

**DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI**

**A HAZAI LIMOUSIN HÚSMARHAÁLLOMÁNY  
GENETIKAI ELEMZÉSE**

**KÉSZÍTETTE:**

**SZŰCS MÁRTON**

**MOSONMAGYARÓVÁR**

**2020**

**SZÉCHENYI ISTVÁN EGYETEM  
MEZŐGAZDASÁG- ÉS ÉLELMISZERTUDOMÁNYI KAR**

**WITTMANN ANTAL NÖVÉNY-, ÁLLAT- ÉS ÉLELMISZER-  
TUDOMÁNYI MULTIDISZCIPLINÁRIS  
DOKTORI ISKOLA**

**UJHELYI IMRE ÁLLATTUDOMÁNYI DOKTORI PROGRAM**

DOKTORI ISKOLA VEZETŐ:  
**DR. ÖRDÖG VINCE DSC**  
EGYETEMI TANÁR

PROGRAM- ÉS TÉMAVEZETŐ:  
**DR. SZABÓ FERENC, DSC**  
EGYETEMI TANÁR

TÁRS-TÉMAVEZETŐ:  
**DR. ANTON ISTVÁN, PHD**  
C. EGYETEMI TANÁR

**A HAZAI LIMOUSIN HÚSMARHAÁLLOMÁNY  
GENETIKAI ELEMZÉSE**

KÉSZÍTETTE:  
**SZÜCS MÁRTON**

MOSONMAGYARÓVÁR  
2020

## 1. BEVEZETÉS ÉS CÉLKITŰZÉS

A húsmarhatenyésztés – melyben a limousin fajta kiemelt szerepet játszik – a hazai állattenyésztés egyik legdinamikusabban fejlődő ágazata, annak ellenére, hogy a marhahús előállításában a húshasznú állományok mellett a tej- és kettős hasznosítású fajták is meghatározó arányt képviselnek.

A húsmarhaágazat további fejlesztése – mind gazdasági, mind pedig tenyésztési szempontból – igen fontos feladat. Ezen a téren tartalékok elsősorban az állományok szaporulati és választási eredményeinek javításában, a járulékos költségek csökkentésben, ill. a takarékosabb tartási és takarmányozási megoldások alkalmazásában rejlenek.

A húsmarhaállományok szaporodásbiológiai teljesítménye akkor tekinthető kedvezőnek, ha a választott borjak aránya a fedezett tehénállomány létszámának legalább 86 százalékát képviseli. Megfelelő tartási körülmények esetén minden tehén évente borjazik, miközben az ellési időszak nem hosszabb 90 napnál.

A húshasznosítású tehén fő terméke a választott borjú. Emiatt a választási eredmények javítása, ill. a választási súly növelése fontos feladat, akár tenyészállatként, vagy hízó alapanyagként-, akár exporttermékként tekintjük azt.

A limousin fajta különböző értékmérő tulajdonságainak populációgenetikai elemzése, az eddig alkalmazottak mellett egyéb tenyészértékbecslési módszerek kipróbálása, azok összehasonlítása, ill. a legcélravezetőbb módszer kiválasztása e téren a segítségünkre lehet. Az utóbbi években elterjedt a mikroszatellit markerek alkalmazása a szarvasmarha-tenyésztésben. Nagyfokú polimorfizmusa miatt e markertípus hatékonyan alkalmazható az állattenyésztés számos területén, így a húsmarhatenyésztésben is, elsősorban populációk genetikai szerkezetének vizsgálatára, ill. állományok közötti genetikai távolság becslésére.

Tekintettel arra, hogy limousin fajtában – ilyen szempontból – nemzetközi viszonylatban is kevés információ áll rendelkezésre,

hazánkban pedig egyáltalán nincs adat erre vonatkozóan, jelenlegi vizsgálatunk mindenképpen hiánypótlónak számít.

Mivel a hazai exportorientált húsmarhaágazat fő terméke a külpiacokon értékesített választott borjú, a jelen munka nagy részét kitevő populációgenetikai elemzés és tenyésztéértékbecslés alapja a borjak 205-napos választási súlya. E vizsgálatok eredményei remélhetőleg hozzájárulnak majd a választási súly tenyésztői úton történő további növeléséhez.

Ugyancsak jelentős lehetőség egyes molekuláris genetikai módszerek alkalmazása, amelyek hatékonyabbá tehetik a tenyésztői munkát, pontosíthatják a szelekciót, ezáltal gyorsíthatják a genetikai előrehaladást. Munkám másik részében ezen a területen igyekeztem vizsgálatokat végezni és újabb, hasznosítható eredményekhez jutni.

### **Kutatásaim célját a következőképpen fogalmaztam meg:**

1. Munkám célja volt, hogy értékeljem, hogyan alakulnak a hazai limousin állományok borjainál a választási súly genetikai paraméterei, elsősorban e tulajdonság öröklődhetősége különböző modellekkel, eltérő (fajtatiszta, ill. keresztezett) adatbázison vizsgálva.
2. Cél volt továbbá az apa- és egyedmodellek összehasonlítása tényleges adatok alapján, ill. a modellek által becsült variancia-komponensek és genetikai paraméterek értelmezése.
3. További céloom volt a tenyészbikák tenyésztéértékének becslése különböző modellekkel (BLUP apa- és egyedmodell), eltérő genotípusú (fajtatiszta, keresztezett, vegyes genotípus) rokoni (oldalági rokon, ivadék) adatbázison. Kíváncsi voltam a különböző becslések eredményeinek hasonlóságára, illetve különbségére.

4. Szerettem volna választ kapni arra a kérdésre is, hogy az apák fajtatizta és keresztezési tenyésztési értéke mennyiben különbözik egymástól, ill. a tenyészbikák eltérő BLUP modellekkel felállított rangsora hogyan viszonyul egymáshoz.
5. Össze kívántam hasonlítani továbbá a limousin tenyészbikák rangsorát direkt, illetve anyai tenyésztési értékük alapján. Fontosnak tekintettem azt az információt, hogy milyen a kapcsolat a kétféle tenyésztési érték között.
6. Vizsgálni szándékoztam a limousin borjak 205-napos súlyának tényleges, mért értékei alapján meghatározható fenotípusos-, és a különböző tenyésztési értékbecslési módszerekkel becsült tenyésztési értékek alapján megrajzolt genetikai trendjét.
7. Tekintettel arra, hogy a hazai szarvasmarha fajtákban, a szürkemarkarha kivételével, nem végezték el az állományok genetikai markereken alapuló populációgenetikai felmérését, mindenképpen indokoltnak tartottam a limousin állományunk - ilyen szempontból történő - vizsgálatát is. Fontosnak tartottam továbbá az egyes részpopulációk egymáshoz viszonyított elhelyezkedésének, genetikai távolságának megállapítását, ill. a beltenyésztettség mértékének elemzését.

## 2. ANYAG ÉS MÓDSZER

A limousin borjak 205-napos súlyának genetikai paraméterei és ennek alapján végzett tenyésztéértékbecslésre kiterjedő munkánk során a Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesületének adatbázisát használtuk.

A vizsgálat **első részében** alkalmazott apa- és egyedmodellel történő értékeléshez, a fajtatizta és keresztezési tenyésztéérték becsléshez 13 613 borjú választási súly és választási életkor adatát vettük figyelembe, amelyek 37 hazai tenyészetben 1992 és 2009 között, 110 limousin apától születtek. A vizsgálatban 9233 fajtatizta és 4380 keresztezett borjú szerepelt.

A vizsgálat **második részében** a direkt és az anyai tenyésztéértékbecslés során 44 fajtatizta limousin és 23 limousin x magyar tarka keresztezett, összesen 67 tenyészet adatbázisa szerepelt, 240, illetve 98, összesen 338 limousin tenyész bikával, és 15437, valamint 4327, összesen 19764 borjúval.

Az előzőekben bemutatott adatbázisokat különböző BLUP modellekkel értékeltük ki. Vizsgálataink során négy különböző modellt állítottunk össze, majd az ezekkel kapott eredményeket egymással összehasonlítottuk. A négy modell közül kettő apamodell, kettő pedig egyedmodell volt. Mind az apamodellt, mind pedig az egyedmodellt a fajtatizta borjak adatbázisain (adatbázis 1.) és keresztezett borjak adatbázisán (adatbázis 2.), külön-külön lefuttattuk. Számításaink során egyetlen tulajdonságot, a választási súlyt értékeltük. Vizsgálatunk első részében direkt fajtatizta és direkt keresztezési-, amíg a másodikban direkt, illetve anyai fajtatizta és keresztezési tenyészéértéket becsültünk.

A populációgenetikai vizsgálatban 16 hazai limousin populációból származó 3443 egyed (1520 bika és 1924 tehén) vett részt. A tenyészetek elhelyezkedésére, az állomány összetételére, ill. az eredmények kiértékelésére vonatkozó adatok szintén a hazai Limousin

és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete adatbázisából származnak. A vérminták begyűjtésére a rutinvizsgálatnak számító származásellenőrzések alkalmával került sor.

A vizsgálatban alkalmazott 18 mikroszatellit marker használatát a Nemzetközi Állatgenetikai Társaság (International Society of Animal Genetics, ISAG) javasolja szarvasmarha származásellenőrzési vizsgálatokhoz és az akkreditált nemzetközi laboratóriumok eredményeinek összehasonlításához. Ezek a markerek a következők: BM1818, BM1824, BM2113, CSRM60, CSSM66, ETH10, ETH225, ETH3, ILSTS006, INRA23, MGTG4B, RM067, SPS113, SPS115, TGLA 122, TGLA126, TGLA227 és TGLA53.

A Hardy-Weinberg egyensúly vizsgálatát és a populáció differenciálódására vonatkozó elemzést a Genepop 4.2.1, FSTAT 2.9.3.2 és Arlequine szoftverekkel végeztem. A Hardy-Weinberg teszt  $P$  értékének meghatározását minden lókuszt és minden gulya esetében elvégeztem. A null allélek vizsgálatát minden lókusznál Genepop és Micro-Checker (version 2.2.3) szoftverrel végeztem. A heterozigotitás várt (expected heterozygosity,  $H_e$ ) és valós (observed heterozygosity,  $H_o$ ) értékeit, a beltenyésztettségi együtthatót (inbreeding coefficient,  $F_{is}$ ) és a genetikai távolságot (genetic distance,  $F_{st}$ ) a Genalex 6.5 szoftverrel határoztam meg. Az adatok ellenőrzésére FSTAT és Genepop szoftvert használtam. Az állatok csoportokba (cluster,  $K$ ) sorolásához a Structure programot (Evanno-féle szimulációs módszert), ill. a BAPS 6.0 szoftvert használtam. Az állatok allélfrekvencia-értékei és a mikroszatellit markerek adatai alapján, Genalex 6.5 szoftver segítségével, főkomponens-analízist (Principal Component Analysis, PCA) végeztem, amely egy többváltozós statisztikai módszer és az adatredukciós eljárások közé tartozik. A Nei-féle genetikai távolságok meghatározását Poptree szoftverrel végeztem. Az egyedek csoportokba sorolását a Genalex és GeneClass 2.0 szoftverrel végeztem a Bayesi módszer alapján.

### 3. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

A négy különböző BLUP modellel az apák választási súly tulajdonságra becsült tenyésztési értéke alapján négy különböző rangsort kaptunk. A tenyésztési értékbecslés eredményei azt mutatták, hogy a választási súly tulajdonság öröklődhetősége a különböző futtatások eredményei alapján meglehetősen tág határok között változott, de annak értékei gyenge és jó közöttiek voltak.

A limousin fajtájú apák ivadékaiknak számát, **az első** adatbázisok alapján, különböző BLUP modellekkel becsült választási súly tenyésztési értékét, illetve az e tenyésztési értékek alapján felállított rangsorát a 1. táblázatban mutatom be.

1. táblázat: A limousin apák 205-napos választási súly tulajdonság alapján becsült direkt tenyésztési értéke és rangsora

Apa száma (KLSZ)	N		Apamodell				Egyedmodell			
			Modell 1 (adatbázis 1.)		Modell 2 (adatbázis 2.)		Modell 3 (adatbázis 1.)		Modell 4 (adatbázis 2.)	
	Adatbázis 1.	Adatbázis 2.	Fajtatiszta populációban		Keresztezett populációban		Fajtatiszta populációban		Keresztezett populációban	
			TÉ	SR	TÉ	SR	TÉ	SR	TÉ	SR
9034	41	298	-0,24	7	-7,53	15	-1,99	6	-1,45	6
11572	298	325	-2,81	12	-9,80	17	-8,56	11	-10,72	10
12015	612	907	-1,90	9	-10,06	18	-8,96	13	-15,84	15
12946	232	259	+1,80	5	-7,36	14	-3,15	7	-11,87	11
13098	917	1483	+1,75	6	-9,09	16	-1,02	4	-10,64	9
13869	244	277	-1,60	8	-6,93	13	-5,93	9	-11,98	12
14284	157	198	-8,16	16	+6,07	9	-15,60	18	-20,78	17
14473	148	201	-8,43	18	+10,22	4	-14,49	17	-13,85	13
14474	184	250	-6,15	15	+9,69	5	-10,77	15	-15,31	14
14476	188	236	-5,91	14	+9,66	6	-12,05	16	-16,78	16
14602	37	187	-8,16	17	-2,77	10	-9,21	14	-22,65	18
14684	721	935	-8,43	19	-3,60	11	-21,15	19	-23,11	19
14712	55	188	+13,79	1	-23,95	20	+25,99	1	+17,29	1
15250	531	687	-14,15	20	-15,13	19	-30,80	20	-39,61	20
16444	436	524	+7,68	2	+9,05	8	+11,94	2	+11,64	4
16496	222	242	-3,13	13	+12,14	3	-7,03	10	-4,15	7
16854	173	239	+3,42	4	+17,65	1	-1,29	5	+13,41	3
17031	150	185	-2,59	11	-5,47	12	-8,59	12	-8,64	8
17562	121	191	+7,40	3	+15,47	2	+4,40	3	+10,97	5
18853	199	203	-1,99	10	+9,30	7	-4,18	8	+15,90	2
FA	9233	18746	214,8±5,1		227,4±11,5		214,8±5,1		227,4±11,5	

KLSZ = az apa központi lajstromszáma; N = az apa ivadékaiknak a száma; TÉ = tenyésztési érték (kg); SR = a tenyésztési értékek alapján felállított rangsorban lévő pozíció FA= populáció főátlaga (kg)



Eredményeink alapján egyértelműen megállapítható, hogy valamennyi apa esetén a négy különböző BLUP modellel más és más tenyésztértékeket becsültünk a választási súly tulajdonságra. A legtöbb apa esetén a tenyésztértékek populációátlaghoz viszonyított iránya (javító vagy rontó hatás) ugyan hasonló volt, de a számszerű értékekben nagyon nagy különbségeket találtunk közöttük (pl.: 16444-es apa tenyésztértékei a választási súly tulajdonságban: modell 1: +7,68 kg; modell 2: +9,05 kg; modell 3: +11,94 kg; modell 4: +11,64 kg). Mindezek mellett vizsgálatunk során találtunk olyan apákat is (pl.: a 18853-as apa), melyek tenyésztértéke a választási súly tulajdonságra nézve fajtatiszta populációkban rontó hatású, de a vegyes genotípusú állományban javító hatású volt. A négy modell közül a legkiugróbb eredményeket a keresztezett állományon futtatott apamodellel (modell 2) esetén tapasztaltuk. Az ezzel a modellel becsült tenyésztértékek számos apa (pl.: 14712-es apa tenyésztértékei a választási súly tulajdonságban: modell 1: +13,79 kg; modell 2: -23,95 kg; modell 3: +25,99 kg; modell 4: +17,29 kg) esetén nemcsak irányában, de abszolút értékben nézve is jelentősen eltértek a másik három modellel kapott adatoktól. A fentiek következtében a limousin apák négy különböző BLUP modellel becsült, a választási súly tulajdonságra irányuló tenyésztértéke alapján felállított rangsoraiban is számottevő különbségeket találtunk.

A **második** adatbázison, egyedmodellel végzett, direkt- és anyai hatásra irányuló tenyésztértékbecslés eredményét a 2. táblázat foglalja össze. Az egyedmodellel becsült direkt és anyai tenyésztérték alapján a vizsgált limousin tenyészbikák rangsora az előbbiekhöz képest nagyobb különbséget mutatott, nevezetesen egymással ellentétesen alakult, azaz a kétféle tenyésztérték szerinti rangsor egymással negatív előjelű rangkorrelációs együtthatót mutatott.

2. táblázat: A legtöbb ivadékkal rendelkező apák 205-napos súly alapján, egyedmodellel becsült direkt- és anyai tenyésztéke a vizsgált időszakban

KLSZ	Választási súly (kg)					
	Fajtatiszta állományban			Keresztezett állományban		
	N	Tenyészték		N	Tenyészték	
		Direkt	Anyai		Direkt	Anyai
9034	61	+2,82	+0,88	394	-5,16	+0,27
12015	608	-7,17	-12,30	257	-18,30	+14,10
12470	43	+7,75	-6,18	50	-4,41	+2,28
12481	88	+1,06	-5,65	66	-14,63	+7,78
12482	54	+11,37	-1,29	54	-16,61	+11,74
12483	79	+7,88	-8,94	56	-20,60	+12,97
12484	72	-1,22	+6,74	59	-10,48	+7,64
12485	49	+9,15	-0,28	60	-13,26	+8,64
13098	1019	-3,17	+3,88	516	+0,13	+0,93
13869	259	-10,88	-4,31	31	+6,38	-5,41
14284	177	-16,77	+4,99	48	+0,08	-0,05
14473	185	-10,27	+2,66	55	+13,07	-10,15
14474	216	-6,51	+4,73	77	-7,31	+4,46
14475	109	-6,39	+2,62	32	+10,09	-6,65
14476	207	-8,09	+4,65	51	-6,58	+4,34
14602	52	-4,13	-1,36	198	-22,89	+13,12
14684	792	-21,92	-3,18	107	-5,73	+3,81
14709	66	-18,34	+10,11	80	+29,46	-19,42
14714	37	-1,43	+0,79	119	+12,85	-8,47
15250	619	-35,39	+22,97	165	-60,03	+39,56
16444	485	9,74	+4,97	62	+12,80	-8,44
16851	80	-10,85	+23,90	36	+7,09	-4,68
16854	202	+1,63	-1,66	45	+33,78	-23,41
17562	153	+3,11	+0,53	52	+23,80	-16,48
21207	86	-8,63	-4,66	31	+21,38	-14,59
Főátlag (±SE)	225,7±3,8			221,5±1,23		

N = az apa ivadékainak (borjainak) a száma

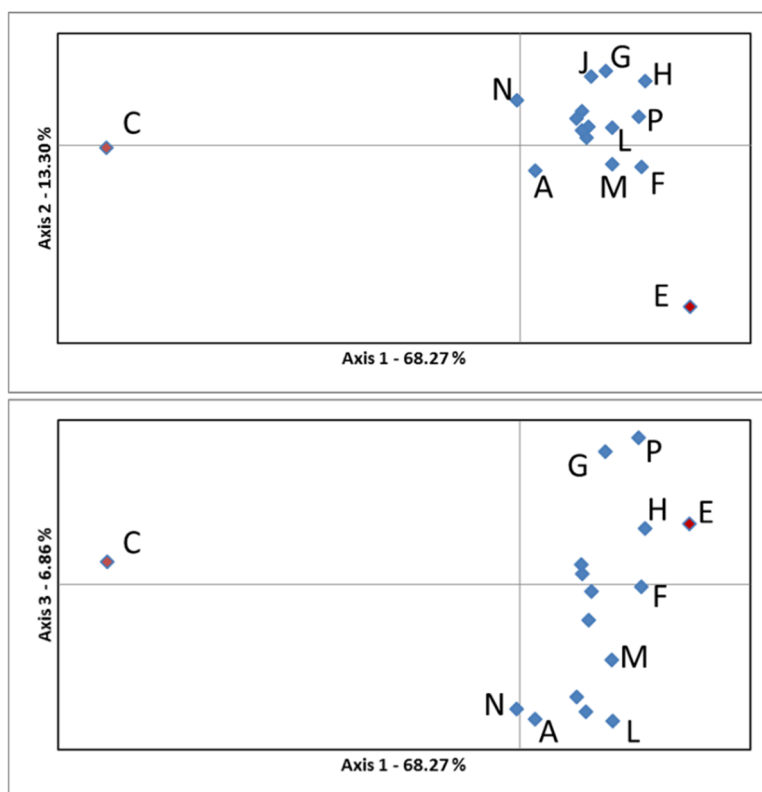
Az eredmények arra is felhívják a figyelmet, hogy ugyanazon tenyészbikák direkt tenyészértéke és anyai tenyészértéke egymással negatív kapcsolatban áll. Nevezetesen, ha egy tenyészbikát direkt tenyészértéke alapján használunk termékenyítésre a 205-napos súly első generációban történő javítása érdekében, akkor arra számíthatunk, hogy az első generációs üszők ivadékainak anyai teljesítménye gyengébb lesz, vagyis a tenyészbika unokáinak teljesítményében minden bizonnyal romlás következik be. Ez mind fajtatizta tenyésztés, mind keresztezés esetén valószínűsíthető.

Megfontolandó, hogy az egyes limousin tenyészbikák különböző (fajtatizta, keresztezési, direkt, anyai) tenyészértékét célszerű becsülni, és ezek közül azt kell figyelembe venni, amilyen célra a tenyészbikát használni kívánjuk.

A populációgenetikai vizsgálatban 288  $\chi^2$  teszt közül 38 esetben szignifikáns eltérés mutatkozott a Hardy-Weinberg egyensúlytól ( $P < 0,05$ ). Minden gulyában heterozigóta-túlsúly mutatkozott, a legjelentősebb a C állományban jelentkezett. Az allélgazdagság értékei 4,31 (C populáció) és 5,21 (O populáció) között váltakoztak, egyéni (privát) allélok 9 állományban lehetett kimutatni. Összesen 38 állatnál (a vizsgált állatok 1,1%-a) találtam egy vagy több egyéni allélt.

A populációk differenciálódásának megállapítására irányuló, páronkénti tesztek alapján kijelenthető, hogy a B-K populáció-pár kivételével, minden gulya elkülönült egységként kezelhető ( $P < 0,05$ ). Főkomponens-analízis (PCA) alapján két populáció (C és E) különbözik jelentősen a többitől  $P < 0,000$  (1. ábra).

1. ábra: A populációk differenciálódásának ábrázolása főkomponens-analízissel (PCA) kapott  $F_{st}$  értékek alapján.

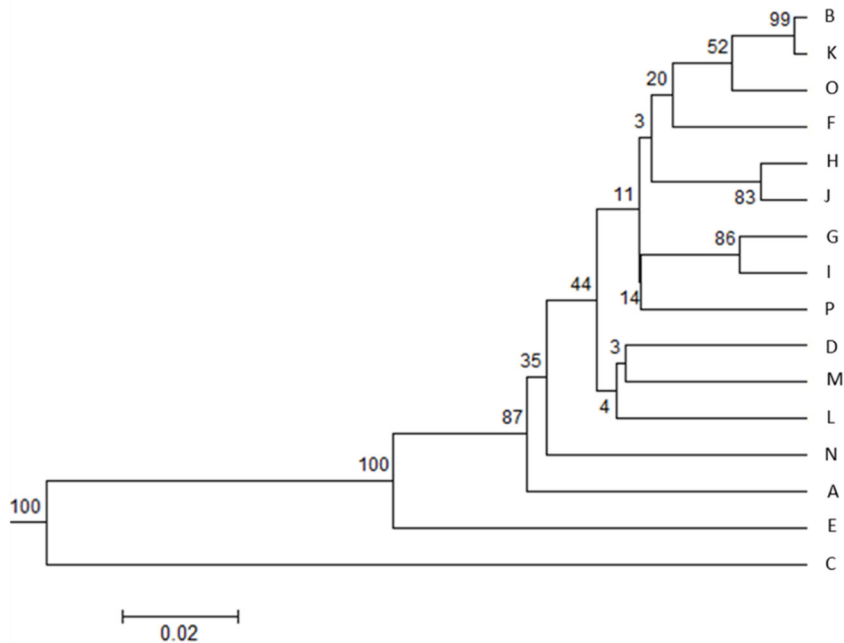


A kék színnel jelzett populációk alacsony szintű genetikai elkülönülést mutatnak. A piros színnel jelölt C populáció mérsékelten elkülönül a többi gulyától, a szintén pirossal jelölt E populáció pedig mérsékelten elkülönül a G, H, J, L, N, ill. P populációtól. A tengelyeken jelzett %-os értékek a teljes variancia arányát jelentik az adott tengely mentén.

A populációk Nei-féle genetikai távolságának vizsgálata alapján (2.ábra) az A, C és N populációk elkülönült formában jelennek meg, de a P állomány helyett (amelyiket a BAPS szoftver különállóként kezelte) itt az E populáció különült el. Ez a megállapítás alátámasztja a  $F_{st}$

értékek PCA vizsgálatának eredményét. A fennmaradó csoportok különböznek legkevésbé egymástól.

2. ábra: A 16 limousin populáció UPGMA módszerrel kapott dendrogramja. A bootstrap értékek az ágakon láthatók.



Az A, C, N és E populációk esetében a tulajdonosok tenyészállatot, spermát, ill. embriót importáltak Franciaországból, ami megmagyarázza a populációk jól követhető differenciálódását. A C és E populációban az importált állatok száma meghaladta az A és N populációnál tapasztaltat.

#### 4. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Megállapítottam, hogy apamoddellel becsülve a választási súly öröklődhetősége ( $h^2$ ) fajtatiszta és keresztezett állományok között nem mutat eltérést, amíg egyedmoddellel becsülve jelentős a különbség a fajtatiszta ( $h^2=0,28\pm 0,05$ ) és a keresztezett ( $h^2=0,57\pm 0,06$ ) populációk között.
2. Ráműtattam arra, hogy az adott limousin tenyészvikák fajtatiszta, illetve keresztezett, rokoni adatbázisán végzett tenyészértékbecslés eredménye alapján az apák rangsora számottevően különbözik egymástól.
3. Elemzéseim alapján rájöttem arra, hogy a limousin tenyészvikák direkt és anyai tenyészértéke, illetve az ezek alapján felállított rangsor egymással ellentétes. Nevezetesen, negatív a korreláció a választási súly alapján becsült direkt és anyai tenyészérték között.
4. Megállapítottam, hogy a hazai limousin fajtatiszta és keresztezett populáció borjainak 205-napos választási súlyában annak ellenére, hogy kis mértékű fenotípusos javulás tapasztalható, az elműlt 20 évben nem volt érdemi genetikai előrehaladás.
5. Elsőként végeztem el a hazai limousin populációk genetikai differenciálódásának vizsgálatát mikroszatellit markerek segítségével. Megállapítottam, hogy a C és E populáció  $F_{st}$  értékek alapján mérsékeltlen elkűlönűlt a többi gulyától.
6. Megvizsgáltam az allélgazdagság értékeit 16 limousin populációban, ezek 4,31 (C populáció) és 5,21 (O populáció) között váltakoztak. Egyéni (privát) allélokát 38 állatnál, 9 állományban (D, F, I, J, K, L, N, O és P) mutattam ki.

7. Megállapítottam, hogy a várt és megfigyelt heterozigotizációs értékek -a 16 limousin populációban- jelentősen nem tértek el egymástól, a beltenyésztettségi koefficiens ( $F_{is}$ ) alapján nincs beltenyésztettnek tekinthető gulya a vizsgált állományban.

## 5. PUBLIKÁCIÓK JEGYZÉKE

### 5.1. Az értekezés témakörében megjelent publikációk

#### 5.1.1. Idegen nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk

**M. Szűcs** - F. Szabó - B. Bán - Cs. Józsa - L. Rózsa - A. Zsolnai - I. Anton: Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationship of Limousin herds in Hungary using microsatellite markers. Asian-Australasian Journal of Animal Science, 2019; 32 (2): 176-182. IF: 1,227 (Q1)

F. Szabó - **M. Szűcs** - K. Tempfli - D. Berry: Upgrading breeding value estimation in beef cattle. Acta Agraria Debreceniensis, 2018. 150. 451-458.p.

#### 5.1.2. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk

Szabó F. - Balika S. - **Szűcs M.**- Bene Sz. (2007): Limousin borjak választási eredménye. 1. Környezeti hatások. Állattenyésztés és Takarmányozás, 56. 6. 541-549.

Bene Sz. - **Szűcs M.** - Polgár J. P. - Szabó F. (2017): Különböző modellekkel becsült örökölhetőségi és tenyésztékek fajtatizta és keresztezett hústípusú borjak választási adatbázisán. Állattenyésztés és Takarmányozás, 66. 3. 206-224.

Bene Sz.- **Szűcs M.**- Polgár J.P.- Szabó F. (2017): Fajtán belüli és fajták közötti tenyésztékbecslés a húsmarhatenyésztésben. Állattenyésztés és Takarmányozás, 66. 4. 331-346.

**Szűcs M.**- Szabó F. - Márton J. - Anton I. -Zsolnai A. - Bene Sz. (2020): Hagyományos tenyésztékbecslési módszerek összehasonlítása



limousin húsmarha fajtában. Állattenyésztés és takarmányozás (megjelenés alatt).

### **5.1.3. Konferenciakiadványban megjelent közlemények magyar nyelven**

Bene Sz. - **Szűcs M.** - Polgár J. P. - Szabó F. (2017): Tenyésztékek becslése fajtatiszta és vegyes genotípusú húshasznú szarvasmarha populációkban. LIX. Georgikon Napok, Állattenyésztés és Takarmányozás Szekció. 2017. szeptember 28., Keszthely. 54. ISBN: 978-963-9639-88-1.

Bene Sz. - Polgár J. P. - **Szűcs M.** - Szabó F. (2017): Örökölhetőségi értékek becslése fajtatiszta és vegyes genotípusú húshasznú szarvasmarha populációkban. XXIII. ITF, Állattudományok Szekció. 2017. május 26., Keszthely, 1.3.1-6., ISBN: 978-963-9639-87-4.

**Szűcs M.** – Az értékmérő tulajdonságok alakulása a szarvaltság függvényében a hazai limousin populációban. XXXVI. Óvári Tudományos Nap, Mosonmagyaróvár, 2016.november 10. (Szerk.: Bali-Papp Ágnes és Szalka Éva) ISBN 978-615-5391-79-8:283.

## **5.2. Az értekezés témakörén kívüli közlemények**

### **5.2.1. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk**

Szabó F.- Tempfli K. - Márton I. - Márton J.- **Szűcs M.** - Keller K. (2013): A húsmarhatartás környezetének és genetikai alapjainak bioökonómiai értékelése. Állattenyésztés és Takarmányozás, 62. 4. 398-410.

Szabó F.- Szabó E.- Gulyás L.-Pongrácz L.- Tempfli K. - Kovács Á.- **Szűcs M.**- Keller K. (2014): A legeltetési időszak hosszának hatása a húsmarhák néhány értékmérő tulajdonságának ökonómiai súlyára és a húsmarhatartás eredményességére. Acta Agronomica Óváriensis. Vol. 56. No 1. 3-12.