korreláció pozitív, kedvező és alacsony értékű, így a genetikai szelekció nagyobb elülső és hátsó bimbó távolságú, azaz hosszabb tőgyű tehének esetében olyan állatokat eredményezhet, amelyek tőgye szorosabban kapcsolódik a hasfalhoz.

Rogers és mtsai (1999) eredményei szerint a legtöbb típusjegy és a tőgygyulladásoson kívüli betegségek közötti genetikai korrelációk kismértékűek. Az általános eredmény alóli kivételek közé tartozik a tejelő jelleg és a farlejtés, ahol a nagyobb lejtés a csípőtől a farok felé genetikai összefüggésben állt a ritkábban előforduló láb- és lábvégbetegségekkel. Ennél valószínűleg még fontosabb, hogy a tejelő jelleg és a betegségek közötti genetikai korrelációk kedvezőtlenek voltak. A magasabb tejtermelésre irányuló szelekció a küllemi pontszámok alapján jelentősen növelheti a tőgygyulladásoson kívüli betegségek előfordulását, és súlyosbíthatja azokat a nem kívánt válaszreakciókat, amelyek a tejhozam növelésére irányuló szelekcióval együtt járnak.

Egyes betegségekre vonatkozó tulajdonságok, mint például a visszamaradt placenta, az oltógyomor baloldali csavarodás, a tőgygyulladás, vagy a sántaság és a 305 napos tejtermelés közötti fenotípusos korrelációk nagyrészt nem tértek el jelentősen a nullától, kivéve a sántaság és a hátsó láb oldalnézet korrelációját (Van Dorp és mtsai, 1998). A betegség-tulajdonságok és a tejtermelés közötti genetikai korrelációk többsége pozitív volt, értékeik $r_g = 0,02$ és $0,44$ között mozogtak. Csak a visszamaradt placenta mutatott negatív genetikai korrelációt a tejtermeléssel ($r_g = -0,28$). A tőgytulajdonságok és a tőgygyulladás közötti genetikai korrelációk 0 és $0,37$ közöttiek voltak, a lábtulajdonságok és a sántaság közötti korrelációk pedig $-0,38$ és $0,09$ között változtak. A faralakulás és a visszamaradt placenta közötti

korrelációk $-0,11$ és $0,38$ között ingadoztak. Az eredmények azt jelzik, hogy ha a szelekció kizárólag a hozamra összpontosít, az megnövelheti a betegségek előfordulását. Ezzel szemben a küllemi tulajdonságok alapján végzett szelekció segíthet csökkenteni a betegségek előfordulását, bár a genetikai korrelációk alacsonyak.

Pérez-Cabal és mtsai (2006) három lábszerkezeti tulajdonság (FL = láb-lábvég, FA = körömszög, RLS = hátulsó láb oldalnézet) fenotípusos és genetikai kapcsolatát vizsgálták a jövedelmezőség, a termelés, a hosszú hasznos élettartam és fertilitás jellemzőivel. Azok a tehenek, amelyek magasabb pontszámot értek el a FL tekintetében, évente 213 dollárral jövedelmezőbbek voltak, 575 kg-mal több tejet termeltek, és 307 nappal tovább maradtak az állományban, mint azok, amelyek a legalacsonyabb pontszámot kapták. A FL mutatta a legszorosabb kapcsolatot a jövedelmezőséggel ($r = 0,10$). A RLS volt a legjobban korreláló tulajdonság a tejtermeléssel ($r = 0,12$). A FL, FA, RLS és a hosszú élettartam jellemzői közötti genetikai korrelációk alacsonyak voltak ($r_g = -0,10$ és $0,05$ között). A kvadratikus görbék bizonyultak a legjobbnak mind a jövedelmezőség, mind az állományban eltöltött hosszú hasznos élettartam tekintetében a három lábszerkezeti tulajdonság tenyésztéreteinek esetében.

Korábbi kutatások közepesen szoros ($r_g = 0,48$ és $0,54$) genetikai korrelációkat tártak fel a küllemi tulajdonságok és az első laktációs tejtermelés között. Emellett a

1. táblázat:

A 21 tulajdonság országok közötti genetikai korrelációja*

Tulajdonság (1)	r_g	Tulajdonság (1)	r_g
Farmagasság (2)	0,91	Tőgyfüggesztés (13)	0,74
Mellkasszélesség (3)	0,78	Tőgymélység (14)	0,92
Törzsmélység (4)	0,81	Elülső bimbóhelyeződés (15)	0,91
Élesség (5)	0,72	Bimbó hossz (16)	0,93
Farlejtés (6)	0,82	Hátulsó bimbóhelyeződés (17)	0,92
Farszélesség (7)	0,85	Mozgásképp (18)	0,64
Hátulsó láb oldalnézet (8)	0,82	Kondíció (19)	0,86
Hátulsó láb hátulnézet (9)	0,70	Végző pontszám (20)	0,68
Körömszög (10)	0,74	Tőgypont (21)	0,79
Elülső tőgyfél illesztés (11)	0,78	Láb és lábvég pont (22)	0,66
Hátulsó tőgyfél magasság (12)	0,80		

r_g = genetikai korreláció (23); *INTERBULL, WHFF vezető bírálói világkonferencia, Cremona (2014) (24)

Table 1: The genetic correlation of the 21 traits

trait (1); stature (2); chest width (3); body depth (4); angularity (5); rump angle (6); rump width (7); rear leg set (8); rear leg rear view (9); foot angle (10); fore udder attachment (10); rear udder height (11); central ligament (13); udder depth (14); front teat placement (15); teat length (16); rear teat placement (17); locomotion (18); body condition (19); final score (20); udder score (21); feet and legs score (22); genetic correlation (23); INTERBULL, WHFF, leading world conference of judges, Cremona (2014)

fertilitás és a küllemi tulajdonságok közötti korrelációk 0 és 0,79 között változnak (Tapki és Guzey, 2013).

Az élettéljesítmény, a hasznos élettartam és a küllem között *Wasana és mtsai* (2015) negatív korrelációkat figyelt meg olyan tulajdonságok esetében, mint a farlejtés, a hátulsó láb oldalnézet, a tőgy mélysége és a bimbó hossza.

Általánosságban elmondható, hogy a nagyobb tömegű tehenek, amelyek enyhén átlag feletti küllemi tulajdonságokkal rendelkeznek, hosszabb hasznos élettartamot érnek el (Vollema és Groen, 1997). Ezt különösen azok a tehenek mutatják, amelyek jól rögzített elülső tőgyféllel, magas hátulsó tőgyféllel, erős függesztő szalaggal, közeli elülső bimbóhelyeződéssel és mérsékelt hosszú bimbókkal rendelkeznek. Ezen tulajdonságok köthetők a leghosszabb funkcionális termelési élettartamhoz.

Az INTERBULL és a WHFF értékelte a fontosabb küllemi tulajdonságok országok közötti genetikai korrelációit a tenyésztési adatok alapján. Az általuk kapott és az 1. táblázatban bemutatott igen szoros kapcsolatra utaló korrelációs együttható értékek arra utalnak, hogy a küllemi tulajdonságokban nincs jelenetős genotípus-környezet kölcsönhatás az egyes országok között. Nevezetesen az egyik országban adott állatra megállapított küllemi bírálati eredmény alkalmazható a másik országban is.

3. A küllemi tulajdonságok öröklődhetősége

A fontosabb termelési és küllemi tulajdonságok öröklődhetőségi értékeit különböző irodalmi források szintézise, illetve *Toghiani és mtsai* (2009) összeállítása alapján - INTERBULL ajánlásaként is használva - a 2. táblázat foglalja össze.

Amint a táblázat adatai szemléltetik, a legtöbb küllemi tulajdonság genetikai meghatározottsága - hasonlóan a termelési tulajdonságokéhoz - közepes öröklődhetőségi értékekkel jellemezhető ($h^2 = 0,2-0,5$). Jól öröklődik a farmagasság ($h^2 = 0,53$) és viszonylag kedvező a testkapacitás ($h^2 = 0,46$), a tőgymélység ($h^2 = 0,42$), valamint a bimbóhossz ($h^2 = 0,41$) öröklődhetősége is. Gyengén öröklődhetőnek minősíthetők a mozgáskép ($h^2 = 0,08$), a körömszög ($h^2 = 0,12$) és a hátulsó láb hátulnézet ($h^2 = 0,13$) tulajdonságok.

A hivatkozott öröklődhetőségi értékek arra utalnak, ha a küllemi tulajdonságokra szelektálunk, akkor a farmagasság esetén nagyobb, a mozgáskép, a körömszög, illetve a hátulsó láb hátulnézet esetében pedig kisebb mértékű változásra számíthatunk.

Van Dorp és mtsai (1998) munkájában a betegségekkel kapcsolatos tulajdonságok öröklődhetőségi értékei (h^2) alacsonyok voltak (0 és 0,05 között), kivéve a sántaságot ($h^2 = 0,16$) és a ketóvizist ($h^2 = 0,39$).

4. A küllemi bírálat

A bírálat átfogó küllemi értékelést nyújt az állat testfelépítéséről, kiemeli az erősségeket és gyengeségeket. Az állomány tulajdonosai részletes vizuális leírást kapnak az egyes állatokról, segítve a küllem és a kapcsolódó tulajdonságok javítására irányuló szelekciót.

A bírálat szerepe az, hogy megkeresse a korrekt küllemű állatokat, amelyek várhatóan jó termelésűek és hosszú hasznos élettartamúak lesznek.

A küllemi bírálati információ kulcsfontosságú szerepet tölt be a bikák teljesít-

2. táblázat:

Az egyes tulajdonságok öröklődhetőségi értéke (INTERBULL)

Tulajdonság (1)	h ²	Tulajdonság (1)	h ²
Tejmennyiség (2)	0,23	Tőgymélység (17)	0,42
Tejzsír-tartalom (3)	0,26	Elülső bimbóhelyeződés (18)	0,36
Tejfehérje-tartalom (4)	0,21	Hátulsó bimbóhelyeződés (19)	0,33
Farmagasság (5)	0,53	Bimbó hossz (20)	0,41
Mellkasszélesség (6)	0,29	Kondíció (21)	0,29
Törzsmélység (7)	0,37	Mozgásképp (22)	0,08
Élesség (8)	0,27	Testpont (23)	0,40
Farlejtés (9)	0,38	Láb és lábvég pont (24)	0,15
Farszélesség (10)	0,35	Általános megjelenés (25)	0,16
Hátulsó láb oldalnézet (11)	0,19	Tejelő jelleg (26)	0,31
Hátulsó láb hátulnézet (12)	0,13	Testkapacitás (27)	0,46
Körömszög (13)	0,12	Tőgypont (28)	0,23
Elülső tőgyfél illesztés (14)	0,25	Tejelő erősség (29)	0,28
Hátulsó tőgyfélmagasság (15)	0,23	Végső pont (30)	0,27
Tőgyfüggesztés (16)	0,22		

h² = öröklődhetőség (31)

Table 2: Heritability estimates of the traits (INTERBULL)

trait (1); milk yield (2); milk fat yield (3); milk protein yield (4); stature (5); chest width (6); body depth (7); angularity (8); rump angle (9); rump width (10); rear leg set (11); rear leg rear view (12); foot angle (13); for udder attachment (14); rear udder height (15); central ligament (16); udder depth (17); front teat placement (18); rear teat placement (19); teat length (20); body condition (21); locomotion (22); body score (23); feet and legs score (24); general appearance (25); dairy character (26); body capacity (27); udder score (28); dairy strength (29); final score (30); heritability (31)

mény-vizsgálatakor, valamint a küllemi tenyésztékek becslésében, illetve a küllemi tulajdonságok genomikai értékeléseinek kalibrálásában. Az alkalmazott lineáris skála magában foglalja a populáció elvárt biológiai szélsőségeit az értékelés országában. A skálán megadott pontos mérések iránymutatásként szolgálnak, de nem tekinthetők pontos ajánlásnak.

A küllemi bírálati rendszer számos lineáris tulajdonságot és hibakódokat tartalmaz, amelyeket négy fő bírálati tulajdonságcsoportban összesítenek: tőgy, láb és lábvég, tejelő erő, illetve testkapacitás. Ezeket a fő bírálati tulajdonságokat különböző pontokkal értékelik, és az összesített pontszám alapján egy általános küllemi végpontszámot számítanak ki, figyelembe véve az egyes tulajdonságok súlyozását.

A küllemi bírálati pontozási rendszerek egységesegek a holstein-fríz tenyésztő különböző országokban. Az egyes országok eredményei így összehasonlíthatók, és az egyik ország figyelembe veheti a másik országban elért eredményeket. A tulajdonságok közötti kapcsolatok és öröklődhetőségi értékek rámutatnak arra, hogy a tenyésztőknek szükségük van a küllemi tulajdonságok újraértékelésére és prioritásuk meghatározására a holstein-fríz fajta tenyésztési programjaiban.

Minden holstein-fríz tenyésztő ország - követve a WHFF ajánlásait - a küllemi bírálati rendszerébe beépíti a világszövetség által ajánlott 20 lineáris értékelési tulajdonságot. Minden tenyésztő szervezet rendelkezik saját tenyésztési programmal, amelyet a tenyésztőkkel konzultálva alakítanak ki. Az európai és globális trendeket követve egyes országok további tulajdonságokat is értékelhetnek a lineáris küllemi bírálati tulajdonságok között, hogy elérjék a tenyésztési programjaikban meghatározott célokat.

Az általános küllemi bírálati gyakorlatban minden tenyésztő közösség arra törekszik, hogy olyan funkcionális küllemi tulajdonságokat bíráljon, amelyek támogatják a hosszú hasznos és produktív élettartamot, ami egyúttal gazdaságos tejtermelést eredményez. Ezt kiegészítik azok a tulajdonságok, amelyek az egészséget, a jóllétet, a költséghatékonyságot és a környezetbarát hosszú távú gazdaságos tejtermelést segíthetik elő (*Gutierrez-Reinoso és mtsai, 2023*).

Napjainkban egyre nagyobb hangsúlyt kapnak azok a tulajdonságok, amelyek a fertilitási mutatók javítására irányulnak, valamint az ellés lefolyására és a tejtermelő-képesség növelésére is hasonló fontossággal, illetve javító hatást gyakorolnak.

A robottechnológiát alkalmazó gazdaságok számának növekedése és azok mindennapi használata jelenleg reneszánszát éli. A nemesítő munka célja az ilyen gazdaságok számára megfelelő teheneket tenyészteni (*Zagidulin és mtsai, 2023*). A temperamentum, a tanulási képesség, az intelligencia és a robotfejéshez megfelelő tőgyfelépítés mind fontos szerepet játszanak a specifikus fejési technológia alapos előkészítésében (*Broucek és Tongel, 2017*). Egy automata fejőrendszert (AMS) használó tejtermelő gazdaságban a tőgyalakulással kapcsolatos fő szelekciós célok a tőgymélység növelésére irányulnak, erősebb függesztő szalaggal rendelkező tehenek tenyésztése a jövőbeni cél, így növelve azok élettartamát (*Morek-Kopec és Zarnecki, 2012*). A megfelelő tőgyegyensúly, az elülső bimbók távolsága és a hátulsó bimbók távolsága lehetővé teszi, hogy a fejőrendszer pontosan azonosítsa az összes bimbót a fejés során.

A jelenlegi küllemi bírálati rendszer Magyarországon 21 lineáris tulajdonságot használ, követve a WHFF ajánlását, amely tizennyolc alapvető és további három extra tulajdonságot tartalmaz. Ezek a következők: 1. farmagasság; 2. mellkas szélesség; 3. törzsmélység; 4. bordaalakulás; 5. farlejtés; 6. farszélesség; 7. hátulsó láb oldalnézet; 8. hátulsó láb hátulnézet; 9. körömszög; 10. mozgáskép; 11. elülső tőgyfél illesztés; 12. elülső bimbóhelyeződés; 13. bimbó hossz; 14. tőgymélység; 15. hátulsó tőgyfél magasság; 16. tőgyfüggesztés; 17. hátulsó bimbóhelyeződés; 18. kondíció; 19. hátulsó tőgyfél szélesség; 20. csontminőség; 21. tőgyállomány.

A küllemi bírálati rendszer négy fő jellemző pontszámot tartalmaz, amelyek a tehenek egyes testrészeire vonatkoznak: testpont (20%), tejelő erő (15%), láb és lábvég (25%), valamint tőgy (40%). Ezek a pontszámok adják meg az állat végső pontszámát.

A világ holstein-fríz szarvasmarhát tenyésztő országai különböző számú lineáris küllemi tulajdonságot pontoznak a bírálati rendszerükben. Ezeket eltérő súlyozással érvényesítik a szintén eltérő számú fő bírálati tulajdonságok, illetve a végső pontszám kiszámítása során. Így például Németországban a testpont aránya 20%, a tejelő jellegé 10%, a láb és lábvége, 30%, a tőgyé pedig 40%. Az Egyesült Királyságban a küllemi bírálók a következő szabály szerint végzik a pontozást: tőgy 40%,

láb és lábvég 30%, külön pontozzák a far alakulását, mely 10%, a tejelő kapacitás 10%, a tejelő jelleg 10%. Kanadában a fajta küllemi bírálói a következő pontozási szabályokat követik: tőgy 40%, tejelő erő 20%, láb és lábvég 28%, far 12%.

A harmonizált küllemi értékelés sikere a szövetségek és az egyesületek egyik legnagyobb eredményeként értékelhető. A harmonizált küllemi bírálat terén elért fejlődés lassúnak tűnhet, de az első - 34 évvel ezelőtt Cremonában tartott - bírálói munkaértekezlet óta óriási előrelépések történtek. Minden tulajdonság jól definiált módon, pontosan került leírásra. A lineáris pontozás teljes skáláját kihasználjuk, azért, hogy az adott populációban az egyes tulajdonságok közép- és szélsőérték változatait is azonosítani lehessen. Nagyon fontos a tulajdonságok számának fejlesztése, a pontos definíciók használata, a következetes pontozási rendszer alkalmazása, valamint a küllemi adatok összegyűjtése, amelyek alapvető fontosságúak a tenyészték-bebecsléséhez.

5. Következtetések

A hivatkozott és bemutatott korrelációs és öröklődhetőségi érték alapján elvi, nemesítési lehetőség van a holstein-fríz tehének küllemének további kedvező irányú változtatására. Tanúi lehetünk annak, hogy a világ legtöbb, vezető holstein-fríz tenyésztő országa és hazánk is törekszik a küllemi bírálati rendszer olyan irányú fejlesztésére, amely az újabb kihívásoknak (pl. robotfejési, környezeti, állatjóléti stb. szempontoknak) megfelelő típus irányába igyekszik módosítani a jövő tehénét.

Úgy véljük, hogy indokolt folyamatosan és újra értékelni a különböző küllemi, termelési, reprodukciós és egyéb funkcionális tulajdonságok közötti összefüggéseket a változó körülmények, az emelkedő tejhozam kapcsán. A küllemi pontozási rendszerek fejlesztését abba az irányba célszerű folytatni, hogy az ideális típus kialakítása és a tejtermelés hosszú távú fenntartható, regeneratív fejlesztése egymással összhangban legyen.

A küllem értékelése, a küllemi bírálat eredménye a tenyésztési, nemesítési szempontokon túl segítheti a tenyésztők napi munkáját, a tenyésztői (pl. párosítás, selejtezés stb.) döntéseik meghozatalát is.

6. Köszönetnyilvánítás

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

7. Felhasznált irodalom

Blöttner, S. - Heins, B. J. - Wensch-Dorendorf, M. - Hansen, L. B. - Swalve, H. H. (2011): Brown Swiss × Holstein crossbreds compared with pure Holsteins for calving traits, body weight, backfat thickness, fertility, and body measurements. *J. Dairy Sci.*, 94, 1058-1068. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3305>

Boelling, D. - Pollott, G. E. (1998): Locomotion, lameness, hoof and leg traits in cattle I.: Phenotypic influences and relationships. *Liv. Prod. Sci.*, 54, 193-203. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(97\)00166-8](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(97)00166-8)

- Brotherstone, S. - Hill, W. G. (1991): Dairy herd life in relation to linear type traits and production 1. Phenotypic and genetic analyses in pedigree type classified herds. *Anim. Prod.*, 53. 279-287. <https://doi.org/10.1017/S0003356100020274>
- Broucek, J. - Tongel, P. (2017): Robotic milking and dairy cows behavior. 2017 International Conference on Control, Artificial Intelligence, Robotics & Optimization, 33-38. <https://doi.org/10.1109/ICCAIRO.2017.16>
- Cue, R. I. - Monardes, H. G. - Hayes, J. F. (1990): Relationships of calving ease with type traits. *J. Dairy Sci.*, 73. 3586-3590. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(90\)79060-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(90)79060-1)
- Dadati, E. - Kennedy, B. W. - Burnside, E. B. (1985): Relationships between conformation and reproduction in Holstein cows: Type and calving performance. *J. Dairy Sci.*, 68. 2639-2645. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(85\)81148-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(85)81148-6)
- De Jong, G. - Lansbergen, L. (1996): Udder health index: selection for mastitis resistance. Proceedings of the International workshop on genetic improvement of functional traits in cattle. *Interbull Bull.*, 12. 42-47.
- Gutiérrez-Reinoso, M. A. - Aponte, P. M. - García-Herreros M. (2023): Genomic and phenotypic udder evaluation for dairy cattle selection: A review. *Animals*, 13.10.1588. <https://doi.org/10.3390/ani13101588>
- Klassen, D. J. - Monardes H. G. - Jairath, L. - Cue, R. - Hayes, J. F. (1992): Correlations between lifetime production and linearized type in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 75. 2272-2282. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(92\)77988-0](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(92)77988-0)
- Koenen, E. P. C. - Groen, A. F. (1998): Genetic evaluation of body weight of lactating Holstein heifers using body measurements and conformation traits. *J. Dairy Sci.*, 81, 1709-1713. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(98\)75738-8](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)75738-8)
- Morek-Kopeć, M. - Zarnecki, A. (2012): Relationship between conformation traits and longevity in Polish Holstein Friesian cattle. *Liv. Sci.*, 149, 53-61. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.06.022>
- Rogers, G. W. - McDaniel, B. T. - Dentine, M. R. (1988): Relationships among survival rates, predicted differences for yield and linear type traits. *J. Dairy Sci.*, 71. 214-222. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(88\)79544-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(88)79544-2)
- Rogers, G. W. - Banos, G. - Sander-Nielsen U. (1999): Genetic correlations among protein yield, productive life and type traits from the United States and diseases other than mastitis from Denmark and Sweden. *J. Dairy Sci.*, 82. 1331-1338. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(99\)75357-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(99)75357-9)
- Pérez-Cabal, M. A. - García, C. - González-Recio, O. R. - Alenda, R. (2006): Genetic and phenotypic relationships among locomotion type traits, profit, production, longevity and fertility in Spanish dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 89. 1776-1783. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72246-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72246-9)
- Pryce, J. E. - Coffey, M. P. - Brotherstone, S. (2000): The genetic relationship between calving interval, body condition score and linear type and management traits in registered Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 83. 2664-2671. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(00\)75160-5](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(00)75160-5)
- Tapki, I. - Guzey, Y. Z. (2013): Genetic and phenotypic correlations between linear type traits and milk production yields of Turkish Holstein dairy cows. *Greener J. Agric. Sci.*, 3. 755-761. <https://doi.org/10.15580/GJAS.2013.11.072913763>
- Talior, R. E. - Field, T. G. (1977): Scientific farm animal production. Prentice-Hall, Inc, Upper Saddle River, New Jersey, 07458.
- Thomas, C. L. - Vinson, W. E. - Pearson, R. E. (1984): Relationships between linear type scores, objective type measures, and indicators of mastitis. *J. Dairy Sci.*, 67. 1281-1292. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(84\)81435-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(84)81435-6)
- Toghiani, S. - Shadparvar, A. A. - Shahrbabak, M. M. - Taromsari, M. D. (2009): Genetic analysis of reproduction traits and their relationship with conformation traits in Holstein cows. *Liv. Sci.*, 125. 84-87. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2009.02.015>

- Tribout, T. - Croiseau, P. - Lefebvre, R. - Barbat, A. - Boussaha, M. - Fritz, S. - Boichard, D. - Hoze, C. - Sanchez, M. P.* (2020): Confirmed effects of candidate variants for milk production, udder health, and udder morphology in dairy cattle. *Genet. Sel. Evol.*, 52. 55. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00575-1>
- Van Dorp, T. E. - Dekkers, J. C. - Martin, S. W. - Noordhuizen, J. P.* (1998): Genetic parameters of health disorders, and relationships with 305-day milk yield and conformation traits of registered Holstein cows. *J. Dairy Sci.*, 81. 2264-2270. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(98\)75806-0](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)75806-0)
- Veerkamp, R. F. - Brotherstone, S.* (1997): Genetic correlations between linear type traits, food intake, live weight and condition score in Holstein Friesian dairy cattle. *J. Anim. Sci.*, 64, 385-392. <https://doi.org/10.1017/S1357729800015976>
- Vollema, A. R. - Groen, A. F.* (1997): Genetic correlations between longevity and conformation traits in an upgrading dairy cattle population. *J. Dairy Sci.*, 80. 3006-3014. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(97\)76267-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(97)76267-2)
- Wasana, N. - Cho, G. H. - Park, S. B. - Kim, S. D. - Choi, J. G. - Park, B. H. - Park, C. H. - Do, C. H.* (2015): Genetic relationship of productive life, production and type traits of Korean Holsteins at early lactations. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.*, 28. 1259-1265. <https://doi.org/10.5713/ajas.15.0034>
- Zagidullin, L. R. - Khisamov, R. R. - Kayumov, R. R. - Shaidullin, R. R. - Zinnatov, F. F. - Sadykov, N. F.* (2023). Dairy robotic milking system. *BIO Web of Conferences*. 71. 01004. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20237101004>

Érkezett: 2024. szeptember

Szerzők címe: Kőrösi, Zs. J. - Bognár, L.
Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete

Authors' address: National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders
H-1134 Budapest, Lóportár u. 16.

*Bene, Sz.**
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus
Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Georgikon Campus
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.
*levelező szerző, e-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

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

Holstein-fríz tehének termelési és egyes méretbeli küllemi tulajdonságainak összefüggése

Relationship between some morphometric conformation traits and production of Holstein-Friesian cows

KŐRÖSI Zsolt Jenő – HOLLÓ Gabriella – BENE Szabolcs –
BOGNÁR László – SZABÓ Ferenc

ÖSSZEFOGLALÁS

A tejhasznú tehének méretbeli küllemi tulajdonságai, amelyek összefüggésben állnak testtömegükkel és termelési szintjükkel, fontos funkcionális tulajdonságok, mivel az életfenntartó táplálóanyag szükséglet révén befolyásolják a takarmányhasznosítást. Emiatt ezen tulajdonságok tudományos és gyakorlati jelentősége az utóbbi időben felértékelődött. A jelen munkában 2008–2018 között született, 15032 holstein-fríz tehén tejtermelését, testmérettel, testtömeggel összefüggő küllemi tulajdonságait, a marmagasságot, a mellkasszélességet, a törzsmélységet és a farszélességet értékeltük. Vizsgáltuk az említett tulajdonságok öröklődhetőségét, trendjét és korrelációit a termelési tulajdonságokkal. Az eredmények szerint a marmagasság, a mellkasszélesség, a törzsmélység és a farszélesség öröklődhetősége (h^2) sorrendben 0,49, 0,25, 0,31, ill. 0,30 értékű volt. Miközben a 305-napos tej-, tejfehérje- és tejszír mennyiség növekedett a vizsgált tízéves időszakban ($b = 2,2\text{--}43,3$ kg/év), aközben a vizsgált küllemi tulajdonságok lényegében nem változtak ($b = 0,00\text{--}0,01$ pont/év). Vagyis a tejirányú szelekció velejárájaként számottevő mértékben nem növekedtek meg a testtömeget befolyásoló, méretbeli küllemi tulajdonságok.

Kulcsszavak: holstein-fríz, tejtermelés, küllemi tulajdonságok

SUMMARY

Objective: This study aimed to estimate the heritability, the phenotypic and genetic trend of dairy production traits and that for some morphometric conformation traits and to calculate the correlation between the two types of the traits in a Holstein-Friesian cow herd bred in Hungary.

Methods: Data of 15,032 Holstein Friesian cows born in the period 2008–2018 from 666 sires were collected for the study in 6 large dairy herds. Among the conformation traits, stature (ST), chest width (CW), body depth (BD), and rump width (RW), and for production traits, in the first lactation of cows, the 305-day milk yield (MY), milk butterfat yield (FY), and milk protein yield (MY) were evaluated.

Results: Heritability estimates of ST, CW, BD, and RW were 0.49, 0.25, 0.31, and 0.30, and those of MY, FY, and PY were 0.40, 0.35, and 0.30, respectively. BD and RW had no phenotypic ($b = -0.01$ point/year) or genetic ($b = 0.00\text{--}0.01$ point/year) change. The production traits (MY, FY, PY) increased to a greater extent ($b = 2.2\text{--}43.3$ kg/year) than the examined conformation traits over time.

Conclusions: Based on the results obtained we could conclude that the selection for milk production yield did not led to increase the evaluated morphometric conformation traits.

Keywords: milk yield, fat yield, protein yield, stature, chest width, body depth, rump width

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

A szarvasmarha típusát, testtömegét meghatározó méretbeli küllemi tulajdonságok, amelyek összefüggésben állnak a termeléssel, az életfenntartó szükséglet révén a takarmány-hasznosítással, a hatékonysággal, fontosak a holstein-fríz szarvasmarhák tenyésztésében. A holstein-fríz az egyik legelterjedtebb tejhasznú szarvasmarhafajta világszerte. Népszerűsége a magas tejtermelési hozamainak köszönhető. Azonban a termelési teljesítmény javítására irányuló genetikai szelekció nemkívánatos tulajdonságok megjelenéséhez is vezethet (*Török és mtsai, 2021*). Bizonyos küllemi tulajdonságok befolyásolhatják a tehenek termelését, élettartamát és reprodukciós státuszát (*Krupová és mtsai, 2024*). Ilyenek a tőgy, a láb és a lábvég tulajdonságok (*Tsuruta és mtsai, 2004*). Fontosak a méret, vagy méretbeli küllemi tulajdonságok, mint például a marmagasság, a mellkasszélesség, a törzsmélység és a farszélesség, amelyek összefüggnek a tehen típusával és testtömegével (*Hu és mtsai, 2024; Haque és mtsai, 2024*). Ezekkel kapcsolatban felvetődik az a kérdés, hogy a tejhozamra irányuló genetikai szelekció idézhet-e elő változást a tehenek testméreteiben és testtömegében (*Hu és mtsai, 2024*). Bizonyos vizsgálatokban ugyanis pozitív korrelációkat figyeltek meg a termelés és a törzsmélység, a tejelő jelleg és a marmagasság között (*Haas és mtsai, 2007; Schmidtmann és mtsai, 2023; Peng és mtsai, 2024*).

Az utóbbi időben a méretbeli küllemi tulajdonságok jelentősége felértékelődött, mivel ezek összefüggésben állnak a takarmányfogyasztással és hatékonysággal (*Koenen, 2001; Vallimont és mtsai 2011; Ledinek és mtsai, 2019*). *Haile-Mariam és mtsai (2014)*, *Gruber és mtsai (2018)*, valamint *Ledinek és mtsai (2019)* arra a következtetésre jutottak, hogy a tehenek testméreteinek további növelése, figyelembe véve a takarmány-hasznosításra gyakorolt kedvezőtlen hatását, nem javasolt. *Sieber és mtsai (1988)* laza pozitív fenotípusos korrelációt találtak a testméretek és a tejtermelés között. Hasonló pozitív genetikai korrelációt közöltek *Tapki és Güzey (2013)*, *Zink és mtsai (2014)*, valamint *Manafiazar és mtsai (2016)* is. Ezen eredmények alapján feltételezhető, hogy a tejtermelésre irányuló szelekció a genetikai összefüggések következtében növelheti a tehenek méretbeli tulajdonságait (*Sieber és mtsai, 1988; Samoré és mtsai, 2010; Alphonsus és mtsai, 2010; Miglior és mtsai, 2017*).

A tejtermelés és bizonyos küllemi tulajdonságok közötti szelekciós változások kölcsönhatásban állnak egymással (*Alcantara és mtsai, 2022*). Számos tanulmány készült, amelyek közepes és szoros pozitív fenotípusos és genetikai korrelációt mutatnak a tej-, a zsír- és a fehérmennyeiség, valamint a holstein-fríz tehenek marmagassága, mellkas körmérete, törzsmélysége és farszélessége között (*Kruszynski és mtsai, 2013*). A tejhasznú tehenek külleme kapcsolatban áll a gazdaságilag fontos élettartam tulajdonságokkal is (*Garcia-Ruiz és mtsai, 2016*). *Theron és Mostert (2004)* genetikai elemzést végezve arra a következtetésre jutottak, hogy a tehenek egyre magasabbak és élesebbek lesznek, miközben a tőgy tulajdonságai is javultak. *Carvalho és mtsai (2021)*-eredményeik-szerint a far magassága, a farlejtése, a testhosszúság és a farhosszúság gyengén növekvő tendenciát mutatott.

A tehenek testméreteinek felvétele a gyakorlatban meglehetősen körülményes, emiatt azokat általában küllemi bírálat során pontozással értékeli (*Enevoldsen és Kristensen, 1997; Banos és Coffey, 2012; Haile-Mariam és mtsai, 2014; Gruber és mtsai, 2018*). *Martins és mtsai (2020)* háromdimenziós kamerákat használtak

a méretbeli tulajdonságok becslésére. *Cappai és mtsai* (2019), illetve *Ruchay és mtsai* (2020) elektronikus azonosítást (EID) és a 3D digitális képeket alkalmazták a charolais bikák testméreteinek vizsgálatára.

A hazai holstein-fríz tenyésztési programban (*Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete*, 2019), ahogy más országokban is (*Battagin és mtsai*, 2013), a tejtermelés és néhány funkcionális tulajdonság - mint például a szomatikus sejttség, az élettartam és az elléslefolyás - mellett, a tőgy és a láb szerkezete szerepel a küllemi tulajdonságok közül a szelekciós kritériumok között. Más küllemi tulajdonságok, mint a farmagasság, mellkas szélessége, törzsmélység és farszélesség nem szerepelnek a szelekciós indexben.

Munkánk során a célunk az volt, hogy becsüljük a tejtermelési tulajdonságok és a méretbeli tulajdonságok öröklődhetőségét, korrelációit a hazai holstein-fríz tehénállományban. Szerettünk volna továbbá képet kapni arról, hogy a tejhozam növelésre irányuló szelekció okozott-e változást a marmagasságban, mellkas szélességében, törzsmélységben, illetve a far szélességében.

2. Anyag és módszer

2.1. Alapadatok

Munkánk során 2008 és 2018 között született 15032 holstein-fríz tehén adatait gyűjtöttük össze 666 apától 6 nagy magyarországi tehénészetből. A tehénállományokat a Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete felügyeli. A küllemi és termelési tulajdonságokkal kapcsolatos információk forrása az említett egyesületi adatbázisban volt elérhető. Az 1. táblázat tartalmazza a vizsgált holstein-fríz populáció kiindulási adatbázisának szerkezetét.

1. táblázat:

A vizsgált holstein-fríz populáció adatai

Kiindulási paraméterek (1)	Felhasznált adatok (2)
Vizsgálat időintervalluma, tehének születési éve (3)	2008-2018
Tenyészetek száma (4)	6
Tehének száma (5)	15032
Vizsgált tenyészbikák száma (tehének apja) (6)	666
Tenyészbikák születési dátuma (7)	1997-2015
Nőivarú ivadékok (tehének) száma apánként (8)	22,57
Vizsgált anyák száma (tehén anyja) (9)	11787
Anyák születési dátuma (10)	1996-2017

Table 1. The structure of the starting database of the studied Holstein-Friesian population

starting parameters (1); used database (2); time period of examination, the birth year of cows (3); number of herds (4); number of cows (5); number of the examined sires (sire of cow) (6); birth date of sires (7); the average number of female progeny (cow) per sire (8); number of the examined dams (dam of cow) (9); birth date of dams (10)

2.2. A vizsgált tulajdonságok

A küllemi tulajdonságok közül a farmagasságot (ST), a mellkasszélességet (CW), a törzsmélységet (BD) és farszélességet (RW), a termelési tulajdonságok közül pedig a tehenek első laktációjában a 305 napos tej- (MY), tejsír- (FY) és tejfehérje termelést (PY) értékeltük. A termelési tulajdonságokat folyamatosan mérték, laktációs időszak alatt 10 alkalommal, és 305 napos időszakra korrigálták őket. Minden küllemi tulajdonságot az egyesület küllemi bírálója értékelt egy 1-től 9-ig terjedő skálán, lineáris, leíró küllemi bírálati rendszer használatával.

2.3. Populációgenetikai paraméterek és tenyésztékek becslése

A becslésekhez a BLUP egyedmodellt használtuk. A tanulmány során két mátrixot hoztunk létre. Az egyik a származási mátrix, a másik pedig az adatbázis mátrixa volt. A rokonok származási mátrixa tartalmazta a teljes és féltestvérek, az apák, az anyák és a nagyszülők származási adatait. Az adatbázis mátrixa tartalmazta az összes hatásra és tulajdonságra vonatkozó adatot. A modellben a fix hatások közé tartozott a tenyészet, a tehén születési éve, a tehén születési évszaka, valamint a küllemi tulajdonságok esetén az életkor, termelési tulajdonságok esetén pedig az első ellés időpontja. Véletlen hatás az egyed (tehén) volt. A teheneket a bírálathoz a születéstől eltelt életkor alapján négy csoportra kategorizáltuk (24,0-27,0, 27,1-30,0, 30,1-33,0 és 33,1-36,0 hónap). Az első ellési életkor szerint is négy csoportot hoztunk létre (20,0-23,0, 23,1-5,0, 25,1-27,0 és 27,1-34,0 hónap). A 2. táblázat a becslésekhez alkalmazott modelleket mutatja be.

A használt modellek általános alakja a következőképpen írható fel:

$$y = X_b + Z_a + e$$

(Ahol "y" a megfigyelések vektora; "b" a fix hatások vektora; "a" a véletlen hatások vektora; "e" a véletlen hatások vektora; "X" a fix hatások előfordulási mátrixa; "Z" a véletlen hatások előfordulási mátrixa.)

A teljes populációra vonatkozóan minden küllemi és termelési tulajdonság esetén a tenyésztékeket (TÉ) megbecsültük. Dolgozatunkban terjedelmi okok miatt ezeket a TÉ eredményeket nem mutatjuk be. Az adott tulajdonságok becült tenyésztékeinek megbízhatósága 0,70–0,73 (70–73%) volt. Ezek az eredmények arra ösztönöztek minket, hogy a TÉ-eket a további értékelésekhez felhasználhatjuk.

2.4. Fenotípusos és genetikai korrelációk

A küllemi és a termelési tulajdonságok között a fenotípusos korrelációs (r_p) értékeket, míg a tenyésztékek alapján a küllemi és termelési tulajdonságok közötti genetikai korrelációs (r_g) értékeket becültünk.

2.5. Fenotípusos és genetikai trendek

A vizsgált tulajdonságok fenotípusos trendjeinek becslésekor az ugyanabban az évben született tehenek adatait átlagoltuk, majd az átlagos értékeket és az

2. táblázat:

A becsléshez alkalmazott BLUP egyedmodellek

Modell elemei (1)	Küllemi tulajdonságok (2)	Termelési tulajdonságok (3)
Pedigré mátrix (4)		
- egyed (tehén) (5)	+	+
- tenyészbika (tehén apja) (6)	+	+
- anya (tehén anyja) (7)	+	+
- teljes testvérek, féltestvérek (8)	+	+
- nagyszülők (9)	+	+
Fix hatások (10)		
- tenyészet (11)	+	+
- tehén születési éve (12)	+	+
- tehén születési évszaka (13)	+	+
- tehén életkora bírálatkor (14)	+	-
- tehén első elléskori életkora (15)	-	+
Random hatás (16)		
- tehén (17)	+	+
Vizsgált tulajdonságok (18)		
- farmagasság (19)	+	-
- mellkasszélesség (20)	+	-
- törzsmélység (21)	+	-
- farszélesség (22)	+	-
- 305 napos tejtermelés (kg) (23)*	-	+
- 305 napos tejsír termelés (kg) (24)*	-	+
- 305 napos tejfehérje termelés (kg) (25)*	-	+

* = az első laktációban (26); + = a modell ezt a hatást tartalmazza (27); - = a modell ezt a hatást nem tartalmazza (28)

Table 2. The applied BLUP animal models for the estimations

parts of the model (1); conformation traits (2); production traits (3); pedigree matrix (4); animal (cow) (5); sire (sire of cow) (6); dam (dam of cow) (7); full sibs, half sibs (8); grandparents (9); fixed effects (10); herd (11); birth year of cow (12); birth season of cow (13); age of cow at scoring (14); age of cow at first calving (15); random effect (16); cow (17); examined traits (18); stature (19); chest width (20); body depth (21); rump width (22); 305-day milk yield (23); 305-day milk butterfat yield (24); 305-day milk protein yield (25); in first lactation (27); + = the model includes this effect (27); - = the model does not include this effect (28)

állat születési évét koordinátarendszerben ábrázoltuk. Az így kapott ponthalmazra illeszkedő egyenes meghatározásához lineáris regresszió-analízist alkalmaztunk. A függő változó (Y) a tulajdonságok átlaga, míg a független változó (X) a tehén születési éve volt. Meghatároztuk a konstans (a), a meredekség (b) és az illeszkedés (R^2) értékeit, valamint ezek statisztikai megbízhatóságát is.

A küllemi és termelési tulajdonságok genetikai trendjeit - hasonlóan *Ostler és mtsai* (2005) vizsgálataihoz - az ugyanabban az évben született állatok átlagos TÉ-éből határoztuk meg. Kétféle trendet becsültünk: az egyiket az apák TÉ-éből, a másik pedig a ugyanabban az évben született teljes populáció TÉ-éből. A vizsgált tulajdonságok genetikai trendjeinek becsléséhez szintén lineáris regresszió-analízist alkalmaztak. A modellben az éves TÉ átlagértékek voltak a függő változók (Y), míg a születési év a független változó. Hasonlóan a fenotípusos trendszámításhoz, itt is meghatározták a konstans (a), a meredekség (b) és az illeszkedés (R^2) értékeit, valamint azok statisztikai megbízhatóságát. A genetikai trendeket az apák esetében 1997-től 2015-ig, a teljes populáció esetében pedig 1996-tól 2018-ig becsültük meg.

2.6. A felhasznált szoftverek

Az adatok előkészítéséhez MS Excel 2003 és Word 2003 programokat használtunk. Az adatok kiértékelését az SPSS 27.0 szoftverrel végeztük. A lineáris regresszió analízis számítása a MS Excel statisztikai csomagjával történt. A TÉ becslése a BLUP egyedmodell MTDFREML (*Boldman és mtsai*, 1993) szoftverével történt.

3. táblázat:

A vizsgált küllemi és termelési tulajdonságok alapstatisztikája (N = 15032)

Tulajdonság (1)	\bar{X}	SE	SD	CV%	Medián	Min	Max	p
AGE	29,2	0,0	2,6	8,9	28,9	24,0	36,0	0,06
AFC	24,8	0,0	2,0	8,1	24,5	20,0	34,0	0,07
LAC	388,0	0,5	62,3	16,1	324,0	200,0	500,0	0,09
ST	6,1	0,0	1,3	21,5	6,0	1,0	9,0	0,15
CW	5,5	0,0	1,0	18,1	6,0	1,0	9,0	0,22
BD	5,8	0,0	0,9	15,7	6,0	1,0	9,0	0,26
RW	5,3	0,0	1,1	20,7	5,0	1,0	9,0	0,20
MY	10179,4	15,1	1856,6	18,2	10216,0	5000,0	18000,0	0,01
FY	380,3	0,6	68,0	17,9	379,7	145,8	648,5	0,01
PY	333,1	0,5	56,4	16,9	334,1	148,5	568,8	0,01

AGE = a tehén életkora a bírálathoz (hónap) (2); AFC = a tehén első elléskori életkora (hónap) (3); LAC = laktáció hossza (nap) (4); ST = faramagasság (pont) (5); CW = mellkasszélesség (pont) (6); BD = törzsmélység (pont) (7); RW = farszélesség (pont) (8); MY = első laktációs 305 napos tejtermelés (kg) (9); FY = első laktációs 305 napos tejsír termelés (kg) (10); PY = első laktációs 305 napos tejfehérje termelés (kg) (11); p = Kolgomorov-Smirnov teszt (ha $p > 0,05$, a normál eloszlás igazolt) (12)

Table 3. Descriptive statistics of the conformation and production traits of Holstein-Friesian cows (N = 15032)

traits (1); AGE = age of cow at conformation scoring (month) (2); AFC = age of cow at first calving (month) (3); LAC = lactation interval (day) (4); ST = stature (score) (5); CW = chest width (score) (6); BD = body depth (score) (7); RW = rump width (score) (8); MY = 305-day milk yield in first lactation (kg) (9); FY = 305-day milk butterfat yield in first lactation (kg) (10); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (kg) (11); p = Kolgomorov-Smirnov test (if $p > 0.05$, the normal distribution is confirmed) (12)

3. Eredmények és értékelésük

A holstein-fríz tehenek vizsgált tulajdonságainak leíró statisztikáit a 3. táblázat foglalja össze. A tehenek első laktációs termelése a vizsgált tízéves időszakban kedvező és kiegyensúlyozott volt ($cv\% \leq 18\%$), ami kedvezőnek számít. Az átlagos 305-napos tej-, tejsír-, és tejfehérje termelés 10179,4 kg, 380,3 kg és 333,1 kg volt. A küllemi adatok nagyobb szórást mutattak, mint a termelési adatok. A $cv\%$ itt 16% és 21% közötti változott.

A 4. táblázat összegzi a vizsgált küllemi és termelési tulajdonságokat befolyásoló tényezők hatásait. A vizsgált tényezők mindegyike, így az apa, a tenyészet, a születési év és a születési évszak, valamint a tehen életkora, szignifikáns ($p < 0,01$) hatást gyakorolt mind a termelési, mind a küllemi tulajdonságokra.

A termelési és küllemi tulajdonságok öröklődhetőségi értékeit az 5. táblázat foglalja össze. A hozamokra vonatkozó adatok vizsgálatunkban $h^2 = 0,34, 0,35$ és $0,34$ értékűek voltak. Ezek kissé magasabbak annál, mint amit *Samoré és mtsai* (2010) korábban közölték (0,22, 0,19 és 0,18), ugyanakkor kisebbek annál, mint amit *Xue és mtsai* (2022) publikáltak (0,47).

A farmagasság, a mellkasszélesség, a törzsmélység és a farszélesség esetében közepes nagyságú ($h^2 = 0,49, 0,25, 0,31$ és $0,30$) értékeket kaptunk. Ezek hasonlóak ahhoz, mint amit *Veerkamp* (1998), *Haas és mtsai* (2007), *Tapki és Güzey* (2013), *Zink és mtsai* (2014), valamint *Xue és mtsai* (2022) közölték. Néhány

4. táblázat:

A vizsgált holstein-fríz tehenek küllemi és termelési tulajdonságait befolyásoló különböző hatások

Tulajdonság (1)	Hatások (2)					
	Tehén apja (3)	Tenyészet (4)	Tehén születési éve (5)	Tehén születési évszaka (6)	Életkora a bírálathoz (7)	Első ellés kori életkor (8)
Osztályok (9)	666	6	11	4	4	4
ST	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	-
CW	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,05$	$p < 0,01$	-
BD	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	-
RW	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	-
MY	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	-	$p < 0,01$
FY	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	-	$p < 0,01$
PY	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	$p < 0,01$	-	$p < 0,01$

ST = farmagasság (10); CW = (11); BD = törzsmélység (12); RW = farszélesség (13); MY = első laktációs 305 napos tejtermelés (14); FY = első laktációs 305 napos tejsír termelés (15); PY = első laktációs 305 napos tejfehérje termelés (16)

Table 4. Different effects on the conformation and production traits of the studied Holstein-Friesian cows

traits (1); factors (2); sire of cow (3); herd (4); birth year of cow (5); birth season of cow (6); age at scoring (7); age at first calving (8); classes (9); ST = stature (10); CW = chest width (11); BD = body depth (12); RW = rump width (13); MY = 305-day milk yield in first lactation (14); FY = 305-day milk butterfat yield in first lactation (15); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (15)

5. táblázat:

A vizsgált holstein-fríz tehenek küllemi és termelési tulajdonságainak populációgenetikai paraméterei

Tulajdonságok (1)	Paraméterek (2)			
	σ_d^2	σ_e^2	σ_p^2	$h^2 \pm SE$
ST	0,78	0,81	1,59	0,49 \pm 0,02
CW	0,22	0,65	0,87	0,25 \pm 0,02
BD	0,24	0,54	0,78	0,31 \pm 0,02
RW	0,34	0,78	1,12	0,30 \pm 0,02
MY	819426,0	15906540,4	2410076,4	0,34 \pm 0,01
FY	1163,3	2138,0	3001,3	0,35 \pm 0,02
PY	655,4	1544,8	2200,2	0,30 \pm 0,02

σ_d^2 = additív direkt genetikai variancia (3); σ_e^2 = környezeti variancia (4); σ_p^2 = fenotípusos variancia (5); h^2 = öröklődhetőség (6); ST = farmagasság (7); CW = mellkasszélesség (8); BD = törzsmélység (9); RW = farszélesség (10); MY = első laktációs 305 napos tejtermelés (11); FY = első laktációs 305 napos tejsír termelés (12); PY = első laktációs 305 napos tejfehérje termelés (13)

Table 5. Population genetic parameters of the conformation and production traits of Holstein-Friesian cows

traits (1); parameters (2); σ_d^2 = additive direct genetic variance (3); σ_e^2 = residual variance (4); σ_p^2 = phenotypic variance (5); h^2 = heritability (6); ST = stature (7); CW = chest width (8); BD = body depth (9); RW = rump width (10); MY = 305-day milk yield in first lactation (11); FY = 305-day milk butterfat yield in first lactation (12); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (13)

szerző (Ahlborn és Dempfle, 1992; Berry és mtsai, 2004; Samoré és mtsai, 2010; Zavadilová és Štípková, 2012; Cassandro és mtsai, 2015; Roveglia és mtsai, 2019) azonban alacsonyabb értékeket publikált szóban forgó küllemi tulajdonságokra annál, mint amit munkánk során tapasztaltunk.

Saját eredményeink és néhány irodalmi adat alapján úgy tűnik, hogy az értékelt termelési és küllemi tulajdonságok öröklődhetőségi értékei hasonlóak egymáshoz. Ugyanakkor, mint a saját, mind az irodalmi adatok alapján a farmagasság genetikai meghatározottsága nagyobbak tűnik, mint a mellkasszélességé, a törzsmélységé, vagy a farszélességé.

A 6. táblázat összegzi a küllemi és termelési tulajdonságok közötti korrelációk együtthatókat.

Vizsgálatunkban azt tapasztaltuk, hogy a termelési tulajdonságok szoros, vagy igen szoros pozitív genetikai ($r_g = 0,61-0,90$) összefüggésben álltak egymással.

A küllemi tulajdonságok, a farmagasság, a mellkasszélesség, a törzsmélység és a farszélesség termelési tulajdonságokkal való kapcsolata pozitív, de laza, vagy nagyon laza ($r_g = 0,01-0,21$) összefüggéseket jelzett. Ez az eredmény összhangban áll Xu és mtsai (2005), Samoré és mtsai (2010), Kruszyński és mtsai (2013), Zink és mtsai (2014), valamint Khmelnychyl és mtsai (2021) megállapításaival, akik szintén laza kapcsolatról számoltak be.

6. táblázat:

A vizsgált holstein-fríz tehének küllemi és termelési tulajdonságai közötti fennálló fenotípusos és genetikai korrelációk

r	CW	BD	RW	MY	FY	PY
Fenotípusos (r_p) (1)						
- ST	+0,40*	+0,43*	+0,32*	+0,00	+0,04*	0,00
- CW		+0,60*	+0,24*	+0,02 [§]	+0,09*	+0,05*
- BD			+0,26*	+0,10*	+0,15*	+0,10*
- RW				+0,13*	+0,08*	+0,12*
- MY					+0,76*	+0,94*
- FY						+0,81*
Genetikai (az apák tenyésztéke alapján) (r_g) (2)						
- ST	+0,30*	+0,43*	+0,41*	+0,07	+0,11*	+0,04
- CW		+0,62*	+0,26*	+0,01	+0,09 [§]	+0,09 [§]
- BD			+0,35*	+0,08 [§]	+0,17*	+0,11*
- RW				+0,04	+0,04	+0,04
- MY					+0,62*	+0,89*
- FY						+0,68*
Genetikai (a teljes állomány tenyésztéke alapján) (r_g) (3)						
- ST	+0,34*	+0,43*	+0,40*	+0,10*	+0,11*	+0,10*
- CW		+0,62*	+0,27*	+0,01	+0,09*	+0,08*
- BD			+0,32*	+0,13*	+0,21*	+0,15*
- RW				+0,10	+0,10*	+0,10*
- MY					+0,61*	+0,90*
- FY						+0,69*

* $p < 0,01$; [§] $p < 0,05$; ST = farmagasság (4); CW = mellkasszélesség (5); BD = törzsmélység (6); RW = farszélesség (7); MY = első laktációs 305 napos tejtermelés (8); FY = első laktációs 305 napos tejszir termelés (9); PY = első laktációs 305 napos tejfehérje termelés (10)

Table 6. Phenotypic and genetic correlations among the conformation and production traits of Holstein-Friesian cows

phenotypic (1); genetic (based on breeding value of sires) (2); genetic (based on breeding value of entire population) (3); ST = stature (4); CW = chest width (5); BD = body depth (6); RW = rump width (7); MY = 305-day milk yield in first lactation (8); FY = 305-day milk butterfat yield in first lactation (9); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (10)

Eredményeink kissé eltérnek *Ahlborn és Dempfle* (1992), *Berry és mtsai* (2004), *Haas és mtsai* (2007), valamint *Tapki és Güzey* (2013) adataitól, akik valamivel nagyobb értékű korrelációs együtthatókat közöltek a szóban fogó küllemi tulajdonságok és a tejhozam kapcsolatára ($r_g = 0,26-0,48$).

Eredményeink tehát irodalmi adatokkal is alátámasztva azt tükrözik, hogy a küllem és a termelés közötti kapcsolat a hazai holstein-fríz állományban megle-

7 táblázat:

A vizsgált holstein-fríz tehének küllemi és termelési tulajdonságainak fenotípusos és genetikai trendje

Trend (1)	Y	Meredekség (2)			Tengelymetszet (3)			Illeszkedés (4)	
		b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
ST									
- P	aP	-0,06	0,01	<0,01	120,60	25,65	<0,01	0,69	<0,01
- GSB	aBV	+0,03	0,01	<0,01	-52,80	14,53	<0,01	0,44	<0,01
- GAB	aBV	+0,01	0,00	<0,01	-21,15	3,75	<0,01	0,60	<0,01
CW									
- P	aP	-0,01	0,01	NS	23,80	11,28	<0,10	0,25	NS
- GSB	aBV	+0,00	0,00	NS	-8,29	6,25	NS	0,10	NS
- GAB	aBV	+0,00	0,00	NS	-2,33	1,57	NS	0,11	NS
BD									
- P	aP	-0,01	0,01	<0,10	30,56	13,4	<0,05	0,27	<0,10
- GSB	aBV	+0,01	0,00	NS	-11,33	7,56	NS	0,12	NS
- GAB	aBV	+0,00	0,00	<0,01	-4,75	1,62	<0,01	0,30	<0,01
RW									
- P	aP	-0,06	0,01	<0,01	120,99	20,61	<0,01	0,78	<0,01
- GSB	aBV	+0,01	0,01	<0,05	-24,89	11,33	<0,05	0,23	<0,05
- GAB	aBV	+0,01	0,00	<0,01	-16,22	3,20	<0,01	0,56	<0,01
MY									
- P	aP	+42,3	24,8	NS	-74870,7	49850,5	NS	0,25	NS
- GSB	aBV	+16,5	6,2	<0,05	-32974,8	12517,8	<0,05	0,29	<0,05
- GAB	aBV	+5,5	2,3	<0,05	-10968,5	4522,3	<0,05	0,24	<0,05
FY									
- P	aP	+2,2	0,6	<0,01	-3993,3	1161,8	<0,01	0,61	<0,01
- GSB	aBV	+0,5	0,3	<0,10	-989,9	526,1	<0,10	0,18	<0,10
- GAB	aBV	+0,3	0,1	<0,01	-530,2	168,7	<0,01	0,32	<0,01
PY									
- P	aP	+1,6	0,8	<0,10	-2980,9	1696,0	NS	0,30	<0,10
- GSB	aBV	+0,5	0,2	<0,05	-986,6	401,5	<0,05	0,27	<0,05
- GAB	aBV	+0,2	0,1	<0,01	-400,8	114,2	<0,01	0,39	<0,01

ST = farmagasság (5); CW = mellkasszélesség (6); BD = törzsmélység (7); RW = farszélesség (8); MY = első laktációs 305 napos tejtermelés (9); FY = első laktációs 305 napos tejsír termelés (10); PY = első laktációs 305 napos tejfehérje termelés (11); P = fenotípusos trend (12); GSB = az apák tenyésztékén alapuló genetikai trend (13); GAB = a teljes populáció tenyésztékén alapuló genetikai trend (14); aP = tulajdonság fenotípusos átlagértéke (15); aBV = a tenyészték átlaga (16)

Table 7. Phenotypic and genetic trends in the conformation and production traits of Holstein Friesian cows trend (1); slope (2); intercept (3); fitting (4); ST = stature (5); CW = chest width (6); BD = body depth (7); RW = rump width (8); MY = 305-day milk yield in first lactation (9); FY = 305-day milk butterfat yield in first lactation (10); PY = 305-day milk protein yield in first lactation (11); P = phenotypic trend (12); GSB = genetic trend based on breeding value of sires (13); GAB = genetic trend based on breeding value of entire population (14); aP = average phenotypic data of the trait (15); aBV = average breeding value (16)

hetősen laza. Ennélfogva az várható, hogy a termelés növelésére irányuló szelekció kisebb változást eredményez a vizsgált küllemi tulajdonságokban, mint a tejhozamban, a zsírmennyiségben és a fehérjemennyiségben.

A vizsgált küllemi és termelési tulajdonságok fenotípusos és genetikai trendjeit a 7. táblázat foglalja össze.

A termelési tulajdonságok genetikai trendjére vonatkozó eredmények alapján a meredekség minden esetben pozitív irányt mutatott, ami növekvő termelést jelez. Azonban a fehérjemennyiség emelkedése meglehetősen csekély ($b = 0,2-0,5$ kg/év) volt. A tejhozam ($b = 5,5$ és $16,5$ kg/év) és a zsírmennyiség ($b = 2,2$ kg/év) növekedése meghaladta a fehérje hozam növekedésének mértékét. Ezek az eredmények összhangban állnak Haas és mtsai (2007), valamint Kruszyński és mtsai (2013) megállapításaival, de a zsír esetében azoktól kissé eltérnek.

A küllemi tulajdonságok regressziós becslésének eredményei, amelyek szerint a farmagasság, a törzsmélység, a farszélesség és a mellkasszélesség meredekségi értékei nagyon alacsonyak ($b = -0,06$ és $+0,03$ pont/év), csak kis változásokat jeleztek a tehének méretbeli tulajdonságaiban az idő múlásával. Hasonló eredményeket mutattak ki Kruszyński és mtsai (2013), akik a farmagasságra $b = 0,106$, a törzs mélységére $b = 0,035$ és a farszélességre $b = 0,001$ regressziót találtak. Carvalho és mtsai (1997) hasonlóan alacsony értékű regressziós együtthatókat közöltek.

Jelen vizsgálatunk megállapításai azt tükrözik, hogy a termelési tulajdonságok, a tej-, a zsír-, és a fehérje termelés nagyobb mértékben változtak a vizsgált időszakban, mint a vizsgált küllemi tulajdonságok, a farmagasság, a törzsmélység, a farszélesség, és a mellkasszélesség. Tehát megállapítható, hogy a termelés növelésére irányuló szelekció nem eredményezett jelentős változást a hazai holstein-fríz tehénállomány méretbeli küllemi tulajdonságaiban.

5. Következtetések

Vizsgálatunk során szerettünk volna világosabb képet kapni a tejtermelési és a méretbeli küllemi tulajdonságok örökölhetőségéről, valamint e tulajdonságok közötti kapcsolatokról a hazai holstein-fríz állományban.

Eredmények szerint a tejhozam, a farmagasság, a mellkas szélessége, a törzsmélység és a farszélesség tulajdonságok genetikai meghatározottsága hasonlóan bizonyult. Ez a megállapítás arra a hipotézisre vezethetett, hogy a tejhozam növelésére irányuló szelekció során a termelési és méretbeli küllemi konformációs tulajdonságok együtt változhatnak.

Ugyanakkor a pozitív, gyenge korrelációk és trendek, amelyeket tapasztaltunk, nem jelezték a hazai holstein-fríz tehénállomány méretbeli küllemi tulajdonságainak változását az elmúlt tíz év során.

6. Köszönetnyilvánítás

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

7. Felhasznált irodalom:

- Ahlborn, G. – Dempfle, L. (1992): Genetic parameters for milk production and body size in New Zealand Holstein–Friesian and Jersey. *Liv. Prod. Sci.*, 31. 205–219. [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(92\)90018-Y](https://doi.org/10.1016/0301-6226(92)90018-Y)
- Alcantara, L. M. – Baes, C.F. – Gerson, A. O. J. – Schenkel, F. S. (2022): Conformation traits of Holstein cows and their association with a Canadian economic selection index. *Can. J. Anim. Sci.*, 102. 490–500. <https://doi.org/10.1139/cjas-2022-0013>
- Alphonsus, C. – Akpa, G.N. – Oni, O. O. – Rekwot, P. I. – Barje, P. P. – Yashim, S. M. (2010): Relationship of linear conformation traits with bodyweight, body condition score and milk yield in Friesian × Bunaji cows. *J. Appl. Anim. Res.*, 38. 97–100. <https://doi.org/10.1080/09712119.2010.9707164>
- Banos, G. – Coffey, M. P. (2012): Technical note: Prediction of live weight from linear conformation traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 95. 2170–2175. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4838>
- Battagin, M. – Forabosco, F. – Penasa, M. – Cassandro, M. (2013): Cluster analysis on across–country genetic correlations for overall type traits and body condition score of Holstein bulls. *Livest. Sci.*, 151. 108–114. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.11.009>
- Berry D. P. – Buckley, F. – Dillon, P. – Evans, R. D. – Veerkamp, R. F. (2004): Genetic relationships among linear type traits, milk yield, body weight, fertility and somatic cell count in Primiparous dairy cows. *Irish J. Agric. Food Res.*, 43. 161–176.
- Boldman, K. G. – Kriese, L. A. – Van Vleck, L. D. – Kachman, S. D. (1993): A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. USDA–ARS, Clay Center, NE, USA.
- Carvalho, N. S. – Daltro, D. S. – Machado, J. D. – Camargo, E. V. – Panetto, J. C. C., – Cobuci, J. A. (2021): Genetic parameters and genetic trends of conformation and management traits in Dairy Gir cattle. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 73. 938–948. <https://doi.org/10.1590/1678-4162-12341>
- Cappai, M. G. – Gambella, F. – Piccirilli, D. – Rubiu, N. G. – Dimauro, C. – Pazzona, A. L. – Pinna, W. (2019): Integrating the RFID identification system for Charolaise breeding bulls with 3D imaging for virtual archive creation. *PeerJ Comput. Sci.*, 5, e179. <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.179>
- Cassandro, M. – Battagin, M. – Penasa, M. – De Marchi, M. (2015): Genetic relationships of milk coagulation properties with body condition score and linear type traits in Holstein–Friesian cows. *J. Dairy Sci.*, 98. 685–691. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8153>
- Enevoldsen, C. – Kristensen, T. (1997): Estimation of body weight from body size measurements and body condition scores in dairy cows, *J. Dairy Sci.*, 80. 1988–1995. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(97\)76142-3](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(97)76142-3)
- Garcia-Ruiz, A. – Ruiz-Lopez, F. J. – Vazquez-Pelaez, C. G. – Valencia–Posadas, M. (2016): Impact of conformation traits on genetic evaluation of length of productive life of Holstein cattle. *Int. J. Livest. Prod.*, 7, 66–75. <https://doi.org/10.5897/IJLP2016.0301>
- Gruber, L. – Ledinek, M. – Steininger, F. – Fuerst-Waltl, B. – Zottl, K., – Royer, M. – Krimberger, K., – Mayerhofer, M. – Egger-Danner, C. (2018): Body weight prediction using body size measurements in Fleckvieh, Holstein, and Brown Swiss dairy cows in lactation and dry periods. *Arch. Anim. Breed.*, 61. 413–424. <https://doi.org/10.5194/aab-61-413-2018>
- Haas, Y. – Janss, L. L. G. – Kadarmideen, H. N. (2007): Genetic and phenotypic parameters for conformation and yield traits in three Swiss dairy cattle breeds. *Anim. Bred. Genet.*, 124. 12–19. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00630.x>
- Haile-Mariam, M. – Gonzalez-Recio, O. – Pryce, J. E. (2014): Prediction of live weight of cows from type traits and its relationship with production and fitness traits. *J. Dairy Sci.*, 97. 3173–3189. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7516>
- Haque, M. A. – Alam, M. Z. – Iqbal, A. – Lee, Y. M. – Dang, C. G. – Kim, J. J. (2024): Evaluation of accuracies of genomic predictions for body conformation traits in Korean Holstein. *Anim. Biosci.*, 37. 555–566. <https://doi.org/10.5713/ab.23.0237>

- Holstein-Fríz Tenyésztők Egyesülete* (2019): Tenyésztési program. HFTE, Budapest. https://holstein.hu/egyesulet/tenypro_2019.pdf
- Hu, H. H. – Mu, T. – Zhang, Z. B. – Zhang, J. X. – Feng, X. – Han, L. Y. – Hao, F. – Ma, Y. F. – Yiang, Y. – Ma, Y. (2024): Genetic analysis of health traits and their associations with longevity, fertility, production, and conformation traits in Holstein cattle. *Animal*, 18. 101177. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101177>
- Khmelnychyl, L. – Karpenko, B.* (2021): Evaluation and variability of linear classification indicators in their relationship with milk yield of cows of Holstein breed of regional selection. *Management, Economic Engineering in Agriculture and Rural Development*, 21.
- Koenen, E. P. C.* (2001): Selection for body weight in dairy cattle. Ph.D. Thesis, Wageningen University, Wageningen, Netherlands.
- Krupová, Z. – Kašná, E. – Zavadilová, L. – Krupa, E. – Bauer, J. – Wolfová, M.* (2024): Udder, claw, and reproductive health in genomic selection of the Czech Holstein. *Animals*, 14. 864. <https://doi.org/10.3390/ani14060864>
- Kruszyński, W. – Pawlina, E. – Szewczuk, M.* (2013): Genetic analysis of values, trends and relations between conformation and milk traits in Polish Holstein–Friesian cows. *Arch. Anim. Bred.*, 52. 536–546. <https://doi.org/10.7482/0003-9438-56-052>
- Ledinek, M. – Gruber, L. – Steininger, F. – Fuerst-Waltl, B. – Zott, K. – Royer, M., – Krimberger, K. – Mayerhofer, M., – Egger-Danner, C.* (2019): Analysis of lactating cows on commercial Austrian dairy farms: the influence of genotype and body weight on efficiency parameters. *Arch. Anim. Bred.*, 62. 491–500. <https://doi.org/10.5194/aab-62-491-2019>
- Manafiazar, G. – Goonewardene, L. – Miglior, F. – Crews, D. H. – Basarab, J. A. – Okine, E. – Wang, Z.* (2016) Genetic and phenotypic correlations among feed efficiency, production and selected conformation traits in dairy cows. *Animal*, 10. 381–389. <https://doi.org/10.1017/S1751731115002281>
- Martins, B. M. – Mendes, A. L. C. – Silva, L. F. – Moreira, T. R. – Costa, J. H. C. – Rotta, P. P. – Chizzotti, M. L. – Marcondes, M. I.* (2020): Estimating body weight, body condition score, and type traits in dairy cows using three dimensional cameras and manual body measurements. *Liv. Sci.*, 236. 104054. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104054>
- Miglior, F. – Fleming, A. – Malchiodi, F. – Brito, L. F. – Martin, P. – Baes, C. F.* (2017): A 100-year review: identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 100. 10251–10271. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12968>
- 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.
- Peng, Z. – Zou, H. – Liu, M. – Hu, R. – Xiao, J. – Liao, H. – Yang, Y. – Huo, L. – Wang, Z.* (2024): A dynamic individual yak heifer live body weight estimation method using the YOLOv8 network and body parameter detection algorithm. *J. Dairy Sci.*, 107. 6178–6191. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24065>
- Roveglia, C. – Niero, G. – Bobbo, T. – Penasa, M. – Finocchiaro, R. – Visentin, G. – Lopez-Villalobos, N. – Cassandro, M.* (2019): Genetic parameters for linear type traits including locomotion in Italian Jersey cattle breed. *Liv. Sci.*, 229. 131–136. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.09.023>
- Ruchay, A. – Kober, V. – Dorofeev, K. – Kolpakov, V. – Miroshnikov, S.* (2020): Accurate body measurement of live cattle using three depth cameras and non-rigid 3-D shape recovery. *Comput. Electron. Agric.*, 179, 105821. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2020.105821>
- Samoré, A. B. – Rizzi, R. – Rossoni, A. – Bagnato, A.* (2010): Genetic parameters for functional longevity, type traits, somatic cell scores, milk flow and production in the Italian Brown Swiss. *Ital. J. Anim. Sci.*, 9. e28. <https://doi.org/10.4081/ijas.2010.e28>
- Schmidtman, C. – Segelke, D. – Bennowitz, J. – Tetens, J. – Thaller, G.* (2023): Genetic analysis of production traits and body size measurements and their relationships with metabolic diseases in German Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, 106, 421–438. <https://doi.org/10.3168/jds.2022-22363>
- Sieber, M. – Freeman, A. E. – Kelley, D. H.* (1988): Relationships between body measurements, body

- weight, and productivity in Holstein dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 71. 3437–3445. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(88\)79949-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(88)79949-X)
- Tapki, I. – Güzey, Y. (2013): Genetic and phenotypic correlations between linear type traits and milk production yields of Turkish Holstein dairy cows. *Greener J. Agric. Sci.*, 3. 755–761.
- Theron, H. E. – Mostert, B. E. (2004): Genetic analyses for conformation traits in South African Jersey and Holstein cattle. *S. Afr. J. Anim. Sci.*, 34. S47–49. <https://doi.org/10.4314/sajas.v34i6.3828>
- Török, E. – Komlósi, I. – Szőnyi, V. – Béri, B. – Mészáros, G. – Posta, J. (2021): Combinations of linear type traits affecting the longevity in Hungarian Holstein-Friesian cows. *Animals*, 11. 3065. <https://doi.org/10.3390/ani11113065>
- Tsuruta, S. – Misztal, I. – Lawlor, T. J. (2004): Genetic correlations among production, body size, udder, and productive life traits over time in Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 87. 1457–1468. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73297-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73297-X)
- Vallimont, J. E. – Dechow, C. D. – Daubert, J. M. – Dekleva, M. W. – Blum, J. W. – Barlieb, C. M. – Liu, W. – Varga, G. A. – Heinrichs, A. J. – Baumrucker, C. R. (2011): Heritability of gross feed efficiency and associations with yield, intake, residual intake, body weight, and body condition score in 11 commercial Pennsylvania tie stalls. *J. Dairy Sci.*, 94. 2108–2113 <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3888>
- Veerkamp, R. F. (1998): Selection for economic efficiency of dairy cattle using information on live weight and feed intake: a review. *J. Dairy Sci.*, 81. 1109–1119. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(98\)75673-5](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)75673-5)
- Xue, X. – Hu, H. – Zhang, J. – Ma, Y. – Han, L. – Hao, F. – Jiang, Y. – Ma, Y. (2022): Estimation of genetic parameters for conformation traits and milk production traits in Chinese Holsteins. *Animals*, 13. 100. <https://doi.org/10.3390/ani13010100>
- Zavadilová, L. – Stipkova, M. (2012): Genetic correlations between longevity and conformation traits in the Czech Holstein population. *Czech J. Anim. Sci.*, 57. 125–136. <https://doi.org/10.17221/5566-CJAS>
- Zink, V. – Zavadilová, L. – Lassen, J. – Stipkova, M., – Vacek, M. – Stolc, L. (2014): Analyses of genetic relationships between linear type traits, fat-to-protein ratio, milk production traits, and somatic cell count in first-parity Czech Holstein cows. *Czech J. Anim. Sci.*, 59. 539–547. <https://doi.org/10.17221/7793-CJAS>

Érkezett: 2024. szeptember

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

Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete

Authors' address: National Association of Hungarian Holstein Friesian Breeders

H-1134 Budapest, Lőportár u. 16.

Holló, G.

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campus

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Kaposvár Campus

H-7400 Kaposvár, Guba Sándor utca 40.

Bene, Sz.*

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Georgikon Campus

H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.

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

Szabó, F.

Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar

Széchenyi István University, Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Néhány tényező hatása kifejlett lipicai fajtájú lovak testméreteire

Some effects on body measurements of adult Lipizzaner horses

LUPTYÁK Lilla Mercedesz – POLGÁR J. Péter – BENE Szabolcs

ÖSSZEFOGLALÁS

A Szerzők három hazai lipicai tenyészetben 49 kifejlett ló 6 testméretét vették fel, majd értékelték. A testméretek között fenotípusos korrelációs együtthatókat határozták meg, és kiszámították néhány testarány-indexet is. Munkájuk során arra keresték a választ, hogy az vizsgált testméreteket hogyan befolyásolja az apának, a tenyészetnek, az ivarnak, valamint a bírálatkori életkornak a hatása. Az adatok kiértékelése többtényezős varianciaanalízissel történt. A testméretek főátlaga a következő volt (átlag \pm SE): bottal mért marmagasság 157,6 \pm 1,4 cm, szalaggal mért marmagasság 167,1 \pm 1,5 cm, farmagasság 157,5 \pm 1,6 cm, törzshosszúság 173,5 \pm 1,4 cm, övméret 190,5 \pm 2,9 cm, bal mellő szárkörméret 21,4 \pm 0,3 cm. A testarány-indexek számított értékei a következők voltak: kvadratikusági index 93,1, súlyindex 157,6, túlnőtttségi index 99,4, test index 89,4. Az előzetes várakozásokkal ellentétben a tenyészetek közötti különbségek egyik testméret esetén sem bizonyultak szignifikánsnak. A két ivar között egyetlen testméret esetén sem találtak statisztikailag megbízható eltéréseket. Az életkor kategóriák között csupán a bottal mért marmagasság esetén figyeltek meg szignifikáns különbséget. Az eredmények alapján úgy tűnik, a vizsgált lipicai lóállomány legalább annyira homogén a testméretek tekintetében, mint a korábban vizsgált melegvérű fajták egyedei. Mindemellett megállapítható, hogy a testméretek és a testarány-indexek alapján a vizsgált lipicai fajtájú lovak egyértelműen elkülönülnek a korábban értékelt fajták egyedeitől.

Kulcsszavak: lipicai, testméret, testarány index

SUMMARY

Objective: Body measurements of 49 adult, 32 mare, 10 stallion and 7 gelded horses from Lipizzaner breed in 3 studs were evaluated. Furthermore phenotypic correlation coefficients and some body measure indices were determined. This study aimed to see, how affect the sire, stud, sex and age on body measurements.

Methods: The database was analyzed by multi-factor analysis of variance (General Linear Model).

Results: The overall mean of the evaluated 6 traits were as follows (mean \pm SE): height at withers with stick 157.6 \pm 1.4 cm, height at withers with tape 167.1 \pm 1.5 cm, height of rump 157.5 \pm 1.6 cm, length of body 173.5 \pm 1.4 cm, hearth girth 190.5 \pm 2.9 cm and cannon girth front left 21.4 \pm 0.3 cm. The body measure indices were as follows: quadratic index 93.1, caliber index 157.6, overbuilt index 99.4 and body index 89.4. Contrary to expectations, no significant differences were found between the examined studs. No significant differences were found between the sexes for a single body measurement. Only the height at withers with stick was observed significant differences between the age categories.

Conclusions: According the results it appears, that the examined Lipizzaner horses at least as a homogeneous in respect body measurements, as a previously studied warm-blooded breeds. However, it can be established, that according to the body measurements and body measure indices, the examined Lipizzaner horses are clearly separated from the earlier evaluated breeds.

Keywords: Lipizzaner, body measurements, body measure indices

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

A lipicai fajta eredete több mint 400 évre nyúlik vissza, amikor 1580. május 19-én döntés született egy hercegi ménes felállításáról a köves, karszt-tetőn fekvő Lipicán. A császári udvar számára kívántak itt kiváló, tűrőképes, a pompát, a gazdagságot minden jellegében mutató lovat előállítani. A tenyésztés a kor divatjának megfelelően spanyol lovakkal indult, de egész Európában kutattak olyan mének és kancák után, amelyek a kívánt célt biztosítani látszottak. A lipicai azon kevés fajták egyike, amelyet kezdetektől reprezentatív célokra szántak, így nem dolgozott sem a hadseregben, sem a mezőgazdaságban (Tóth és Várady, 1980).

Hosszú tenyésztői múltja miatt a lipicai meglehetősen konszolidált fajta. Ennek ellenére tenyészkörzetében (az egyes országokban) némi küllemi sajátosságok, különbségek tapasztalhatók. Példa erre a testtömeghez képest elég nagy kosfej, amely azonban nem túl durva, vagy burkolt. A romániai és horvátországi tenyészetekben a fej profilvonala csak egész enyhén ívelt, inkább az egyenes fej az általános (Tenyésztési program, 2017). Hasonló mondható el a testnagyság és a testméretek tekintetében is, melyet Zechner és mtsai (2001) részletesen ismertettek. A lipicai fajtában a küllemi tulajdonságok néhány populációgenetikai paraméterének vizsgálatáról Baban és mtsai (1998) számoltak be.

A nevezett néhány forrásmunkán túl a lipicai fajta külleméről meglehetősen kevés számszerű adatot és információt találunk a hazai és a nemzetközi szakirodalomban. A különböző szerzők által közölt testmérési adatokat az 1. táblázatban mutatjuk be.

1. táblázat:

A lipicai fajtájú lovak testmérési a szakirodalomban

Testméret (1)	Érték (2)	Forrás (3)
Marmagasság bottal (4)	148 - 160 cm	Schandl (1955); Mihók és mtsai (2001)
	150 - 158 cm	Ócsag és Fehér (1976); Zechner és mtsai (2001)
	150 - 160 cm	Döhrmann (1926); Hámori (1946)
	155 - 170 cm	Edwards (1995); Sambraus (2002)
Farmagasság (5)	154 cm	Zechner és mtsai (2001)
Övméret (6)	176 - 190 cm	Hámori (1946); Ócsag és Fehér (1976); Schandl (1955)
	185 - 197 cm	Mihók és mtsai (2001); Zechner és mtsai (2001)
Szárkörméret (7)	19 cm	Hámori (1946)
	20 cm	Schandl (1955); Ócsag és Fehér (1976)
	21 - 23 cm	Mihók és mtsai (2001); Zechner és mtsai (2001)
Törzshosszúság (8)	153 cm	Ócsag és Fehér (1976)
	165 cm	Zechner és mtsai (2001)

Table 1: Body measurements of Lipizzaner breed according to different authors

body measurements (1); data (2); authors (source) (3); height at withers measured with stick (4); height of rump (5); hearth girth (6); cannon girth (7); body length (8)

A Magyar Lipicai Lótenyésztők Országos Egyesületének *Tenyésztési Programjában* (2017) is találunk adatokat a testméreteket illetően. Ezek szerint a kifejlett lipicai lovak standard méretei a következők: bottal mért marmagasság 152-162 cm, szalaggal mért marmagasság 163-171 cm, övméret 185-197 cm, szárkörméret 21-23 cm.

A lipicai jelenleg a tenyésztésben tartott egyedek létszámát tekintve a kis létszámú fajták közé sorolható (*Bene és mtsai, 2012a; Luptyák, 2018*). A tenyésztők fő feladata a jövőben a létszám szinten tartása és növelése mellett a sportra (díjlovaglás, fogathajtás) alkalmas lovak tenyésztése, ill. a méntörzsek és kancacsaládok fenntartása lenne (*Tenyésztési Program, 2017*). Ehhez viszont okvetlenül szükséges az, hogy a ma élő állományról a lehető legtöbb információt összegyűjtsük, a fajta származása és teljesítménye mellett a küllemi adatbázisát is bővítsük. Ez különösen fontos feladat lenne, hiszen a meglévő (elsősorban küllemi) adatok jelentős része 50 éve (*Hámori, 1946; Schandl, 1955*), vagy még régebben (*Kovácsy és Monostori, 1892*) íródott szakkönyvekből származik.

A fentiek tükrében vizsgálatunk célja újabb adatok és információk gyűjtése volt a lipicai fajtájú lovak objektíven mérhető küllemi paramétereiről. Dolgozatunkban a kifejlett állatok testméreteit, a különböző tenyészetekből származó, különböző ivarú és korú lovak testméreteinek különbözőségét, a testarány-indexeket, valamint a testméretek között számított fenotípusos korrelációs értékeket mutatjuk be. Hangsúlyozni szeretnénk, hogy jelen munkánkban elsődlegesen az adatközlésre, az adatok „nyers”, objektív bemutatására és összevetésére koncentráltuk.

2. Anyag és módszer

Munkánk során három hazai lipicai tenyészetben (Fiad, Kutas-Kozmapusztá, Szentgyörgyvár) összesen 49 kifejlett lipicai ló 6 testméretét vettük fel és értékeltük. A vizsgált lovak közül 32 kanca, 10 mén, 7 pedig herélt volt. A mének és a herélt lovak adatbázisát számításink során együtt kezeltük. A vizsgálatba vont állatok közül a legfiatalabb 4, a legidősebb pedig 18 éves volt, ezért munkánk során négy korcsoportot (6 évnél fiatalabb, 6-9 éves, 9-12 éves, 12 évnél idősebb) alakítottunk ki. A 49 értékelt ló 20 apától származott.

A testméret-felvételzés hagyományos eszközökkel (mérőbottal és mérőszalaggal) történt. A mérések 1 cm-es pontossággal történtek. A testméreteket, azok felvételének módját, a mérés menetét, valamint a mérési pontokat korábbi munkáinkban (*Bene és mtsai, 2009; Nagy és mtsai, 2009*) részletesen bemutattuk, így azokat itt nem részletezzük. A testméret-felvételzések 2018-ban történtek.

A felvett hat testméret a következő volt: marmagasság bottal (MMB), marmagasság szalaggal (MMS), farmagasság (FMA), törzshosszúság (THO), övméret (ÖVM), illetve bal mellső lábon mért szárkörméret (SZB).

A vizsgált testméreteket többtényezős varianciaanalízissel (*General Linear Model*) értékeltük. A modellek összeállítása során az apát véletlen (random), a többi vizsgált tényezőt - azaz a tenyészetet, a lovak ivarát, valamint az életkor kategóriát (a fentiek szerint) - fix hatásként vettük figyelembe. A munka során mind a 6 tulajdonságot egymástól külön kezeltük és külön-külön modellszámítást (futtatást) végeztünk. Az alkalmazott becslő modellek általános alakját (az övméretet példaként használva) a következőképp írtuk fel:

$$\hat{y}_{hijk} = \mu + A_h + T_i + I_j + K_k + e_{hijk}$$

(Ahol \hat{y}_{hijk} = „h” apától, „i” tenyészetben, „j” ivarú, „k” korú ló övmérete (ill. a fentiek szerint - értelemszerűen - a többi vizsgált értékmérő tulajdonsága); μ = az összes megfigyelés átlaga; A_h = az apa hatása; T_i = tenyészet hatása; I_j = az ivar hatása; K_k = a mérés kori életkor hatása; e_{hijk} = véletlen hiba).

Valamennyi testméret esetén a hatások szignifikancia vizsgálatát is elvégeztük. Azokban az esetekben, ahol az *F-próba* szignifikáns különbséget mutatott, a csoportok közti különbségek kimutatására - homogén variancia esetén - *Tukey* tesztet használtunk.

Az adatbázis normál eloszlásának ellenőrzésére *Shapiro-Wilk* tesztet használtunk. A varianciák homogenitásának vizsgálata *Levene* tesztel történt.

A lipicai lovak testméreti adatai között fenotípusos korrelációs együtthatókat határoztunk meg.

Munkánk utolsó részében meghatároztunk néhány testarány indexet is (*Bodó és Hecker, 1992; Zechner és mtsai, 2001; Cabral és mtsai, 2004; Druml és mtsai, 2008*). Ezek számítási módját korábban (*Bene és mtsai, 2009*) bemutattuk.

Az adatok előkészítése Microsoft Excel 2003 és Word 2003 programokkal történt. Az adatbázis kiértékelését - azaz a többtényezős varianciaanalízis futtatását - *Harvey (1990) „Least Square Maximum Likelihood”* eljárása szerint, „*Harvey*” programmal végeztük. A fenotípusos korrelációszámításhoz a MS Excel statisztikai csomagját alkalmaztuk.

3. Eredmények és értékelésük

A 2. táblázatban az apa, a tenyészet, az ivar és az életkor kategória hatását mutatjuk be az értékelt tulajdonságokra. Összességében a vizsgált tényezők csak nagyon kis mértékben befolyásolták a testméreteket. Az életkor hatását a bottal mért marmagasság esetén statisztikailag megbízhatónak ($p < 0,05$) találtuk. Ezen kívül egyik tényező hatását sem tudtuk egyik testméret esetén sem bizonyítani. Korábbi vizsgálataink során (*Bene és mtsai, 2012b, 2014 stb.*), más lófajtákban az itt tapasztaltakhoz részben hasonló eredményeket kaptunk.

Az adatok normál eloszlását mind a hat testméret esetén igazolni tudtuk ($p > 0,05$). A *Levene* teszt eredményei alapján megállapítható, hogy a varianciák valamennyi testméret esetén homogénnek bizonyultak ($p > 0,05$).

A vizsgált tulajdonságok főátlagát, valamint a különböző tényezők befolyásoló hatását a 3. táblázatban foglaltuk össze. A teljes populáció átlagában a bottal mért marmagasság $157,6 \pm 1,4$ cm, a szalaggal mért marmagasság $167,1 \pm 1,5$ cm, a farmagasság $157,5 \pm 1,6$ cm, a törzshosszúság $173,5 \pm 1,4$ cm, az övméret $190,5 \pm 2,9$ cm, a bal mellső lábon mért szárkörméret pedig $21,4 \pm 0,3$ cm volt.

A 4. táblázatban a lipicai fajta esetén mért adatainkat összevetettük a korábban értékelt tradicionális lófajták eredményeivel. Ez alapján megállapítható, hogy a lipicai lovak kisebb marmagassággal, nagyobb törzshosszúsággal és nagyobb szárkörmérettel rendelkeztek, mint a korábban mért melegvérű fajták egyedei. A bottal mért marmagasság, az övméret, a szárkörméret és a törzshosszúság esetén mért adataink egyezőek voltak a hazai szakirodalomban fellelhető információk (*Döhrmann, 1926; Schandl, 1955; Ócsag és Fehér, 1976; Bodó és Hecker, 1992; Mihók és mtsai, 2001 stb.*) túlnyomó részével.

2. táblázat:

A vizsgált tényezők hatása az értékelt tulajdonságokra

Tényezők (1)		Testméretek (2)						Össz. (3)
		MMB	MMS	FMA	THO	ÖVM	SZB	
Apa (4)	p	NS	NS	NS	NS	NS	NS	-
	%	15,21	16,75	12,97	22	14,02	10,38	100,00
Tenyészet (5)	p	NS	NS	NS	NS	NS	NS	-
	%	0,18	20,85	0,88	40,26	31,44	23,42	100,00
Ivar (6)	p	<0,10	NS	<0,10	NS	NS	<0,10	-
	%	37,84	13,81	51,4	9,2	0,06	47,55	100,00
Életkor kategória (7)	p	<0,05	NS	NS	NS	NS	NS	-
	%	36,96	30,41	20,3	11,59	30,59	5,05	100,00
Hiba (8)	%	9,81	18,18	14,45	16,95	23,89	13,6	100,00
Shapiro-Wilk teszt ^a (9)	p	0,09	0,50	0,06	0,02	0,48	0,08	-
Levene teszt ^b (10)	p	0,97	0,92	0,95	0,25	0,89	0,76	-

^aHa $p > 0,05$, a normál eloszlás igazolt (11); ^bHa $p > 0,05$, a homogenitás igazolt (12); MMB = marmagasság bottal (13); MMS = marmagasság szalaggal (14); FMA = farmagasság (15); THO = törzshosszúság (16); ÖVM = övméret (17); SZB = bal mellső szárkörméret (18)

Table 2: The effect of the factors on the estimated traits

factors (1); body measurements (2); total (3); sire (4); stud (5); sex (6); age category (7); error (8); Shapiro-Wilk test (9); Levene test (10); if $p > 0,05$, the normal distribution is confirmed (11); if $p > 0,05$, the homogeneity is confirmed (12); height at withers with stick and tape (13, 14); height of rump (15); length of body (16); hearth girth (17); cannon girth front left (18)

3. táblázat:

A testméretek alakulása a vizsgált tényezők szintjein

Tulajdonságok (1)	N	MMB (cm)	MMS (cm)	FMA (cm)	THO (cm)	ÖVM (cm)	SZB (cm)
Főátlag ± SE (2)	49	157,6 ± 1,4	167,1 ± 1,5	157,5 ± 1,6	173,5 ± 1,4	190,5 ± 2,9	21,4 ± 0,3
Eltérés a főátlagtól (cm) (9)							
Apa száma (3)							
- 1603	1	-12,1	-11,9	-12,3	+0,6	-9,6	-0,9
- 1946	5	+1,0	+1,5	+0,3	+3,0	+4,0	+0,7
- 2697	4	+2,1	+1,5	+0,2	-4,4	+1,1	+0,1
- 2999	1	+0,5	+2,3	+2,9	+9,1	+7,8	-0,3
- 3363	1	-4,1	-3,9	+2,7	+0,6	+2,4	-0,9
- 3550	1	-1,5	+1,7	+2,0	-3,1	-6,0	-1,8
- 3555	1	+2,7	-1,6	+1,9	-9,4	-1,6	-1,1
- 3574	1	-16,1	-12,9	-12,3	-2,4	-8,6	-1,9

Tulajdonságok (1)	N	MMB (cm)	MMS (cm)	FMA (cm)	THO (cm)	ÖVM (cm)	SZB (cm)
Főátlag±SE (2)	49	157,6±1,4	167,1±1,5	157,5±1,6	173,5±1,4	190,5±2,9	21,4±0,3
Eltérés a főátlagtól (cm) (9)							
- 3758	1	-4,3	-2,8	-2,4	-0,6	-1,3	+1,0
- 3762	2	-8,7	-5,8	-7,9	+2,0	-12,0	+0,1
- 3950	1	-4,3	-3,9	-5,9	+3,9	-2,1	+0,3
- 3974	1	-4,3	-1,8	-4,9	-1,6	-0,3	+0,5
- 4101	3	+0,5	+1,7	+0,4	+1,2	+7,9	-0,3
- 4325	1	+9,7	+5,4	+5,9	-11,4	-9,6	-0,1
- 4339	4	+6,5	+5,1	+6,2	-0,5	+8,4	+0,5
- 4347	15	+7,4	+5,1	+6,2	-0,1	+4,3	-0,5
- 4506	1	+7,5	+5,3	+1,9	+7,1	-2,2	+1,7
- 4508	2	+8,0	+5,3	+6,5	+0,4	+4,1	+1,0
- 4617	1	+5,7	+3,8	+2,0	+6,6	+5,5	+1,6
- 5286	2	+3,9	+5,6	+6,7	-1,2	+7,9	+0,1
Tenyészet (4)							
- Fiad	28	+0,1	+0,2	+0,8	-3,0	-0,2	-0,1
- Kutas	10	-0,5	+3,6	-0,1	+5,2	+7,9	+1,0
- Szentgyörgyvár	11	+0,3	-3,9	-0,7	-2,3	-7,7	-0,8
Ivar (5)							
- Mén és herélt (6)	17	+2,0	+1,0	+2,3	-0,8	+0,1	+0,4
- Kanca (7)	32	-2,0	-1,0	-2,3	+0,8	-0,1	-0,4
Életkor kat. (év) (8)							
- < 6	12	^a -2,9	-1,4	-3,2	+1,7	-7,1	+0,1
- 6-9	10	^a -3,8	-3,1	-3,5	-1,6	+2,0	+0,3
- 9-12	11	^a -1,7	-1,1	+0,4	-0,1	-0,4	-0,5
- 12<	16	^b +8,3	+5,6	+6,3	+0,1	+5,4	+0,1

MMB = marmagasság bottal (10); MMS = marmagasság szalaggal (11); FMA = farmagasság (12); THO = törzshosszúság (13); ÖVM = övméret (14); SZB = bal mellső szárkörméret (15); az azonos betűt nem tartalmazók egymástól szignifikánsan ($p < 0,05$) különböznek (16)

Table 3: Changes of body measurements at the levels of the examined factors

traits (1); grand mean (2); identity number of sire (3); stud (4); sex (5); stallion and gelding (6); mare (7); age category (8); distance from grand mean (9); height at withers with stick and tape (10, 11); height of rump (12); length of body (13); hearth girth (14); cannon girth front left (15); treatments without the same superscript differ significantly ($p < 0,05$) (16)

4. táblázat:

A lipicai fajta eredményeinek összevetése a korábban mért fajták adataival

Fajta (1)	Angol telivér ^a (2)	Gidrán ^b (3)	Nóniusz ^c (4)	Magyar sportló ^d (5)	Magyar hidegvérű ^e (6)	Furioso - north star ^f	Lipicai (7)
Testméretek (cm) (8)							
MMB	160,9	162,5	164,7	165,7	159,8	161,4	157,6
MMS	168,8	167,6	174,3	174,8	170,1	171,9	167,1
FMA	159,9	161,2	161,7	163,0	160,0	158,2	157,5
THO	163,3	165,7	171,7	169,1	173,4	164,6	173,5
ÖVM	192,1	192,7	198,3	196,3	212,2	188,4	190,5
SZB	19,8	19,9	21,1	20,6	24,8	20,4	21,4
Testarány-indexek (indexpont) (9)							
KVI	98,5	98,1	95,9	98,0	92,2	97,6	93,1
SÚI	146,9	145,2	154,2	147,3	206,1	145,1	157,6
TEI	85,0	86,0	86,6	86,1	81,7	87,8	89,4

források: ^aNagy és mtsai (2011); ^bNagy és mtsai (2009); ^cBene és mtsai (2012b); ^dBene és mtsai (2014); ^eBene és mtsai (2011); ^fBene és Deák (2016) (10); MMB = marmagasság bottal (11); MMS = marmagasság szalaggal (12); FMA = farmagasság (13); THO = törzshosszúság (14); ÖVM = övméret (15); SZB = bal mellső szárkörméret (16); KVI = kvadratkussági index (17); SÚI = súlyindex (18); TEI = test index (19)

Table 4: Comparison the results with earlier measured breeds

breed (1); Thoroughbred (2); Gidran (3); Nonius (4); Hungarian Sport Horse (5); Hungarian Cold Blooded Horse (6); Lipizzaner (7); body measurements (cm) (8); body indices (point) (9); sources (10); height at withers with stick and tape (11, 12); height of rump (13); length of body (14); hearth girth (15); cannon girth front left (16); quadratic index (17); caliber index (18); body index (19)

Az apák ivadékcsoportjai között valamennyi testméret esetén számottevő eltéréseket tapasztaltunk. Ezeket a különbségeket a nagyon szerény létszám következtében statisztikailag bizonyítani nem tudtuk. A két ivar között egyetlen testméret esetén sem találtunk statisztikailag megbízható különbséget. Az életkor kategóriák között viszont a bottal mért marmagasság esetén szignifikáns eltérést figyeltünk meg a négy csoport eredménye között. Várakozásainknak megfelelően az idősebb lovak magasabbak voltak a fiatalabb társaiknál. Várakozásainkkal ellentétben a tenyészet hatását sem találtuk bizonyíthatónak. Az adat-felvétel-éskor szerzett benyomásaink alapján azt vártuk, hogy a kutasi lovak nagyobbak lesznek a másik két tenyészetben lévő társaiknál.

Az 5. táblázatban a testméretek között számolt fenotípusos korrelációs értéket tüntettük fel. A testméreti adatok közötti kapcsolat a legtöbb esetben pozitív irányú, közepes, vagy annál erősebb szorosságú volt. A legszorosabb kapcsolatot magassági méretek között találtuk ($r = 0,78-0,84$; $p < 0,01$). Az övméret a szalaggal mért marmagassággal $r = 0,55$ ($p < 0,01$) korrelációs értéket mutatott, ami alátámasztja e két kondíciófüggő paraméter kapcsolatáról meglévő szakirodalmi információkat. A farmagasság és a törzshosszúság, valamint a törzshosszúság

és az övméret között számított korrelációs együtthatók statisztikai értelemben nem voltak megbízhatók. A kapott korrelációs együtthatók a korábbi vizsgálataink során (*Bene és mtsai, 2012b, 2014 stb.*) számított értékekhez összességében hasonlóak voltak.

5. táblázat:

A testméretek között számított fenotípusos korrelációs értékek

r	MMS	FMA	THO	ÖVM	SZB
MMB	*0,83	*0,84	*0,32	*0,29	*0,61
MMS		*0,78	*0,48	*0,55	*0,63
FMA			NS	#0,32	*0,52
THO				NS	*0,44
ÖVM					*0,42

*p<0,01; #p<0,05; MMB = marmagasság bottal (1); MMS = marmagasság szalaggal (2); FMA = farmagasság (3); THO = törzshosszúság (4); ÖVM = övméret (5); SZB = bal mellső szárkörméret (6)

Table 5: Phenotype correlation values between the body measurements

height at withers with stick (1); height at withers with tape (2); height of rump (3); length of body (4); hearth girth (5); cannon girth front left (6)

A 6. táblázatban a lipicai lovak számított testarány indexeit mutatjuk be. Korábbi vizsgálataink eredményeivel összevetve (4. táblázat) megállapítható, hogy a lipicai fajta kvadratikussági indexe elmaradt a többi fajtától. Ez a megállapítás várakozásainktól, illetve a *Tenyésztési szabályzatban* (2017) meghatározottaktól eltért. Ezzel szemben a súlyindex tekintetében a lipicai lovak még a nagyramájú nóniusznál is nagyobbak bizonyultak. A túlnőttiségi index alakulása várakozásainknak, korábbi eredményeinknek és a meglévő szakmai axiómáknak megfelelő volt.

6. táblázat:

Testarány-indexek

Testarány indexek (1)	Tenyészet (2)			Összesen (3)
	Fiad	Kutas	Szentgyörgyvár	
Kvadratikussági index (4)	93,5	91,9	93,2	93,1
Súlyindex (5)	155,9	170,1	150,5	157,6
Túlnőttiségi index (6)	99,7	99,6	99,0	99,4
Test index (7)	88,9	87,4	93,0	89,4
Szerkezeti index (8)	2,3	2,5	2,1	2,3

Table 6: Body measure indices

name of body measurement index (1); stud (2); total (3); quadratic index (4); caliber index (5); overbuilt index (6); body index (7); conformation index (8)

A 7. táblázatban az általunk mért adatokat hasonlítottuk össze a *Tenyésztési szabályzatban* (2017) szereplő értékekkel. Megállapítható, hogy az általunk bottal és szalaggal mért marmagasság, övméret, valamint bal mellső lábon mért szárkörméret adatok megfeleltek a szabályzat előírásainak. A farmagasságra és a törzshosszúságra vonatkozóan nem találtunk információt, így ezen eredmények ütköztetésére nem volt lehetőségünk.

4. Következtetések, javaslatok

Három hazai ménesből származó, 49 különböző korú és ivarú lipicai ló testméret-felvételezési eredményeinek a vizsgálatát követően az alábbi megállapításokat tehetjük:

A munkánk során mért paraméterek közül a leggyakrabban használt testméretek (marmagasság, övméret, szárkörméret) adatai megegyeztek a meglévő szakirodalmi forrásokban talált értékek nagy részével. E testméretek hasonlóak voltak azokhoz az adatokhoz is, melyeket a Magyar Lipicai Lótenyésztők Országos Egyesületének Tenyésztési Programjában találtunk. Vizsgálatunk során újszerű, kísérletes adatokkal igazoltuk, hogy a fajtáról meglévő, ide vonatkozó küllemi információk helytállóak. A dolgozatunkban szereplő további két testméretről, a farmagasságról és a törzshosszúságról alig, vagy egyáltalán nem találtunk adatokat a szakirodalomban. Ezek esetében jelen vizsgálatunk számszerű eredményei újabb (újszerű) adatokat szolgáltathatnak a lipicai lófajta küllemének, testméreteinek pontosabb megítéléséhez.

7. táblázat:

Az eredmények összehasonlítása a tenyésztési szabállyal

Testméret (1)	Mért adatok átlaga \pm SE (cm) (2)	Tenyésztési szabályzat (cm) (3)
MMB	157,6 \pm 1,4	152-162
MMS	167,1 \pm 1,5	163-171
FMA	157,5 \pm 1,6	-
THO	173,5 \pm 1,4	-
ÖVM	190,5 \pm 2,9	185-197
SZB	21,4 \pm 0,3	21-23

MMB = marmagasság bottal (4); MMS = marmagasság szalaggal (5); FMA = farmagasság (6); THO = törzshosszúság (7); ÖVM = övméret (8); SZB = bal mellső szárkörméret (9)

Table 7: Comparison the results with the data in breeding regulation

body measurement (1); grand mean (2); data in breeding regulation (3); height at withers with stick (4); height at withers with tape (5); height of rump (6); length of body (7); hearth girth (8); cannon girth front left (9)

Mindemellett úgy gondoljuk, hogy a törzshosszúságot, mint objektíven mérhető küllemi paramétert be lehetne emelni a fajtasztenderdbe is. A törzshosszúság mérésével és törzskönyvezésével nagyban elő lehetne segíteni a kvadratikusság irányába mutató munka hatékonyságát is. Véleményünk szerint számottevően

javíthatná a küllemi tulajdonságokra irányuló szelekció sikerét az, ha a Tenyésztési Program több objektíven mérhető paraméterre adna meg kívánatosnak tekintett értékeket.

Nem találtunk számottevő különbséget a mének (és herélek), valamint a kancák testméretei között. Eredményeink alapján ismételtelen kijelenthető, hogy ló fajban az ivari dimorfizmus mértéke jóval kisebb annál, mint amit más gazdasági állatfajok esetén tapasztalhatunk.

A lipicai fajtájú lovak testméreti adataiban, valamint a számított testarány indexeikben sem találtunk számottevő különbséget. Eredményeink alapján úgy tűnik, hogy az általunk vizsgált lipicai loállomány a testméretek tekintetében meglehetősen homogénnek tekinthető.

Adatainkat korábbi vizsgálataink eredményeivel összevetve megállapítható, hogy a lipicai lovak a testméretek tekintetében minden korábban vizsgált fajtától különböztek. Kísérletes adataink tükrében úgy gondoljuk, ezt a tendenciát a különböző fajták típus, ráma és testnagyság szerinti besorolásánál célszerű lenne a későbbiekben figyelembe venni.

5. Köszönetnyilvánítás

Ezúton is szeretnénk megköszönni a lipicai tenyészeteknek és tenyésztőknek, nevezetesen az *Acsa 2001 Kft.* (Fiad), a *Bajom Agró Kft.* (Kutas-Kozmapusztá), valamint *Forgács István Zoltán* és kollégái (Szentgyörgyvár) munkáját, akik készségesen segítettek a testméret-felvételezések megszervezésében, a mérés lebonyolításában, valamint a törzskönyvi adatok összegyűjtésében.

6. Felhasznált irodalom

- Baban, M. – Rastija, T. – Caput, P. – Knezevic, I. – Stipic, N.* (1998): Estimation of heritability of Lipizzaner horses for morphological traits by means of various methods. *Czech. J. Anim. Sci.*, 43. 299–303.
- Bene Sz. – Deák Sz.* (2016): Furioso - north star mének és kancák testméretei különböző életkorban. *Állatteny. Tak.*, 65. 40–54.
- Bene Sz. – Giczi A. – Kecskés B. S. – Nagy B.* (2014): Különböző fajtájú tenyészkanccák élősúlya és testméretei. 11. közlemény: A magyar sportló. *Állatteny. Tak.*, 63. 14–27.
- Bene Sz. – Giczi A. – Nagy B.* (2012b): Különböző fajtájú tenyészkanccák élősúlya és testméretei. 9. közlemény: A nőniusz. *Állatteny. Tak.*, 61. 73–86.
- Bene Sz. – Giczi A. – Szabó F.* (2012a): Különböző fajtájú mének STV eredménye hazánkban 1998–2010 között. 1. közlemény: A melegvérű fajták hámos hasznosításban. *Állatteny. Tak.*, 61. 1–16.
- Bene Sz. – Nagy B. – Szabó F.* (2009): Különböző fajtájú tenyészkanccák élősúlya és testméretei. 1. közlemény: Irodalmi áttekintés. *Állatteny. Tak.*, 58. 213–230.
- Bene Sz. – Nagy B. – Nagy Zs. – Kiss B. – Zsuppán Zs. – Gulyás L. – Szabó F.* (2011): Különböző fajtájú tenyészkanccák élősúlya és testméretei. 6. közlemény: A magyar hidegvérű. *Állatteny. Tak.*, 60. 165–183.
- Bodó I. – Hecker W.* (1992): Lótenyésztők kézikönyve. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 149–150.
- Cabral, G. C. – de Almeida, F. Q. – Quirino, C. R. – de Azevedo, P. C. N. – Batista Pinto, L. F. – Santos, E. M.* (2004): Avaliação morfométrica de equinos da raça Mangalarga Marchador: índices de conformação e proporções corporais. *Rev. Bras. Zootec.*, 33. 1798–1805. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982004000700018>

- Döhrmann H. (1926): Magyarország állattenyésztése. II. kötet: Lótenyésztés. "Patria" Irodalmi Vállalat és Nyomdai Rt., Budapest. 23–33.
- Druml, T. – Baumung, R. – Sölkner, J. (2008): Morphological analysis and effect of selection for conformation in the Noriker draught horse population. Liv. Sci., 115. 118–128. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2007.06.015>
- Edwards, E. H. (1995): Lovak. Panemex-Grafó Kft., Budapest. 140–144.
- Harvey, W. R. (1990): User's guide for LSLMW and MIXMDL PC–2 version Mixed Model Least–Squares and Maximum Likelihood Computer Program. The Ohio State University. Columbus, OH.
- Hámori D. (1946): Lótenyésztés. Atheneum Kiadó, Budapest. 143–172.
- Kovácsy B. – Monostori K. (1892): A ló és tenyésztése. Koczányi és Vitéz, Kassa. 380–381.
- Luptyák L. M. (2018): Küllemi paraméterek értékelése a lipicai fajtában. Állattenyésztő mérnök BSc szakdolgozat, Keszthely.
- Mihók S. – Pataki B. – Kalm, E. – Ernst J. (2001): Gazdasági állataink – Fajtatan. Ló és számár. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 23–25.; 54.; 85–103.; 206.
- Nagy B. – Bene Sz. – Bem J. – Fördös A. – Szabó F. (2009): Különböző fajtájú tenyészkanccák élősúlya és testméretei. 2. közlemény: A gidrán. Állatteny. Tak., 58. 327–340.
- Nagy Zs. – Nagy B. – Kiss B. – Zsuppán Zs. – Szabó F. – Bene Sz. (2011): Különböző fajtájú tenyészkanccák élősúlya és testméretei. 4. közlemény: Az angol telivér. Állatteny. Tak., 60. 135–150.
- Ócsag I. – Fehér D. (1976): Lótenyésztés. In: Horn A. (szerk.): Állattenyésztés II. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest. 384–397.
- Sambraus, H. H. (2002): Haszonállatok színes atlasza. Szegedi Kossuth Nyomda. 21–26.
- Schandl J. (1955): Lótenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 13–18.; 97–138.
- Tenyésztési Program (2017): Magyar Lipicai Lótenyésztők Országos Egyesülete, Tök.
- Tóth L. – Várady J. (1980): A lipicai ló Magyarországon. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest. 19–20.
- Zechner, P. – Zohman, F. – Sölkner, J. – Bodó, I. – Habed, F. – Martie, E. – Bremf, G. (2001): Morphological description of the Lipizzan horse population. Liv. Prod. Sci., 69. 163–177. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(00\)00254-2](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(00)00254-2)

Érkezett: 2024. január

Szerzők címe: Luptyák, L. M. - Polgár, J. P. - 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.
*levelező szerző, e-mail: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

A 2023-BAN SIKERESEN MEGVÉDETT PHD DISSZERTÁCIÓK ÖSSZEFOGLALÓI - HARMADIK RÉSZ

(SUMMARIES OF PHD DISSERTATIONS IN THE YEAR OF 2023 - PART THREE)

A mezőhegyesi történelmi lófajták populációgenetikai értékelése

Genetic assessment of historical Hungarian horse breeds from Mezőhegyes

KLEIN Renáta

Debreceni Egyetem

(*University of Debrecen*)

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

(*Doctoral School of Animal Science*)

Debrecen, 2023.

Témavezető (supervisor): POSTA János PhD

ÖSSZEFOGLALÁS

A kutatás célja a három őshonos, nemzeti kincsként védett mezőhegyesi eredetű lófajta (a gidrán, a nóniusz és a furioso-north star) pedigreeelemzéssel végzett populációgenetikai állapotfelmérése. Kiemelt figyelemmel a genetikai variabilitásra és a beltenyésztettségre, amelyet több számítási módon is meghatároztam.

A munka alapját egy Microsoft Access adatbázis felépítése adta, amely tartalmazta az egyes egyedek nevét, ivarát, apja nevét, anyja nevét, születési idejét, fajtáját, és azonosítóját. Az alapadatokat az egyes fajták tenyésztő egyesületei bocsátották rendelkezésemre. Ezt a három adatbázist fésültem és kapcsoltam össze, majd online adatbázisok, méneskönyvek, szakirodalmi források és származási lapok használatával kiegészítettem. Az elemzéshez felhasznált végleges adattábla 47682 egyed adatait tartalmazta. A vizsgálat során a fajták 2019-ben aktív, törzskönyvi ellenőrzésben tartott állományokat választottam referencia populációknak. A referencia populációkra különböző populációgenetikai mutatók értékeit határoztam meg. A vizsgálatokat ENDOG, PopRep és Grain szoftverekkel végeztem.

Elsőként a vizsgált állományok pedigreejeltségét értékeltem. Ennek értéke határozza meg az adatbázis minőségét. Minél teljesebb a pedigree, a számított értékek annál pontosabbak. A maximálisan ismert nemzedékek száma mindhárom fajtában meghaladja a 36 generációt. A leghosszabb származású egyed 43 generációra vezethető vissza. A 2019-ben aktív állományokat alkotó 1534 ló 99,3%-ának a 30. ősi sorban is volt ismert felmenője. A teljes ismert ősi sorok száma heterogénebb képet mutatott. A gidránok 6,1, míg a furioso-north star populáció egyedei átlagosan 4,69 teljes ismert generációval rendelkeztek. A nóniusz populáció értéke ehhez közel állt (4,95). A referencia populációkba tartozó egyedek 78,6%-a legalább 5 teljesen ismert nemzedékre visszanyúló származással rendelkezett. A teljes generációs ekvivalens értékek 12,64 és 16,45 közötti intervallumban helyezkedtek el.

Előbbi a nóniusz, utóbbi a gidrán fajtához tartozott. A furioso-north star egyedek átlagos értéke 15,18. A pedigrelteljesség évenkénti alakulását tekintve a gidrán állomány származásai a legteljesebbek. A hosszú pedigrek háttérében a fajták tenyésztése során bevont angol telivér egyedek állnak.

Az elemzés során a nemzedékköz értékeket négy leszármazási úton (ménelőállító mén, kancaelőállító mén, ménnevelő kanca, kancanevelő kanca) határoztam meg. A leghosszabb leszármazási útvonalak minden esetben a ménekhez kötődtek értékük 12,54–12,77 év között változott. Előbbi a nóniuszhoz (ménelőállító mén), utóbbi a gidránhoz (kancaelőállító mén) kapcsolódott. A furioso-north star fajta leghosszabb nemzedékköz értéke 12,64 év a ménelőállító mének leszármazási útvonalán. A négyféle szülő-ivadék leszármazási út megfelelő nemzedékköz értékeit páronként kétmintás t- próbával összehasonlítva a mének leszármazási útjain számított értékek és az egyes kanca leszármazási utak értékei között minden fajta vonatkozásában szignifikáns eltérést tapasztaltam ($p < 0,05$), továbbá a gidrán fajta esetében a két kanca leszármazási útvonal között is. A hosszabb nemzedékköz értékeket egy egyed hosszú ideig tenyésztésben tartása eredményezte, ez idő alatt a genetikai sokféleség nem csökken.

Az alapító ősök tényleges száma a furioso-north star fajtában a legmagasabb (2874), míg a gidrán populáció esetében a legalacsonyabb (1725). A nem alapító ősök tényleges száma szintén ezt a tendenciát követi, 311 egyed a furioso-north star fajtában és 138 a gidrán esetében. Az effektív alapító ősök száma egyaránt 99–99 a gidrán és a furioso-north star fajták referencia populációban, ettől kissé elmarad a nóniusz esetében (95). Az effektív és a valós számok közötti igen nagymértékű különbség miatt a genetikai variabilitás jelentős mértékű csökkenésére következtethetünk. Az effektív számok egymáshoz viszonyított arányának különbsége szembeűnő, a palacknyak hatás mindhárom fajtát sújtotta. A mértéke a gidrán és a nóniusz fajták esetében volt magasabb. A nagymértékű géveszteség okai a fajták tenyésztéstörténetében keresendők. Az alapító ősök genom ekvivalens értéke a gidrán esetében 7,84 a nóniusz esetében 7,97, ezekről magasabb 11,75 a furioso-north star fajtában. A génsodródás mértéke a korábban bemutatott együttműködőkkel összhangban áll, ezért a szélsőértékeket ezúttal is a gidrán (7,9%) és a furioso-north star (12%) fajtákra állapítottam meg. A nóniusz populáció 8,4%-os értéke ezúttal is a gidránhoz állt közel.

A referencia állományok genetikai variabilitása mindhárom esetben csökkent a teljes állományhoz képest. A gidrán és a nóniusz állományok diverzitásának feléért 9–9 egyed felelős, a furioso-north star esetén ez 17, mely némiképp kedvezőbb. A teljes állományokat a furioso-north star és a gidrán esetében leginkább angol telivérek határozzák meg. A fajták telivérezettsége régről jövő, a referencia populációt lefedő genetikai variabilitást leginkább meghatározó angol telivér mének a XVIII-XIX. századból származnak. A referencia populációk genetikai variabilitásáért fajtába tartozó törzsmének és nemesítő egyedek felelősek.

Mindhárom fajta állománya beltenyésztett. A Wright-féle beltenyésztési együttható a furioso-north star fajtában a legalacsonyabb (4,31%), míg a nóniusznál (5,59%) a legmagasabb. A Kalinowski módszere a Wright-féle beltenyésztési együtthatót két részre bontja. Minél magasabb a Kalinowski-féle beltenyésztettség értéke, a jelenleg származásilag azonos allélek annál nagyobb része került a korábbi generációk során már legalább egyszer ilyen állapotba. Míg ha az új Kalinowski-féle mutató

értéke magas, akkor ennek fordítottja igaz. Az új Kalinowski-féle beltenyésztési együtttható értékei kisebbek voltak a Kalinowski-féle együtttható értékeinél, így a beltenyésztés többnyire a múltból származik. A múltban lejátszódott beltenyésztés hányada hasonló volt a vizsgált fajták esetében. Ez valószínűleg a közös kanca-alapnak és az angol telivér ménnek használatának korábbi eredménye.

Az egyes referencia állományokban számos 15–20%, sőt néhány akár 30%-os Wright-féle beltenyésztettségi együttthatóval rendelkező egyed szerepelt. A legmagasabb együttthatóval rendelkező egyedek szülő-ivadék párosításból származnak, azonban az ilyen szoros rokonpárosításból származó egyedek születése elkerülendő. Jelenlétük a populációban megfelelő párosítások esetén a fajta tágabb helyzetére hatást nem gyakorol.

Megvizsgáltam a fajták parciális beltenyésztettségét a fajta- illetve vonalalapító ménekre. Minden fajta esetében bebizonyosodott, hogy a genealógiai vonalak jelentős része nem mutat különösebb beltenyésztettséget az alapító ménre. A fajtáknál genealógiai vonalak és nem genetikai vonalak szerinti tenyésztés zajlik.

A referencia populációkba tartozó egyedek átlagos rokonsági fok értéke a furioso-north star populációnál a legmagasabb (4,08) és a nónius állománynál a legalacsonyabb (3,68), de alapvetően mindhárom populációban mintegy 4%. A teljes állomány értékéhez képest a gidrán és a furioso-north star esetében csökkenés a nóniusznál mutatkozott. Mivel minden fajta vonatkozásában a koefficiens értéke nagyobb, mint a Wright-féle beltenyésztési együtttható fele, az érték megerősíti, hogy nem sikerült elkerülni a rokon egyedek párosítását.

Az effektív populációméret kulcsfontosságú koefficiens a géntartalék-védelem alatt álló fajták esetében. Mindhárom referencia populáció értéke meghaladta a kritikus 50-es határt. A legalacsonyabb együtttható (70,35) a furioso-north star állományt jellemezte. A gidrán és nónius fajták értéke egyaránt 77,67 volt. Mindhárom populáció beleesett a genetikai diverzitás fenntartásához szükséges minimum 50 és 100 közötti intervallumba.

SUMMARY

The aim of the study was to evaluate the population genetic status of the three indigenous horse breeds (Gidran, Nonius, Furioso-North Star) from Mezőhegyes with pedigree analysis. The main focuses were on the genetic variability and the inbreeding, which was measured in several different ways.

The research work was based on a Microsoft Access database, in which the name and sex of each horse, name of sire and dam, date of birth, breed and identification number were registered. The base pedigree information for each breed was given by the appropriate breeding associations. These three databases were connected to each other, and after that completed with the missing data from online databases, studbooks and literature sources. Altogether, there were the pedigree data of 47,682 animals in the database. The active populations in 2019 were chosen as reference population for each breed. Several population genetic coefficient were calculated for these reference populations. Databases were analysed by using the ENDOG, PopRep and GRain software.

First of all, the pedigree completeness was evaluated, as it describes the quality of the dataset. The more complete pedigree allows more precise results.

The average maximum generations were close to 36 generations for each breeds. There was one individual with 43 generations length pedigree. In the active populations almost every horses (99.3%) had ancestors at least 30 generations back. The number mean number of complete generations was more heterogenic. The mean number of complete generations was 6.1 for the Gidran, and 4.69 for the Furioso-North Star. The Nonius (4.95) were close to the Furioso-North Star. At least five generations were completely known for the 78.6% of the animals in the three reference populations. The complete generations equivalent varied between 12.64 and 16.45. The Gidran was the highest and the Nonius was the lowest. The mean number was 15.18 for Furioso-North Star reference population. The pedigree completeness per year was more completed for the Gidran breed. The background of the long pedigrees was the usage of the English Thoroughbred breeding stallions.

The generation interval was measured in four different pathways (sire–daughter, sire–son, dam–daughter, dam–son). The longest pathways were computed for the sire pathways the values varied between 12.54 and 12.77 years. The lower was the Nonius 95 (sire-to-son) and the higher was the Gidran (sire-to-daughter). The sire-to-son pathway was the longest for the Furioso-North Star breed, these value was 12.64 years. The four pathways were compared pairwise for each breed, using independent samples t-test. There were significant differences between the mare and the sire pathways ($p < 0.05$) for the Furioso-North Star and the Nonius breed as sire pathways were approximately two years longer than those of broodmares. Besides the significant different between the sire and dam pathways, dam-to-son and dam-to-daughter pathways was also significantly different for the Gidran breed. The longer breeding time was caused to longer generation interval, in this time the genetic diversity still constant.

The number of founders was the highest for the Furioso-North Star breed (2874), and the lowest for the Gidran population (1725). The tendency of the number of ancestors was similar, there were 311 ancestors for the Furioso-North Star and 138 for the Gidran breed. The effective numbers of founders were both 99 for the Gidran and the Furioso-North Star, and 95 for the Nonius reference population. The difference between the total and the effective numbers was high, so gene loss was considerable. The ratio between the coefficients was reasonable, each breed suffered the bottleneck effect. The values were lower for the Gidran and the Nonius breeds. The reason behind these huge gene losses might be found in their breeding history. The calculated founder genome equivalent was estimated at 7.84 for Gidran, and 7.97 for the Nonius reference population. The value for the Furioso-North Star was higher than that, 11.75. The level of the genetic drift was in the same tendency, the lowest (7.9%) for the Gidran and the highest (12%) for the Furioso-North Star. The Nonius population were close to the Gidran (8.4%).

The genetic variability was decreased in each reference population to the total population. Only 9-9 animals cover the 50% of the genetic variability for Gidran and Nonius breeds, respectively. In the Furioso-North Star population that was a bit higher, 17 horses. The English Thoroughbred horses were most influential for the total populations. The value of the English Thoroughbred gene percentage originated mainly from the past, the most influential stallions responsible for the genetic diversity lived in the 18th and 19th century. The genetic variability for the reference populations was mostly covered by breeding stallions from each breed.

Each reference population was inbred. The Wright inbreeding coefficient was the lowest for the Furioso-North Star (4.31%) and highest for the Nonius population (5.59%). The Wright inbreeding coefficient was split into two parts using Kalinowski's method: alleles which had undergone inbreeding in the past and alleles identical by descent for the first time. The higher the value of Kalinowski coefficient means that the inbreeding was from the past, if the new Kalinowski coefficient was higher the alleles identical by descent for the first time. The estimated new Kalinowski values were smaller than Kalinowski values, so inbreeding originated mostly from the past, and these levels were similar in each breed. This was probably the result of the common mare base and the usage of English Thoroughbred stallions.

There were some highly inbred (15-20%) horses in each reference population, moreover there were a few animals more than 30% Wright coefficients. The individuals with highest coefficient came from father-daughter mating, that type of mating should be avoided. These highly inbred animals are still in the population, but if they will be mated with an appropriate breeding stallion they won't make an effect for the population structure.

The partial inbreeding coefficient was analyzed for each breed to their breed founder and line founder stallions. It was proven for each breed there wasn't high partial inbreeding for these stallions in their genealogical line. In these breeds the breeding method was genealogical and not genetical.

The average relatedness was the highest for the Furioso-North Star (4.08%) and the lowest for the Nonius breed (3.68%), but the value was approximately 4% for each reference population. Compared to the value of the total population the Gidran and the Furioso-North Star were decreased, the Nonius slightly increased. Because the value of the coefficient was higher than the half of the Wright coefficient there were mating between relatives in the breeding.

The effective population size was crucial part in the endangered populations. The coefficient for each reference population was above the critical 50. The lowest effective population size (70.35) was characterized the Furioso-North Star population. The value of the Gidran and the Furioso-North Star were both 77.67. Each population was between 50 and 100, these levels are necessary to maintain the genetic diversity.

Forrás (source): <https://dea.lib.unideb.hu/items/e431960d-7dc4-4ca2-a169-18c5b1d5d01f>

A sügér (*Perca fluviatilis*) intenzív tartás-, és takarmányozási technológiájának fejlesztése

Development of intensive farming and feeding technology of European perch (*Perca fluviatilis*)

MOLNÁR Áron

Debreceni Egyetem
(*University of Debrecen*)
Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
(*Doctoral School of Animal Science*)
Debrecen, 2023.
Témavezető (supervisor): FEHÉR Milán PhD

ÖSSZEFOGLALÁS

A doktori kutatásom során a hazánkban őshonos ragadozó halfajok közé tartozó sügér tartás- és takarmányozási technológiájának fejlesztési lehetőségeit tanulmányoztam. A halfaj takarmányozási technológiájának fejlesztése során vizsgáltam többek között a közönséges lisztbogár lárvá takarmányként történő felhasználását és beillesztését intenzív körülmények között.

A sügérrrel kapcsolatos tartástechnológiai kutatások első lépéseként meghatároztam az ideális medenceszint, a kísérlet során a halnevelő medence eltérő részein a különböző színek kontrasztjának (világosszürke, fekete) hatását vizsgáltam a halak termelési- és antioxidáns paramétereire. Később meghatároztam az ideális takarmányozási intenzitást egy 6 hetes vizsgálat keretében, ahol azonos takarmánymennyiség, de különböző mennyiségben és időszakban került kietetésre. A tartástechnológia fejlesztését célzó vizsgálatok harmadik szakaszában meghatároztam a sügér neveléshez kedvező megvilágítást és zavarossági (NTU) szintet.

Az eredmények értékelése során megállapítottam, hogy a sügér intenzív nevelése során a fekete aljú, világos oldalfalú medence statisztikailag igazoltan kedvező hatást gyakorol a termelési- és antioxidáns paraméterekre. A sötét oldalfalú, világos aljú kombináció kedvezőtlenebb eredményeket produkált, így az nem javasolható a juvenilis korosztály esetében. Az optimális takarmányozás intenzitás meghatározására irányuló kísérlet eredményei alapján megállapítottam, hogy azonos takarmányadag különböző napszakokban és adagokban való kietetése nem befolyásolja a halak termelési paramétereit ebben a korosztályban. Eredményeim alapján a sügér intenzív nevelése során a mérsékelt megvilágítás és az enyhén zavaros vízatlátszóság javasolható.

A haltakarmányok fő fehérjehordozója a halliszt, amely napjainkban a tengerek túlhalászata miatt egyre korlátozottabb mennyiségben áll rendelkezésre. A halliszt kiváltása az akvakultúra egyik legégetőbb problémája jelenleg, amely csak alternatív fehérjeforrásokra alapozott takarmányozási technológiák kidolgozásával oldható meg. A rovarfehérje az egyik olyan potenciális fehérje hordozó, amelynek kiváló tápértéke, illetve emellett előállítása minimális környezeti terhelés mellett valósítható meg. A közönséges lisztbogár lárvá a hazai klimatikus viszonyok mellett

kiválóan tenyészhető. Magas fehérje tartalma, kedvező zsírsav összetétele és a halliszthez hasonló aminosav tartalma lehetővé teszi a haltakarmányozásba való beilleszthetőségét, ezáltal a halliszt kiváltását.

A sügér takarmányozásának fejlesztése során a rovarfehérjére alapozott takarmányozási kísérletek meghatározóak a kutatás eredményeit illetően. A közönséges lisztbogár lárvá számos kutatástól eltérően nem liszt formájában illeszttem be a takarmányreceptúrába, hanem élő eleségként került kietetésre, a halak számára esszenciális nyomelemeknek számító kobalttal és mangánnal dúsítva. Ezt követően megvizsgáltam a lárvák, majd az azokat elfogyasztó halak nyomelem felvételét.

A kobalttal és mangánnal dúsított tápközegben nevelt lisztbogár lárvák hatékonyan akkumulálták a nyomelemeket már az egy hetes dúsítási periódust követően. A kobalt és a mangán együttes alkalmazása nem befolyásolta a két nyomelem felvételét. A nyomelemekkel dúsított lisztbogár lárvával való takarmányozási kísérlet bebizonyította, hogy a sügér közvetett úton, a rovar elfogyasztása által hatékonyan képes mindkét nyomelemet akkumulálni, nem csak a különböző szerveiben, hanem a húzában (filé) is. A kobalttal és mangánnal dúsított lisztbogár lárvá etetése emellett a halak termelési paramétereire (egyedi testtömeg, takarmányértékesítés, specifikus növekedési ütem) is kedvező hatást gyakorolt.

A doktori kutatás során fejlesztésre és finomhangolásra került a sügér intenzív nevelése során alkalmazott tartási és takarmányozási technológia néhány olyan eleme, amely támogathatja a halfaj akvakultúrás termelésbe történő bevonását. Bizonyítást nyert, hogy a lisztbogár lárvá beilleszthető a sügér takarmányozásába, így a rovarlárvá alkalmas lehet a halliszt részleges kiváltására. Mindemellett kidolgoztam egy hatékony lisztbogár lárvá nyomelem dúsítási technológiát, amelynek eredményeként a lárvák összetétele kedvezőbbé tehető, illetve a halak nyomelem szükséglete biztosítható.

SUMMARY

During my doctoral research, I studied the possibilities of improving the keeping and feeding technology of perch, a predatory fish species native to Hungary. During the development of feeding technology for this fish species, I investigated the use and incorporation of common mealworm larvae as feed under intensive conditions.

As a first step in the research on perch farming technology, I determined the ideal tank colour and experimentally investigated the effect of contrasting colours (light grey, black) in different parts of the fish-rearing tank on the production and antioxidant parameters of the fish. I also determined the ideal feeding intensity in a 6-week study, where the same amount of feed was fed, but at different levels and times. In the third phase of the studies aimed at improving the rearing technology, I determined the lighting and turbidity (NTU) levels favourable for perch rearing.

Evaluating the results, I found that in the intensive rearing of perch the black-bottomed, light grey-sided tank has statistically proven beneficial effects on production and antioxidant parameters. The dark sidewall, the light bottom combination produced less favourable results and is not recommended for juvenile age classes. Based on the results of the experiment to determine the optimal feeding intensity, feeding fish the same ration at different times of day and in different ways has no

impact on their production parameters in this age class. Based on my results, moderate lighting and slightly turbid water colour are recommended for intensive rearing of perch.

The main source of protein in fish feed is fishmeal, which is nowadays available in increasingly limited quantities due to overfishing in the seas. The substitution of fishmeal is one of the most pressing problems in aquaculture today, which can only be solved by developing feed technologies based on alternative protein sources. Insect proteins are one of the potential protein carriers with excellent nutritional value and can be produced with minimal environmental impact. The larvae of the common mealworm can be farmed under the climatic conditions of the country. Its high protein content, favourable fatty acid composition and amino acid content similar to fishmeal make it suitable for use in fish feed, thus enabling the replacement of fishmeal.

Feeding experiments based on insect proteins have been crucial to the development of perch feeding. Unlike many studies, the common mealworm larvae were not incorporated into the feed recipe as a meal but were fed as live feed, enriched with cobalt and manganese, essential trace elements for fish. I examined the trace element uptake by the larvae and later by the fish that consumed them.

Mealworm larvae reared on cobalt and manganese-enriched substrate accumulated trace elements efficiently after a one-week enrichment period. The combined application of cobalt and manganese did not affect the uptake of the two trace elements. The feeding experiment with the larvae of mealworm enriched with trace elements demonstrated that the perch could efficiently accumulate both trace elements indirectly by consuming the insect, not only in its different organs but also in its meat (fillets). In addition, feeding the mealworm larvae enriched with cobalt and manganese had a positive effect on the production parameters of the fish (body weight, feed conversion, specific growth rate). The PhD research has developed some elements of the farming and feeding technology used in the intensive rearing of perch that can support the introduction of the species into aquaculture production. It has been demonstrated that mealworm larvae can be incorporated into the feeding of perch, making the insect larvae suitable for partial replacement of fish meal. Moreover, I developed efficient mealworm larvae trace element enrichment technology, which may result in a more favourable larval composition and ensure the trace element requirements of the fish.

Forrás (source): <https://dea.lib.unideb.hu/items/cac57f2a-2e54-4e05-9df0-70524ee415b8>

A takarmányok lizin/energia arányának hatása az aminosavak ileális emészthetőségére és a N-retencióra különböző genotípusú sertések hizlalása során

Effect of dietary lysine/energy ratio on ileal amino acid digestibility and N-retention during fattening of different genotype pigs

TENKE János

Széchenyi István Egyetem
(*Széchenyi István University*)

Wittmann Antal Növény-, Állat- és Élelmiszer-tudományi Multidiszciplináris
Doktori Iskola
(*Wittmann Antal Crop-, Animal- and Food Sciences Multidisciplinary Doctoral
School*)

Mosonmagyaróvár, 2023.

Témavezető (supervisor): TOSSENBERGER János PhD

ÖSSZEFOGLALÁS

A fejlett gazdasággal rendelkező nyugat európai országokban és hazánkban is a sertéshús adja a háztartások által évente elfogyasztott húsok jelentős részét. Magyarországon 2019-ben az egy főre jutó sertéshúsfogyasztás 33,1 kg volt, amely az összes fogyasztás 43,2%-át tette ki. Ez alapján megállapítható, hogy a jó minőségű és a humán táplálkozási elvárásoknak leginkább megfelelni képes sertéshús iránti kereslet még mindig jelentős volument képvisel.

A sertéságazat célja olyan, nagy hústermelő kapacitással, kedvező takarmányértékesítéssel és kiváló reprodukciós teljesítménnyel rendelkező állatállományok termelésbe vonása, amelyekkel a jelentős volumen mellett, a megváltozott fogyasztói igényeket is kielégítő, jó minőségű sertéshús állítható elő. A szakirodalmi adatok szerint azonban a nagyüzemi termelésre alkalmas hizósertések teljesítményében akár 30%-os különbség is adódhat ugyanazon tartási körülmények között, amely az állatok eltérő nyersfehérje- és aminosav- szükségletét, különböző nyersfehérje- és aminosavemésztő, valamint eltérő fehérjebeépítő képességét vetíti elő.

Ismert, hogy az ileálisan emészthető lizin-felvétel, az átlagos napi súlygyarapodás, valamint a fehérjedepozíció és a takarmányértékesítés között igen szoros korreláció áll fenn. Vizsgálatainkban ezért a kifejezetten nagy színhústermelő kapacitással rendelkező, különböző teljesítménnyel és ebből adódóan eltérő genetikai potenciállal rendelkező növendék és hizósertések ileális nyersfehérje- és aminosav emésztő képességét, valamint N- retenciójának változását vizsgáltuk a takarmányok Liz/DE-arányának függvényében.

A szakirodalom a genetikai potenciál szerint három jól elkülöníthető csoportba sorolja az iparszerű termelésbe vont sertéseket: hagyományos, közepes és nagy genetikai potenciállal rendelkező állatokra. A vizsgálataink lebonyolításához szükséges, nagyüzemi sertéshús-előállításban alkalmazott genotípusok osztályokba sorolását azok átlagos napi súlygyarapodása alapján végeztük el. Kísérletsorozatunkban a hagyományos genetikai potenciállal rendelkező állatok MNF x ML x

Du genotípusú hibridek voltak, amelyek átlagos napi súlygyarapodása a hizlalás teljes időszakára vetítve kevesebb, mint 800 g/nap. A közepes genetikai potenciállal rendelkező sertéseket a hazánkban ma már egyre kisebb számban megtalálható Hungahib 39-es genetikai konstrukció (NF x L x H x Pi) reprezentálta, amely átlagos napi súlygyarapodása 800 és 1000 g/nap közé tehető. Az átlagosan 1000 g/nap feletti súlygyarapodásra képes, nagy genetikai potenciállal rendelkező sertéseket vizsgálatainkban Danbred (DNF x DL x Du) hibridek képviselték.

Az emészthetőségi vizsgálatokat a 30-60 kg és 60-110 kg élősúly intervallumban, összesen 90 végtermék ártánnyal állítottuk be (3 genotípus x 6 kezelés x 5 állat/kezelés x 2 hizlalási fázis x 2 ismétlés; n = 360).

A vizsgálatok megkezdése előtt a kísérleti állatokat *Van Leeuwen és mtsai* (1991) leírása alapján, PVTC-kanüllel láttuk el. A növendék sertések élősúlya a kísérletek kezdetén $40,9 \pm 8,5$ kg, a hizósertéseké pedig $80,8 \pm 9,3$ kg volt.

A N-retenció vizsgálatához ugyancsak a 30-60 kg, valamint a 60-110 kg között, összesen 90 végtermék ártányt használtunk (3 genotípus x 6 kezelés x 4 állat/kezelés x 2 hizlalási fázis x 2 ismétlés; n = 288). Az intakt növendék sertések élősúlya a kísérlet kezdetén $42,9 \pm 4,9$ kg, a hizósertéseké pedig $75,0 \pm 6,5$ kg volt. A kísérleti takarmányokat a hizlalás első (30-60 kg) és második fázisában (60-110 kg) is kukorica, szója és árpa alapon állítottuk össze a NRC (2012) ajánlása alapján, az ideális fehérje elv figyelembevételével.

Kísérleteink során a takarmányok azonos DE-, nyersfehérje- és nyersrost- tartalma mellett, 6 eltérő lizin-szint ileális emészthetőségre- és N-retencióra kifejtett hatását vizsgáltuk. Az állatok minden esetben mentesek voltak brucellózistól, leptospirózistól, Aujeszky-féle betegségtől és a sertések reprodukciós zavarokkal, valamint légzőszervi tünetekkel járó szindrómájától (PRRS).

Az emészthetőségi vizsgálatokban a nyersfehérje-, összes lizin- és összes aminosav látszólagos ileális emészthetőségét mértük és ezeket genotípus specifikus (GSIE/Genotípus Specifikus Ileális Emészthetőség), valamint genotípustól független (GFIE/Genotípustól Független Ileális Emészthetőség) bontásban is kiértékeljük.

Eredményeink alapján megállapítható, hogy a különböző genetikai potenciállal rendelkező növendék- és hizósertésekben a nyersfehérje-, az összes lizin és az összes aminosav ileális emészthetősége takarmány eltérő Liz/DE aránya mellett éri el maximumát (GSIEmax). A leghatékonyabb felszívódás helyét az abszorpciós maximum pontok kiszámolásával határoztuk meg genotípusonként és táplálóanyagokként. A genotípus specifikus értékelési mód (GSIE) esetében kiszámolt abszorpciós maximumokat egymással összevetve megállapítható, hogy a takarmányok Liz/DE-aránya a felsorolt táplálóanyagok emészthetőségét differenciált módon befolyásolja az egyes genotípusokban, ezért a genotípustól független értékelési mód (GFIE) nyersfehérje- és az aminosavak ileális emészthetőségét bizonyos helyzetekben túl-, esetenként pedig alul értékeli.

Kísérletsorozatunk eredményei alapján megállapítható, hogy a kristályos aminosavak arányának növelésével elért nagyobb Liz/DE-arány a fehérjében kötött aminosavak (lizin, metionin, treonin) emészthetőségére szignifikáns hatással van ($p < 0,05$). A takarmányok Liz/DE-arányának növelése és a fehérjében kötött aminosavak abszorpciója között szoros, negatív korreláció áll fenn, genotípustól függetlenül. A fehérjekötésben található aminosavak emészthetőségének csökkenése a kristályos-, és a „natív” forma eltérő abszorpciós fázisaira vezethető vissza.

A különböző genetikai potenciállal rendelkező növendék- és hízósertések N- retenciója a takarmány más-más Liz/DE-aránya mellett a leghatékonyabb. A visszatartott nitrogén mennyisége jelentős különbségeket mutat a genetikai potenciál, valamint a takarmány Liz/DE-aránya függvényében. A genotípus specifikus nitrogén retenció (GSNR) vizsgálatával nyert adatok a növendék és hízósertések esetében is hozzájárulnak a genetikai alapokra helyezett takarmányozási koncepciók kidolgozásához.

Adataink alapján bizonyítottnak tekinthető, hogy a nitrogénforgalmat – beleértve az állatok N-retencióját– a takarmányok nyersfehérje-tartalma mellett a takarmányok aminosav-tartalma és a kristályos aminosav/fehérjében kötött aminosav-arány is nagymértékben befolyásolja.

Az emészthetőségi és a N-retenciós vizsgálat eredményeit egymással összevetve jól látható, hogy genotípustól függetlenül, a nyersfehérje- és az összes aminosav legnagyobb ileális emészthetősége alapján (GFIE_{max}) nagy pontossággal megbecsülhető a takarmány azon Liz/DE-aránya, amely mellett a hízó sertések N-retenciója maximalizálódik. Megítélésünk szerint a nyersfehérje- és az aminosavak ileális emészthetősége-, valamint az állatok N- retenciójának eltérései alapján megkerülhetetlen a genetikai profilra alapozott takarmányozási technológiák alkalmazása már az aminosavak abszorpciója szintjén is.

SUMMARY

In the Western European countries with advanced economies and also in our country, pork gives a significant part of the meat consumed each year by the households. In Hungary, in 2019, the annual per capita consumption of pork was 33.1 kg, representing nearly 43.2% of total consumption. Based on this, it can be stated that the demand for pork, which is able to meet the highest quality and human nutritional expectations, still represents a significant volume.

The aim of the pork industry is to put into production livestock with high lean meat production capacity, favorable feed conversion rate and high reproductive performance, to be able to produce high-quality pork, which, in addition to the important volume, meets the consumer needs that have changed. However, according to literature data, in the same production conditions there can be even 30% of difference in the performance of the fattening pigs suitable for large-scale production which refers to the differences in crude protein and amino acid requirements of the animals, and the differences in the digestibility of crude protein and amino acids and that of the deposition of protein.

It is well known that there is a very close correlation between ileal digestible lysine intake, the average daily weight gain, and protein deposition and feed conversion ratio. Therefore in the experiments, the ileal digestibility of crude protein and amino acid and change in N-retention of fattening pigs with an especially big difference in lean meat production capacity, and as a result, of fattening pigs with different genetic potential, were studied in relation with the Lys/DE ratio of the feed.

According to the genetic potential, the literature classifies pigs brought in industrial production into three distinct groups: animals of conventional or normal, medium and high genetic potential. The genotypes used in the production of large-scale pork production, needed for our tests were classified by their average

daily weight gain. In our series of experiments, animals with conventional genetic potential were HLW x HL x Du genotype hybrids with an average daily weight gain of less than 800 g/day throughout the complete fattening period. Pigs with a medium genetic potential have been represented by Hungahib 39 genetic line (LW x L x H x Pi) - which nowadays is present in an ever smaller number in Hungary - with an average daily weight gain of between 800 and 1000 g/day.

In the experiments, pigs having a high genetic potential, being able to achieve a weight gain of over 1000 g/day, were represented by Danbred (DLW x DL x Du) hybrids.

The digestibility trials were conducted in the 30-60 kg liveweight interval with a total number of ninety crossbred growing pigs with 3 different genotype (30 animals/genotype) and genetic potential (3 genotypes x 6 treatments x 5 animals/treatment x 2 fattening phases x 2 replicates; n = 360). Prior to starting the tests, the experimental animals were cannulated with PVTC cannula as described by *Van Leeuwen et al.* (1991). At the start of the experiments, the average live weight of growing pigs was 40.9 ± 8.5 kg, while that of fattening pigs was 80.8 ± 9.3 kg.

The N-retention tests were also established in the live weight range of 30-60 kg and 60-110 kg with a total of 90 barrows (3 genotypes x 6 treatments x 4 animals/treatment x 2 fattening phases x 4 animals/treatment x 2 repetitions; n = 288). At the start of the experiments, the average live weight of intact growing pigs was 42.9 ± 4.9 kg, while that of fattening pigs was 75.0 ± 6.5 kg. Experimental feed were formulated on the basis of corn, soy and barley in the first (30-60 kg) and second phase (60-110 kg) of fattening based on the recommendation of *NRC* (2012), taking into consideration the ideal protein concept.

In our experiments we studied the effects of the same DE, crude protein and crude fiber content of the experimental feeds, and the effect of 6 different lysine levels on ileal digestibility and N-retention. In all cases, the animals were free from brucellosis, leptospirosis, Aujeszky's disease and Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome (PRRS).

In digestibility tests, the apparent ileal digestibility of crude protein, total lysine, and total amino acid content of the feeds was also measured and their comparison was evaluated in genotype specific aspect (GSID / Genotype Specific Ileal Digestibility) and independently of the genotype (GIID / Genotype Independent Ileal Digestibility).

Based on our results, we can conclude that in growing pigs and fattening pigs with different genetic potential, there are differences in the ileal digestibility of crude protein, total lysine and total amino acid content of the feed. Ileal digestibility of crude protein, total lysine and total amino acid content reaches its maximum with the different Lys/DE ratio (GSIEmax) of the feed. The most effective digestibility was determined by calculating the absorption maximum points per genotype and nutrient. By comparing the absorption points calculated in case of the genotype specific evaluation method (GSID), we can state that the Lys/DE ratio of the feed influence the digestibility of the listed nutrients in a different way in each genotype, therefore the genotype- independent evaluation method (GIID) over-evaluates, and in some cases, under-evaluates the crude protein and the amino acid digestibility. Available literature data only show changes in total digestibility in regard of the amino acid supplementation, however changes in the digestibility of protein-bound

amino acids have not been studied during the experiments. In our tests, we also aimed to investigate the digestibility of protein bound-amino acids too. Based on the results of our experiment series, we can conclude that the higher Lys/DE ratio achieved by increasing the ratio of crystalline amino acids has statistically proven effects ($P < 0.05$) on the digestibility of protein-bound amino acids (lysine, methionine+cystine, threonine). There is a close, negative correlation between the increase of Lys/DE ratio of feed and the absorption of protein-bound amino acids, regardless of the genotype. The decrease in digestibility of protein-bound amino acids results from the different absorption phases of crystalline and “native” forms.

Based on our results it can be also established that the N-retention of growing and fattening pigs with different genetic potential is the most effective with the different Lys/DE ratio of the feed, and the amount of retained nitrogen also shows significant differences depending on the genetic potential and the Lys/DE ratio of the feed. Therefore the data obtained from the analysis of the genotype specific nitrogen retention (GSNR) also contribute to the development of feeding concepts based on genetics profile of growing and fattening pigs.

Based on our data, it is proven that nitrogen metabolism - including N-retention of animals -, in addition to the crude protein content of feed, is largely influenced by the amino acid content of the feed and the crystalline amino acid/protein-bound amino acid ratio.

By comparing the results of digestibility and N-retention tests, it can be seen that irrespective of the genotype, based on the highest ileal digestibility (GIIDmax) of crude protein content and total AA-contents of the feed, the Lys/DE ratio of feed can be estimated with high precision, with the N-retention of growing and fattening pigs is maximized. In our opinion, based on the ileal digestibility of crude protein and amino acids, as well as differences in N-retention of animals, it can be stated that the use of genetic profile-based feeding technologies can be considered as unavoidable already at the absorption level of amino acids.

Forrás (source): <https://szerep.sze.hu/hu/record/-/record/123456789-18377>

Tartalom, 2024. Vol. 73. *(Content, 2024 Vol. 73)*

Balogh Eszter – Varga-Balogh Orsolya – Kern László – Bodó Szilárd – Szabari Miklós: Különböző zsírsavak etetésének hatása a tejelő szarvasmarhák szaporodásbiológiai teljesítményére – Irodalmi áttekintés (Effect of different fatty acids on the reproductive performance in dairy cows – Literature review.) 3. 157–173.

Bene Szabolcs – Csürhész Tamás – Holló Gabriella – Mikó Edit – Török Márton – Polgár J. Péter – Szabó Ferenc: Néhány miosztatin mutáció előfordulása és kapcsolata bizonyos hústermelési tulajdonságokkal hazai charolais húsmarha állományokban (Occurrence of some myostatin (MSTN) mutations and their effect on some beef related traits in Charolais cattle) 2. 130–143.

Bene Szabolcs – Simon Annamária – Polgár J. Péter – Rózsa László – Szabó Ferenc: Populációgenetikai vizsgálatok gidrán tenyészkancák teljesítményvizsgálati adatbázisán (Population genetic studies on the performance test database of Gidran broodmares) 3. 174–186.

Bognár László – Kőrösi Zsolt Jenő – Bene Szabolcs – Szabó Ferenc: A modern holstein-fríz tehén tenyésztésének és tartásának néhány fenntarthatósági szempontja - Irodalmi áttekintés (Some sustainability aspects for the breeding and management of modern Holstein cow - Literature review) 2. 109–119.

Boros Norbert – Holló Gabriella – Bús Bence – Gulyás Miklós – Kótiné Seenger Julianna – Szabó Bálint – Szabari Miklós: Első laktációs holstein-fríz tehének fejési és tejtermelési mutatóinak változása az automatizált fejési rendszerre történő átállást követő évben (Changes in milking and milk production performance of first lactation Holstein-Friesian cows in the year after the transition to an automated milking system) 3. 187–199.

Brassó Dóra Lili – Komlósi István – Várszegi Zsófia: A strucc csibék allometrikus növekedésének értékelése (Evaluation of the allometric growth of ostrich chicks) 4. 269-282.

*Hegedűs Bettina – Bagi Zoltán – Kusza Szilvia: Phylogenetic meta-analysis of the Cyprinidae (Teleostei: Cypriniformes) family using mitochondrial cytochrome *b* region (Filogenetikai metaanalízis a *Cyprinidae* (Teleostei: *Cypriniformes*) család tagjai között a mitokondriális citokróm *b* régió alapján)* 2. 81–97

Hetényi Nikoletta: A kókuszolaj kiegészítés hatásai a brojlersirkék termelési mutatóira és egészségére (Effects of coconut oil supplementation on the production performance and health of broiler chickens) 2. 98–108.

Kőrösi Zsolt Jenő – Bognár László – Bene Szabolcs – Szabó Ferenc: A tehenek küllemének jelentősége a holstein-fríz fajta nemesítésében - Irodalmi áttekintés (Importance of the conformation of cows in selection of Holstein-Friesian breed - Literature review) 4. 283-293.

Kőrösi Zsolt Jenő – Holló Gabriella – Bene Szabolcs – Bognár László – Szabó Ferenc: Holstein-fríz tehének termelési és egyes méretbeli küllemi tulajdonságainak összefüggése (Relationship between some morphometric conformation traits and production of Holstein-Friesian cows) 4. 294-307.

Lázár Bence – Gócsa Elen: Precíziós nemesítési eljárások alkalmazása a fenntartható és felelős állattenyésztés elősegítésére (The use of precision breeding techniques to promote sustainable and responsible livestock production) 1. 30-46.

Luptyák Lilla Mercédész – Polgár J. Péter – Bene Szabolcs: Néhány tényező hatása kifejlett lipicai fajtájú lovak testméreteire (Some effects on body measurements of adult Lipizzaner horses) 4. 308-318.

Márta Krisztina – Molnár Ágoston – Gulyás László – Bodnár Ákos – Póti Péter – Pajor Ferenc: Egyes tényezők hatása első ellésű lacaune anyajuhok tőgytulajdonságaira (Effect of certain factors on udder morphology parameters of primiparous Lacaune ewes) 2. 120-129.

Márton Judit – Bene Szabolcs – Szabó Ferenc: A fenntartható húsmarhatartás, húsmarhatenyésztés aktualitási, kihívásai (Some actualities and challenges in sustainable beef cattle breeding and husbandry) 1. 47-58.

Márton Judit – Szabó Ferenc – Zsolnai Attila – Anton István: A magyarországi angus állományok populáció genetikai vizsgálata, értékmérő tulajdonságaik elemzése (Examination of population genetic and genomic aspects of different traits in Angus herds) 3. 219-232.

Mbithi, Andrew – Kusza, Szilvia – Bagi, Zoltán: A review of loop mediated isothermal amplification in pathogen detection: Pros and cons (A hurokközvetített izotermikus sokszorosítás alkalmazhatóságának áttekintése a kórokozók kimutatásában: előnyök és hátrányok) 4. 250-268.

Polgár J. Péter – Szabó Ferenc – Kovács Ákos – Kovács-Mesterházy Zoltán – Bene Szabolcs: Populációgenetikai paraméterek, tenyésztértékek és trendek magyar tarka bikák hizlalási és vágási eredményei alapján (Population genetic parameters, breeding values, phenotypic and genetic trends based on fattening and slaughtering results of Hungarian Simmental bulls) 1. 59-70.

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) 1. 20-29.

Varga Ádám – Tóth András – Nyabuto Ngoge Kevin – Horváth József: Az afrikai harcsa (Clarias gariepinus) indukált szaporítás-technológiájának magyar vonatkozású kutatási eredményei (Hungarian research results of the technology of induced propagation of African catfish (Clarias gariepinus)) 3. 200–218.

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) 1. 6–19.

Köszönetnyilvánítás

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

A 2024-es évben szerzőink voltak:

Anton István	Horváth József	Pajor Ferenc
Bagi Zoltán	Husvéth Ferenc	Polgár J. Péter
Balogh Eszter	Kern László	Póti Péter
Bene Szabolcs	Komlósi István	Rózsa László
Bodnár Ákos	Kovács Ákos	Simon Annamária
Bodó Szilárd	Kovács-Mesterházy Zoltán	Szabari Miklós
Bognár László	Kótiné Seenger Julianna	Szabó Bálint
Boros Norbert	Kőrösi Zsolt Jenő	Szabó Ferenc
Brassó Dóra Lili	Kusza Szilvia	Tóth András
Bús Bence	Lázár Bence	Tóth Ariel
Csűrhis Tamás	Luptyák Lilla Mercédesz	Tóth Zoltán
Egerszegi István	Márta Krisztina	Török Márton
Gócza Elen	Márton Judit	Varga Ádám
Gulyás László	Mbithi Andrew	Varga-Balogh Orsolya
Gulyás Miklós	Mezőszentgyörgyi Dávid	Várszegi Zsófia
Hegedűs Bettina	Mikó Edit	Zsolnai Attila
Hetényi Nikolett	Molnár Ágoston	
Holló Gabriella	Nyabuto Ngoge Kevin	

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

A 2024-es évben lektoraink voltak:

Anton István	Husvéth Ferenc	Pajor Ferenc
Ari Melinda	Kovácsné Gaál Katalin	Pál László
Beliczky Gábor	Kusza Szilvia	Polgár J. Péter
Bene Szabolcs	Matics Zsolt	Pongrácz László
Bokor Árpád	Márton István	Szabó Ferenc
Füller Imre	Mézes Miklós	Szász Sándor
Gáspárdy András	Molnár Tamás	Taller János
Gerencsér Zsolt	Nagy Szabolcs	Tempfli Károly
Gulyás László	Oláh János	Zsedely Eszter
Hullár István	Orbán László	

A szerkesztőség nevében, köszönettel:
Bene Szabolcs



- › VIDÉKFEJLESZTÉS
- › AGRÁRSZAKKÉPZÉS
- › TERMÉSZETMEGŐRZÉS

ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS

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

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

Szerkesztőbizottság (Editorial board):

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

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

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

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

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

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

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

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

A lap az Agrárminisztérium tudományos folyóirata

This is a scientific quarterly journal of the Ministry of Agriculture founded in 1952
(„Állattenyésztés”) by Prof. József CZAKÓ

A kiadást támogatja (sponsored by): Agrárminisztérium

MTA Könyv- és Folyóiratkiadó Bizottsága

Megjelenik évente négyszer

A folyóiratokra a kiadónál fizethet elő az alábbiak szerint.

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

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

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

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

Bármely más információért forduljon bizalommal kollégáinkhoz a lenti elérhetőségek bármelyikén:

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

Nyomdai kivitelezés: Séd Nyomda