

Doktori (PhD) értekezés tézisei

Bognár László

Mosonmagyaróvár

2025.



**SZÉCHENYI EGYETEM**

**Wittmann Antal Növény-, Állat És Élelmiszertudományi  
Multidiszciplináris Doktori Iskola**

Doktori Iskola vezető:

**Dr. Varga László, az MTA doktora, egyetemi tanár**

**Ujhelyi Imre Állattudományi Doktori Program**

Doktori program vezető:

**Dr. Szabó Ferenc, az MTA doktora, professor emeritus**

Tudományos vezetők:

**Dr. Szabó Ferenc, az MTA doktora, professor emeritus**

**Dr. Anton István, az MTA doktora, professor emeritus**

Kutatási téma címe:

**A GENOMIKAI TENYÉSZÉRTÉKBECSLÉS ÉS A GENOMSZELEKCIÓ  
MAGYARORSZÁGI BEVEZETÉSÉNEK GYAKORLATI TAPASZTALATAI A  
HOLSTEIN-FRÍZ FAJTA ESETÉBEN**

Képzési forma:

nappali

Készítette:

**BOGNÁR LÁSZLÓ**

Mosonmagyaróvár

2025.

## TARTALOMJEGYZÉK

1.	BEVEZETÉS ÉS CÉLKITŰZÉSEK.....	5
2.	ANYAG ÉS MÓDSZER.....	6
2.1.	A genomanalízis és a genomikai tenyésztérbecslés módszere.....	6
2.2.	BLUP tenyésztérbecslési módszerek összehasonlítása.....	7
3.	EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK.....	9
3.1.	SNP vizsgálatok eredménye.....	9
3.2.	BLUP tenyésztérbecslési módszerek összehasonlító eredménye.....	9
4.	ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK ÉS HASZNOSÍTÁSUK.....	11
4.1.	Új tudományos eredmények.....	11
4.2.	Az eredmények hasznosíthatósága.....	12
5.	AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK.....	13
5.1.	Idegen nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk.....	13
5.2.	Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk.....	13

## 1. BEVEZETÉS ÉS CÉLKITŰZÉSEK

A holstein-fríz (HF) világszerte a legelterjedtebb tejelő szarvasmarhafajta, amely kiváló tejtermelő képességét még korlátozott takarmányforrások mellett is képes fenntartani. A tenyészkiválasztás, nemesítés és szelekció alapelvei az elmúlt évek során változatlanok maradtak, ugyanakkor a döntéshozatalhoz használt információk egyre pontosabbá váltak. Korábban a szelekciót elsősorban fenotípusos teljesítmények alapján végezték, de a genetikai tényezők pontosabb becslése érdekében egyre inkább a genotipizálás és a genomikai tenyészértékbecslés kerül előtérbe. A genomszelekció elterjedése jelentős áttörést hozott a szarvasmarha-tenyésztésben, amelynek alapját az SNP-k (egypontos nukleotid-polimorfizmusok) genetikai információi képezik. Az SNP-k megfelelő statisztikai módszerekkel összefüggésbe hozhatók a tejtermelés, funkcionális küllem és egyéb gazdaságilag fontos tulajdonságok genetikai hátterével. A genotipizálás lehetővé teszi az egyedek teljesítményének korai és nagy megbízhatóságú előrejelzését, amely kulcsfontosságú a tenyésztési hatékonyság növelésében.

A genomikai tenyészértékbecslés pontossága a referenciapopuláció meglététől és folyamatos frissítésétől függ. A megfelelő méretű és genetikai sokféleséggel rendelkező referenciapopuláció lehetővé teszi az SNP-alapú becslések megbízható alkalmazását. A szarvasmarha-tenyésztésben széles körben alkalmazott Illumina 50K chip ~50 000 SNP vizsgálatával biztosít nagy felbontású genetikai információt, amely lehetővé teszi a tenyészértékek pontosabb becslését. A genomikai tenyészértékbecslés és szelekció egyik legnagyobb előnye a generációs intervallum csökkentése, amely révén már az egyedek korai életszakaszában megbízható tenyésztési döntések hozhatók.

Jelen kutatás célja a holstein-fríz fajta genomikai tenyészértékbecslési módszereinek elemzése és validálása, különös tekintettel a tejtermelési tulajdonságok genetikai hátterére és a genomszelekció gyakorlati alkalmazására.

A fenti szempontokat alapul véve az alábbi vizsgálati célokat tűztem ki:

1. a hazai HF populáció genomikai tenyészértékbecslésének bevezetése, illetve a kapott tenyészértékek populációs szinten történő validálása,
2. első laktációs HF tehenek termelési tulajdonságainak tenyészértékbecslése három különböző módszerrel (pedigré-, hagyományos - és genomikai BLUP),
3. a három BLUP módszer pontosságának, előrejelző képességének, valamint megbízhatóságának értékelése azonos évben, évszakban, ill. ugyanabban az állományban született és tartott első laktációs tehenek esetében,

4. az egyes becslési eljárások alkalmazhatóságának vizsgálata a modern, precíziós tenyésztési programokban,
5. az SNP-chip segítségével tipizált azon SNP-k meghatározása, amelyek egyszerre két, ill. három tulajdonságra becsült TÉ kialakításában is szerepet játszanak,
6. a fenti szempontok alapján kiválasztott SNP-k és a TÉ értékek regressziós együtthatóinak (a változások irányának és mértékének) meghatározása.

## 2. ANYAG ÉS MÓDSZER

### 2.1. A genomanalízis és a genomikai tenyésztérbecslés módszere

A kutatás a HUNGENOM projekt keretében zajlott, ahol az Illumina EuroG MD BeadChip technológiát alkalmaztuk. A nemzetközi együttműködés révén a magyar minták feldolgozását végző laboratórium hozzáférést biztosított az SNP-adatok nagyméretű referencia-adatbázisához, amely alapjául szolgált a tenyésztérbecslésnek. A vizsgálat során 2 963 holstein-fríz tehén fenotípusos és genotípusos adatait elemeztük, amelyeket a holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete (HFTE) bocsátott rendelkezésre. A genotipizálás az EuroG\_MDv4 microarray (EuroGenomics, Amszterdam) segítségével történt, és csak a 0,95 feletti találati arányú mintákat vettük figyelembe, így a végső adathalmaz 59 151 SNP-t tartalmazott. A tenyésztérbecslést a CRV (Arnhem, Hollandia) által fejlesztett modell segítségével végeztük, amely az X-kromoszómán található variánsok kivételével 40 947 SNP-t használt fel. A genomikai becslési modell egy Bayes-alapú multi-QTL megközelítés, amely az SNP-k hatását közvetlenül értékeli, haplotípusok vagy származási adatok figyelembevétele nélkül. Bár a módszer egyszerre több tulajdonságra is alkalmazható, a rutinszerű genomikai értékelések egy tulajdonságra vonatkozó elemzések, azaz  $m = 1$ .  $M$  tulajdonságra a modell a következő:

$$\mathbf{y}_i = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{u}_i + \sum_{j=1}^{40947} \mathbf{z}_{ij} \mathbf{q}_j \mathbf{v}_j + \mathbf{e}_i$$

ahol:  $\mathbf{y}_i$  ( $m \times 1$ ) vektor, az  $i$ . bika fenotípusainak (DRP) vektora,  $\boldsymbol{\mu}$  ( $m \times 1$ ) vektor az adott tulajdonság fix átlaga,  $\mathbf{u}_i$  ( $m \times 1$ ) vektor, az  $i$ . bikához tartozó random poligén hatás,  $\mathbf{q}_j$  ( $3 \times 1$ ) vektor, a  $j$ . SNP random, skálázatlan hatása, amely a 0., az 1. és a 2. allélhoz tartozik (a 0. allél a hiányzó genotípus-információnak felel meg),  $\mathbf{v}_j$  ( $1 \times m$ ) vektor, a  $j$ . SNP-hez tartozó random skálafaktorok,  $\mathbf{e}_i$  ( $m \times 1$ ) vektor, az  $i$ . bikához tartozó reziduum (a modell hibája), és  $\mathbf{z}_{ij}$  az  $i$ . bika  $j$ . SNP-jéhez tartozó designvektor.  $\mathbf{z}_{ij} = [0 \ 2 \ 0]$  és  $[0 \ 0 \ 2]$  homozigóta (AA, illetve BB) bikák,  $\mathbf{z}_{ij} = [0 \ 1 \ 1]$  heterozigóta (AB) bikák, és  $\mathbf{z}_{ij} = [2 \ 0 \ 0]$  azon bikák esetén, ahol az adott SNP-hez tartozó információk hiányoznak.

A GWAS (a teljes genomra kiterjedő asszociációs vizsgálat) során a holstein-fríz teheneket tejhozam ( $TÉ_{tejt}$ ), zsírhozam ( $TÉ_{zsír}$ ) és fehérjehozam ( $TÉ_{fehérje}$ ) tenyésztérbecslésük alapján kategorizáltuk. A magas és alacsony csoportok kialakítása a következő küszöbértékek szerint történt: a  $TÉ_{tejt}$  magas kategória értéke meghaladta az 1465-öt, míg az alacsony 328 alatt volt; a

TÉ<sub>zsír</sub> esetében a magas érték >65, az alacsony pedig <19 volt; a TÉ<sub>fehérje</sub> tulajdonságnál pedig a magas >51, az alacsony <21 értékeket vett fel.

A tenyésztési értékek és az SNP-k közötti összefüggések azonosítására három független megközelítést alkalmaztunk: az SNP-k genetikai távolságának kiszámítását (Fst<sub>marker</sub>), lineáris regressziót, valamint haplotípus-asszociációs teszteket, amelyeket az SNP and Variation Suite (SVS) szoftver segítségével végeztünk. A haplotípus-asszociációs tesztben a vizsgálatot 5 markerre állítottuk be, majd khi négyzet próbát végeztünk. A haplotípusokat az elvárás-maximalizáló (EM, Expectation-Maximization) algoritmus segítségével konstruáltuk, 50 maximális iterációval és 0,0001 konvergenciatűréssel. A Manhattan-diagramok vizsgálata alapján a Fst<sub>marker</sub> és -log<sub>10</sub>(p) küszöbértékei a tejhozamnál 0,06; 8 és 8; a zsírhozamnál 0,06; 9 és 9; a fehérjehozamnál pedig 0,08; 9 és 9 értékeket mutattak. A küszöbérték feletti SNP-ket minden tulajdonságra meghatároztuk, majd azonosítottuk azokat, amelyek legalább két tulajdonsággal kapcsolatba hozhatók. Összesen 74 SNP-t azonosítottunk, amelyek téves azonosítási aránya (FDR, False Discovery Rate)  $1,3 \times 10^{-21}$  és  $6,0 \times 10^{-6}$  között mozgott. Az Fst<sub>marker</sub>, a lineáris regresszió és a haplotípus-asszociációs tesztek eredményeit az értékek 0 és 1 közötti átskálázásával és átlagolásával egységes indexekké alakítottuk.

Az elemzés során 5 SNP mutatott összefüggést a tej- és zsírhozam tenyésztési értékével, 44 SNP kapcsolódott a tejhozam és a fehérjehozam tenyésztési értékéhez, 16 SNP befolyásolta a zsír- és fehérjehozam tenyésztési értékét, 9 SNP pedig mindhárom tulajdonsággal, azaz a tej-, zsír- és fehérjehozammal is összefüggést mutatott.

A *Bos taurus* genom ARS-UCD1.2 változatát használtuk a közös találatoktól  $\pm 1$  millió bázispár (Mbp) távolságra található gének meghatározására (Értekezés 1. melléklet). Ha egyetlen gént sem találtunk a  $\pm 1$  Mbp-n belül, a távolságot kiterjesztettük  $\pm 3$  Mbp-ra.

## 2.2. BLUP tenyésztési értékbecslési módszerek összehasonlítása

A hazai tejágazatban az intenzíven tartott holstein-fríz állományok dominálnak, egy gazdaságban átlagosan 453 tejtermelés-ellenőrzött és törzskönyvezett tehénnel. A vizsgálatba csak olyan egyedek kerültek be, amelyek pedigre- és genomikai tenyésztési értékkel (TÉ<sub>Pedigre</sub>, TÉ<sub>Genomikai</sub>) is rendelkeztek. A BLUP EM tenyésztési értékbecslést a korábban genotipizált nőivarú egyedek ellése, első laktációjuk zárása és hivatalos küllemi bírálata után végeztük el. Összesen 1 616 549 nőivarú egyed kapott hagyományos tenyésztési értéket, közülük 23 561 egyednél genomikai tenyésztési értékbecslést is elvégeztünk. További szűrési kritériumként azonos telep, év, évszak és életkor szerepelt, így végül 190 azonos gazdaságból származó, azonos életkorú és laktációs stádiumú tehén került be az elemzésbe. A genotipizálás után a genomikai tenyésztési értékbecslést a CRV-Holland és a HFTE közösen végezte el. A csoport tejtermelés-ellenőrzési átlagértékei 305

napos standard laktációra vetítve a következők voltak: 10 910 kg tej (TH), 398 kg zsír (ZSH) és 365 kg fehérje (FH). A vizsgálati állományt azonos körülmények között, szabad tartásban, pihenőboxos istállóban tartották, ahol komplett takarmányadag (TMR, Total Mixed Ration) biztosította a táplálóanyag-ellátást. Az étrend kukoricaszilázsra, koncentrált takarmányra és adalékanyagokra épült. Az egységes tartási és takarmányozási feltételek kulcsfontosságúak voltak a környezeti hatások minimalizálásában, biztosítva, hogy a termelési jellemzők és a tenyésztértékek valóban a genetikai különbségeket tükrözzék.

Az összehasonlított BLUP tenyésztértékbecslési módszerek az alábbiak:

A **pedigré tenyésztérték** ( $TÉ_{Pedigré}$ ) az anya ( $BLUP_{tehén}$ ) és az apa ( $BLUP_{bika}$ ) hagyományos tenyésztértékének ( $TÉ_{Hagyományos}$ ) egyszerű számtani átlagértékéeként számítottuk ki az alábbiak szerint:

$$TÉ_{Pedigré} = \frac{TÉ_{BLUP_{tehén}} + TÉ_{BLUP_{bika}}}{2}$$

A **hagyományos BLUP tenyésztérték** ( $TÉ_{BLUP}$ ) Ennek alkalmazása során két mátrix került létrehozásra. Az egyik az adatbázis-mátrix, a másik pedig a pedigré-mátrix. A rokonok pedigré-mátrixa tartalmazta a teljes testvérek, féltestvérek, apák, anyák és nagyszülők pedigréadatait. A BLUP modellek magukban foglalták az anyai genetikai hatásokat és az anyai állandó környezeti hatásokat, mint véletlen hatásokat. A modellek az alábbiak szerint kerültek felépítésre:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_b + \mathbf{Z}_a + \mathbf{W}_{pe} + \mathbf{e}$$

ahol: „ $\mathbf{y}$ ” az észlelések vektora; „ $\mathbf{b}$ ” a fix hatások vektora; „ $\mathbf{a}$ ” az állatok véletlen hatásainak vektora; „ $\mathbf{pe}$ ” az állandó környezeti véletlen hatások vektora; „ $\mathbf{e}$ ” a véletlen reziduális hatások vektora;  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  és  $\mathbf{W}$  pedig a fix, állati és véletlen állandó környezeti hatásokkal kapcsolódó előfordulási mátrixok.

A **genomikai tenyésztértékbecslés** ( $TÉ_{Genomikai}$ ) módszere a 2.1, pontban került ismertetésre

A termelési tulajdonságok normalitását a Kolmogorov-Smirnov-teszttel, a változók homogenitását pedig a Levene-teszttel vizsgáltuk. A tulajdonságok közötti összefüggések elemzésére többtényezős varianciaanalízist (ANOVA) alkalmaztunk.

A tenyésztértékek és termelési adatok közötti kapcsolatokat Pearson-féle és Spearman rangkorrelációval határoztuk meg. Az adatok előkészítésére és rendszerezésére a Microsoft Excel 2019 és Word 2019, míg a statisztikai elemzések elvégzésére az SPSS 27.0 statisztikai szoftvercsomag szolgált.

### 3. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

#### 3.1. SNP vizsgálatok eredménye

A tejhozam (TH) és zsírhozam (ZSH) tenyésztékével 5 SNP mutatott kapcsolatot a 9., 18. és 19. kromoszómán. Ezen kívül 44 SNP kapcsolódott a TH és fehérjehozam (FH) tenyésztékéhez az 1-6, 11, 13-15, 18, 19, 24, 28 és X kromoszómán. A ZSH- és FH esetében 16 SNP-t azonosítottunk a 3., 11., 19., 22. és X kromoszómán, míg mindhárom termelési tulajdonsághoz – TH, ZSH és FH – 9 SNP volt köthető, amelyek a 2., 5., 28. és X kromoszómán helyezkedtek el. Az  $F_{st}$  marker maximális értéke 0,17, a lineáris regresszió  $-\log_{10}(p)$  értéke 24,9, míg a haplotípus-asszociáció  $-\log_{10}(p)$  értéke 26,4 volt. A legkiemelkedőbb SNP találatok (átlag  $>0,8$ ) a TH esetében a 2., 11., 19., 28. és X kromoszómán, a ZSH esetében a 3., 22., 28. és X kromoszómán, míg az FH esetében az 1. és 28. kromoszómán helyezkedtek el. A három termelési tulajdonsághoz kapcsolódó 9 SNP közül 7 a legnagyobb hatásúak között volt (átlag  $>0,8$ ), míg 3 SNP 1,18 millió bázispáron belül helyezkedett el a 28-as kromoszómán (Értekezés 2. melléklet).

#### 3.2. BLUP tenyésztékbecslési módszerek összehasonlító eredménye

A vizsgált 190 tehenet magában foglaló populáció standard laktációs teljesítménye kedvező volt, megfelelően az országos átlagnak: 10 910,50 kg tej (TH); 397,86 kg zsír (ZSH) és 365,33 kg fehérje (FH). A populáció homogenitását a variációs együttható (CV%) 15% alatti értékei is alátámasztották. A különböző tenyésztékek (TÉ) között jelentős eltérések mutatkoztak, különösen a minimális és maximális értékek tekintetében, ugyanakkor az átlagértékekhez viszonyított standard hibák (SE) 5% alatt maradtak. A  $TÉ_{Pedigré}$  minden esetben magasabb volt a másik két TÉ-nél, amely a szülői generáció és az utódgeneráció között ötévente végrehajtott bázisváltásnak tudható be. A tenyésztékek középértékei alapján a tejhozam (TH) esetében a  $TÉ_{Hagyományos}$  739,16 kg, a  $TÉ_{Genomikai}$  718,11 kg, míg a  $TÉ_{Pedigré}$  1379,57 kg volt. A zsírhozam (ZSH) esetében a  $TÉ_{Hagyományos}$  34,47 kg, a  $TÉ_{Genomikai}$  33,44 kg, a  $TÉ_{Pedigré}$  pedig 55,58 kg értéket mutatott. A fehérjehozam (FH) esetében a  $TÉ_{Hagyományos}$  27,01 kg, a  $TÉ_{Genomikai}$  26,05 kg, míg a  $TÉ_{Pedigré}$  49,33 kg volt. Az átlagokhoz viszonyított standard hibák (SE) minden esetben alacsonyak voltak, ami a becslések stabilitását jelzi.

A fenotípusos teljesítmény és a különböző tenyésztékbecslési módszerekkel ( $TÉ_{Hagyományos}$ ,  $TÉ_{Genomikai}$ ,  $TÉ_{Pedigré}$ ) kapott értékek közötti korrelációs együtthatók pozitívak, és többségük szignifikáns. A  $TÉ_{Hagyományos}$  mutatta a legszorosabb kapcsolatot a fenotípusos teljesítménnyel ( $r_{gp} = 0,61-0,70$ ), míg a  $TÉ_{Genomikai}$  gyengébb összefüggést mutatott ( $r_{gp} = 0,31-0,48$ ). A leggyengébb kapcsolat a  $TÉ_{Pedigré}$  és a fenotípus között figyeltük meg ( $r_{gp} = 0,15-0,24$ ).

A  $TÉ_{\text{Hagyományos}}$  és a  $TÉ_{\text{Genomikai}}$  között szoros genetikai összefüggés mutatkozott ( $r_g = 0,66-0,67$ ), míg a  $TÉ_{\text{Hagyományos}}$  és a  $TÉ_{\text{Pedigré}}$  között közepes-szoros kapcsolat állt fenn ( $r_g = 0,56-0,66$ ). A  $TÉ_{\text{Genomikai}}$  és a  $TÉ_{\text{Pedigré}}$  kapcsolata valamivel gyengébb, közepes-szoros összefüggést mutatott ( $r_g = 0,43-0,56$ ).

A rangkorrelációk alapján a  $TÉ_{\text{Hagyományos}}$  és a  $TÉ_{\text{Genomikai}}$  kapcsolatának szorossága ( $r_{\text{rank}} = 0,65-0,66$ ) megerősítette a genetikai összefüggéseket. A  $TÉ_{\text{Pedigré}}$  és a többi  $TÉ$  közötti rangkorrelációs együtthatók ( $r_{\text{rank}} = 0,12-0,57$ ) közepes erősségű kapcsolatot jeleztek, különösen a  $TÉ_{\text{Genomikai}}$  és a  $TÉ_{\text{Pedigré}}$  között ( $r_{\text{rank}} = 0,40-0,56$ ).

Megvizsgáltuk a tenyésztékek és a fenotípusos tulajdonságok közötti regressziós összefüggéseket. A ZSH esetében a  $TÉ_{\text{Pedigré}}$  kivételével minden együttható szignifikáns volt ( $p < 0,01$ ). A regressziós meredekség ( $b$ ) minden esetben pozitív értékeket mutatott, a legmagasabb értékek a  $TÉ_{\text{Hagyományos}}$  esetében jelentkeztek ( $b = 0,17-0,21$ ), ezt követte a  $TÉ_{\text{Genomikai}}$  ( $b = 0,10-0,15$ ), míg a  $TÉ_{\text{Pedigré}}$  alacsonyabb értékeket mutatott ( $b = 0,04-0,07$ ).

A  $TÉ_{\text{Hagyományos}}$  bizonyult a legpontosabbnak minden fenotípusos tulajdonság esetében ( $R^2 = 0,37-0,48$ ), ezt követte a  $TÉ_{\text{Genomikai}}$  ( $R^2 = 0,09-0,23$ ), míg a  $TÉ_{\text{Pedigré}}$  pontossága mutatott legalacsonyabb értéket ( $R^2 = 0,02-0,06$ ). A tejhozam (TH) és a zsírhozam (ZSH) esetében erősebb összefüggés mutatkozott a tenyésztékekkel, mint a fehérjehozamnál (FH).

Az eredmények azt igazolják, hogy a hagyományos BLUP-alapú tenyésztékek adják a legmegbízhatóbb előrejelzéseket, míg a genomikai BLUP mérsékeltebb, de még mindig szignifikáns kapcsolatot mutat. A pedigrén alapuló tenyésztékek pontossága jelentősen elmaradt a másik két módszerhez képest.

Eredményeink megerősítik a különböző tenyésztékebecslési módszerek eltérő megbízhatóságát és kiemelik a hagyományos BLUP modell pontosságát, amelyet a genomikai BLUP követ, míg a pedigrén alapuló becslés mutatta a legnagyobb bizonytalanságot.

Bár a genomikai tenyésztékek nem minden esetben haladták meg a hagyományos BLUP pontosságát, jelentőségük különösen a nehezen becsülhető tulajdonságok (pl. hosszú hasznos élettartam, metabolikus és egészségügyi mutatók) esetében mutatkozik meg. Az eredmények alátámasztják a genomikai szelekció szerepét, amely a tenyészállatok korai kiválasztásával csökkentheti a fenntartási költségeket, miközben javítja a genetikai előrehaladást.

A hagyományos tenyésztékek továbbra is referenciaként szolgálhatnak, biztosítva a genomikai értékelések kontrollját és hitelességét. Az összehasonlító vizsgálatok hozzájárulnak a tenyésztékebecslések finomhangolásához, ami a tenyésztési döntések pontosságának növelésével hosszú távú gazdasági előnyt biztosít a tejtermelő ágazat számára.

A T<sub>E</sub>Genomikai módszer előnye kis populációméretben vagy egységes környezeti feltételek mellett kevésbé volt egyértelmű, viszont jelentős előnyt nyújt a nehezen becsülhető tulajdonságok, esetében. Korai alkalmazása növeli a tenyésztők szelekciós munkájának hatékonyságát, csökkenti a fenntartási költségeket és javítja az állomány genetikai minőségét. A hagyományos tenyészértékbecslés továbbra is kontrollként szolgálhat a genomikai becslések megbízhatóságának növelésére.

#### 4. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK ÉS HASZNOSÍTÁSUK

##### 4.1. Új tudományos eredmények

1. A három BLUP módszer összehasonlítása alapján megállapítottam, hogy a hagyományos BLUP nyújtotta a legmegbízhatóbb becsléseket ( $R^2 = 0,37-0,48$ ), ezt követte a genomikai adatokkal kiegészített BLUP ( $R^2 = 0,09-0,38$ ), míg a legkevésbé megbízhatónak a pedigré BLUP bizonyult ( $R^2 = 0,02-0,08$ ).
2. Azonos környezetben a termelési tulajdonságokra becsült tenyészérték validálására a tényleges, 305-napos, tej-, tejszír-, és tejfehérje- fenotípusos teljesítmény alkalmasnak bizonyult.
3. Elsőként határoztam meg 74 olyan SNP-t a holstein-fríz fajtában, amelyek egyidejűleg két vagy három tenyészérték kialakításában is szerepet játszanak.
4. A 74 SNP regressziós vizsgálata alapján megállapítottam, hogy a legtöbb marker hatása a tenyészértékekre azonos irányba mutatott. Ugyanakkor az elemzés során olyan markereket is azonosítottam (BTB-00219372 és BovineHD3000027615), amelyek alkalmazása óvatosságot igényel, mivel míg az egyik tenyészértéket növelik, addig egy másik vagy akár kettő csökkenését eredményezhetik.
5. Négy olyan gént azonosítottam (EFCAB10, GLOD5, NONO és TMEM70), amelyeket korábban nem vizsgáltak szarvasmarhában, ill. nem hoztak összefüggésbe tejtermelési tulajdonságokkal.

#### **4.2. Az eredmények hasznosíthatósága**

A holstein-fríz fajtára alapozott tejtermelés fenntarthatóságát számos tényező, köztük a tenyésztékek komplex értékelése és a genotípus–környezet közötti egyensúly fenntartása javíthatja. A genomikai információkra alapozott szelekció lehetővé teszi a hatékonyabb tejtermelést, csökkentve ezzel a környezetre gyakorolt hatást.

A vizsgálat során azonosított SNP-k számos olyan gén közelében találhatók, amelyeket eddig nem kapcsoltak tejtermelési tulajdonságokhoz, így potenciálisan új szelekciós célpontokká válhatnak. Az egymással összhangban ható markerek segítik a tenyész kiválasztást, míg az ellentétes hatású SNP-k alkalmazása fokozott körültekintést igényel.

Az eredmények jelentősége abban rejlik, hogy lehetővé teszik a tenyésztékbecslési módszerek validálását, különösen az eltérő becslési technikák és a ténylegesen realizált teljesítmények összevetésével. Ez új lehetőségeket kínál a genomikai szelekció gyakorlati alkalmazására.

A kutatás eredményei kézzelfogható gazdasági előnyt jelentenek a hazai holstein-fríz tenyésztők számára, mivel a korai tenyész kiválasztás és a hatékony (nemzeti, illetve telepi szintű) tenyésztési program hozzájárulhat az optimális állomány méret kialakításához, ezáltal növelve a tejtermelés jövedelmezőségét, miközben jelentősen csökkenti a környezet terhelését.

## 5. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK

### 5.1. Idegen nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk

**Bognár L.** - Kőrösi Zs.J. - Anton I. - Bene Sz. - Szabó, F. (2024): Different breeding values under uniform environmental condition for milk production yield traits in Holstein cows. *Animals* 15, (51). 11. <https://doi.org/10.3390/ani15010051> Q1, IF=2,7

**Bognár L.** - Kőrösi Zs.J. - Bene Sz.A. - Szabó F. - Anton I. - Zsolnai, A. (2024): Simultaneous effects of single-nucleotide polymorphisms on the Estimated Breeding Value for milk, fat and protein yield of Holstein-Friesian cows in Hungary. *Animals* 14 (23), 3518. <https://doi.org/10.3390/ani14233518>. Q1, IF=2,7

Bene Sz. - Kőrösi Zs.J. - **Bognár L.** - Polgár JP. - Szabó F (2024): Population Genetic Features of Calving Interval of Holstein-Friesian Cows Bred in Hungary. *Animals* 14, (17) 2513. <https://doi.org/10.3390/ani14172513>. Q1, IF=2,7

**Bognár L.** - Szabó F. (2023): Management of “Modern” Holstein Cows Focusing on Sustainability and Resilience – Review of Recent Achievements. *CHEMICAL ENGINEERING TRANSACTIONS* 107, 169-174. Q3

### 5.2. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk

**Bognár L.** - Kőrösi Zs. - Bene Sz. - Szabó F. (2024): 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. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 73. 2. 109-119.

**Bognár L.** (2021): A hazai genomikai tenyészértékbecslés gyakorlati tapasztalatai a holstein-fríz fajta tenyésztési programjában (Practical experiences of the Hungarian genomic breeding value estimation in the breeding program of the Holstein-Friesian genetic programme). *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 70. 3. 250-269.

**Bognár L.** (2013): Új irányzatok a tejtermelő szarvasmarhatenyésztésben. A genomikus tenyészértékbecslés. (New trends in dairy cattle breeding. Genomic breeding value estimation). *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 62. 4. 367-373.