

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

BOGNÁR LÁSZLÓ

MOSONMAGYARÓVÁR

2025

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

**SZÉCHENYI ISTVÁN EGYETEM
ALBERT KÁZMÉR MOSONMAGYARÓVÁRI KAR
ÁLLATTUDOMÁNYI TANSZÉK**

**WITTMANN ANTAL NÖVÉNY-, ÁLLAT- ÉS ÉLELMISZERTUDOMÁNYI
MULTIDISZCIPLINÁRIS DOKTORI ISKOLA**

UJHELYI IMRE ÁLLATTUDOMÁNYI DOKTORI PROGRAM

DOKTORI ISKOLA VEZETŐ:

DR. VARGA LÁSZLÓ, AZ MTA DOKTORA, EGYETEMI TANÁR

DOKTORI PROGRAMVEZETŐ:

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

ÉRTEKEZÉS CÍME:

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

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
5.1.	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 közel 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 a következő vizsgálati célokat tűztem ki:

1. a hazai holstein-fríz populáció genomikai tenyészértékbecslésének bevezetése, illetve a kapott tenyészértékek populációs szintű validálása,
2. első laktációs HF tehenek termelési tulajdonságainak tenyészértékbecslése három különböző (pedigrén alapuló, hagyományos és genomikai BLUP-) módszerrel,
3. a három BLUP-módszer pontosságának, előre jelző képességének, valamint megbízhatóságának értékelése azonos évben, évszakban, illetve 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, illetve három tulajdonságra becsült TÉ kialakításában is szerepet játszanak,
6. az előbbi szempontok alapján kiválasztott SNP-k és a TÉ-ek regressziós együtthatóinak (a változások irányának és mértékének) meghatározása.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

2.1. A genomanalízis és a genomikai tenyésztértékbecslés módszere

A HUNGENOM projekt keretében megvalósult kutatás során az Illumina EuroG MD BeadChip technológiát alkalmaztuk. A nemzetközi együttműködés révén a magyar minták feldolgozását végző laboratórium hozzáférést biztosított egy nagyméretű SNP-referenciaadatbázishoz, amely alapul szolgált a tenyésztértékbecsléshez. A vizsgálat során 2 963 HF tehén fenotípusos és genotípusos adatait elemeztük, amelyeket a Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete (HFTE) bocsátott rendelkezésünkre. A genotipizálás az EuroG_MDv4 microarray (EuroGenomics, Amszterdam) segítségével történt, és kizárólag a 0,95 feletti találati arányú mintákat vettük figyelembe. Ennek eredményeként a végső adathalmaz 59 151 SNP-t tartalmazott. A tenyésztértékbecslést 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 poligénhatás, \mathbf{q}_j (3×1) 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 skálafaktor \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, továbbá $\mathbf{z}_{ij} = [2 \ 0 \ 0]$ azon bikák esetén, ahol az adott SNP-hez tartozó információk hiányoznak.

A GWAS (a teljes genomra kiterjedő asszociációs vizsgálat) során a HF teheneket tejhozam- (TH), zsírhozam- (ZSH) és fehérjehozam- (FH) tenyésztértékeik alapján kategorizáltuk. A magas és alacsony tenyésztértékű csoportok kialakítása a következő küszöbértékek szerint történt: a TH esetében a magas kategóriába tartozó egyedek tenyésztértéke meghaladta az 1 465-öt, míg az alacsony kategóriáé 328 alatt maradt; a ZSH esetében a magas érték > 65 , az alacsony pedig < 19 volt; míg a FH tulajdonságnál a magas kategória > 51 , az alacsony < 21 értékekkel jellemezhető.

A tenyésztértékek és az SNP-k közötti összefüggések azonosítására három független megközelítést alkalmaztunk: az SNP-k genetikai távolságának kiszámítását (F_{st_marker}), 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 χ^2 -próbát végeztünk. A haplotípusokat az elvárásmaximalizáló (EM, Expectation-Maximization) algoritmus segítségével konstruáltuk, 50 maximális iterációval és 0,0001 konvergenciátűréssel. A Manhattan-diagramok vizsgálata alapján a Fst_marker és $-\log_{10}(p)$ küszöbértékei a tejhozamnál 0,06; 8 és 8; a zsírhozamnál 0,06; 9 és 9; a fehérjéhezamnál pedig 0,08; 9 és 9 értékeket mutattak. A küszöbérték feletti SNP-eket 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_marker, a lineáris regresszió és a haplotípus-asszociációs elemzés eredményeit 0 és 1 értékek közé standardizáltuk, majd az egyes tenyésztési értékek esetében átlagoltuk.

Az elemzés során 5 SNP mutatott összefüggést a TH és a ZSH tenyésztési értékével, 44 SNP kapcsolódott a TH és a FH tenyésztési értékéhez, míg 16 SNP befolyásolta a ZSH és a FH tenyésztési értékét. További 9 SNP mindhárom tulajdonsággal – azaz a TH-mal, a ZSH-mal és a FH-mal is – összefüggést mutatott.

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

2.2. BLUP-tenyésztési értékbecslési módszerek összehasonlítása

A hazai tejágazatban az intenzíven tartott HF 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_{Pedigre}, TÉ_{Genomikai}) 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 egyed genomikai tenyésztési értékét is meghatároztuk. 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 TH, 398 kg ZSH és 365 kg FH. A vizsgálati állományt azonos körülmények között, szabad tartásban, pihenőboxos istállóban tartották, ahol komplett takarmányadag (TMR, Total Mixed Ration) biztosította a táplálékanyag-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 tenyésztékek valóban a genetikai különbségeket tükrözzék.

Az összehasonlított BLUP-tenyésztékbecslési módszerek a következők:

A **pedigré-tenyésztéket** ($TÉ_{Pedigré}$) az anya ($BLUP_{tehén}$) és az apa ($BLUP_{bika}$) hagyományos tenyésztékekének ($TÉ_{Hagyományos}$) egyszerű számtani átlagértékeként számítottuk ki az alábbiak szerint:

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

A **hagyományos BLUP-tenyészték** ($TÉ_{BLUP}$) alkalmazása során két mátrixot hoztunk létre. Az egyik az adatbázismátrix, a másik pedig a pedigrémátrix. A rokonok pedigrémátrixa 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 felépítése a következő:

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

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, X , Z és W pedig a fix, állati és véletlen állandó környezeti hatásokkal kapcsolódó előfordulási mátrixok.

A **genomikai tenyésztékbecslés** ($TÉ_{Genomikai}$) 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 tenyésztékek és a termelési adatok közötti kapcsolatokat Pearson-féle, illetve Spearman-féle 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 TH és a ZSH tenyésztékével 5 SNP mutatott kapcsolatot a 9., 18. és 19. kromoszómán. Ezen kívül 44 SNP kapcsolódott a TH és 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 Fst_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 TH; 397,86 kg ZSH és 365,33 kg FH. A populáció homogenitását a variációs együttható (CV%) 15% alatti értékei is alátámasztották. A különböző TÉ-ek között jelentős eltérések mutatkoztak, különösen a minimális és a maximális értékek tekintetében, ugyanakkor az átlagértékekhez viszonyított standard hibák (SE-k) 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 TH esetében a $TÉ_{Hagyományos}$ 739,16 kg, a $TÉ_{Genomikai}$ 718,11 kg, míg a $TÉ_{Pedigré}$ 1 379,57 kg volt. A ZSH-ra vonatkozóan ugyanezen mutatók rendre 34,47 kg, 33,44 kg és 55,58 kg értéket tettek ki. A FH esetében a $TÉ_{Hagyományos}$ 27,01 kg, a $TÉ_{Genomikai}$ 26,05 kg, a $TÉ_{Pedigré}$ pedig 49,33 kg volt. Az átlagokhoz viszonyított SE-k minden esetben alacsonynak bizonyultak, 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 $TÉ_{Hagyományos}$ állt a legszorosabb kapcsolatban a fenotípusos teljesítménnyel ($r_{gp} = 0,61–0,70$), míg a $TÉ_{Genomikai}$ gyengébb összefüggést mutatott ($r_{gp} = 0,31–0,48$). A legalacsonyabb korrelációs értékeket 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 volt kimutatható ($r_g = 0,66-0,67$), ugyanakkor a $TÉ_{\text{Hagyományos}}$ és a $TÉ_{\text{Pedigré}}$ esetében 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 $TÉ_{\text{Pedigré}}$ relációja esetében ($r_{\text{rank}} = 0,40-0,56$).

Megvizsgáltuk a tenyésztékek és a fenotípusos tulajdonságok közötti regressziós összefüggéseket is. A ZSH esetében a $TÉ_{\text{Pedigré}}$ kivételével minden együttható szignifikáns volt ($p < 0,01$). A regressziós meredekség (b) valamennyi esetben pozitív értéket mutatott; a legnagyobb meredekség a $TÉ_{\text{Hagyományos}}$ esetében volt megfigyelhető ($b = 0,17-0,21$), ezt követte a $TÉ_{\text{Genomikai}}$ ($b = 0,10-0,15$), majd legalacsonyabb értékekkel a $TÉ_{\text{Pedigré}}$ ($b = 0,04-0,07$).

A három fenotípusos tulajdonság tekintetében a $TÉ_{\text{Hagyományos}}$ bizonyult a legpontosabbnak ($R^2 = 0,37-0,48$), ezt sorrendben a $TÉ_{\text{Genomikai}}$ ($R^2 = 0,09-0,23$), végül a $TÉ_{\text{Pedigré}}$ követte ($R^2 = 0,02-0,06$). A TH és a ZSH esetében erősebb összefüggés volt kimutatható a tenyésztékekkel, mint a FH-nál.

Az eredmények azt igazolják, hogy a hagyományos BLUP-alapú tenyésztékek adják a legmegbízhatóbb előrejelzéseket, míg a genomikai BLUP-tenyésztékek mérsékeltebb, de még mindig szignifikáns kapcsolatot mutatnak a fenotípusos teljesítménnyel. A pedigrére épülő tenyésztékek pontossága viszont jelentősen elmarad a másik kettőéhez 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 mutatja a legnagyobb bizonytalanságot.

Bár kutatásunkban a genomikai tenyésztékek nem minden esetben haladták meg a hagyományos BLUP pontosságát, jelentőségük különösen a nehezen becsülhető tulajdonságok (például a hosszú hasznos élettartam, a metabolikus és egészségügyi mutatók) esetében kiemelkedő. Eredményeink alátámasztják a genomikai szelekció fontos szerepét, amely a tenyészállatok korai kiválasztásával nemcsak a genetikai előrehaladást gyorsítja, de a fenntartási költségeket is csökkentheti.

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

Bár a $T\hat{E}_{\text{Genomikai}}$ -módszer előnye kis populációméret vagy egységes környezeti feltételek mellett kevésbé érvényesül, alkalmazása különösen előnyös a nehezen becsülhető tulajdonságok esetében. Korai alkalmazása növeli a tenyésztők szelekciós munkájának hatékonyságát, csökkenti a fenntartási költségeket, és javítja az állomány genetikai tulajdonságait. A hagyományos tenyészértékbecslés ugyanakkor továbbra is kontrollként szolgálhat a genomikai becslések megbízhatóságának növelésére.

4. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK ÉS HASZNOSÍTÁSUK

4.1. Új tudományos eredmények

1. Elsőként alkalmaztam a fenotípus és a genotípus közötti Pearson-féle korrelációt a különböző tenyészértékbecslési módszerek megbízhatóságának jellemzésére. A három BLUP-módszer összehasonlítása alapján megállapítottam, hogy a hagyományos BLUP nyújtotta a legmegbízhatóbb becsléseket ($r = 0,61-0,70$), ezt követte a genomikai adatokkal kiegészített BLUP ($r = 0,31-0,48$), míg a legkevésbé megbízhatónak a pedigre BLUP bizonyult ($r = 0,15-0,24$).
2. Rámutattam arra, hogy a holstein-fríz tehenek termelési tulajdonságokra becsült tenyészértékei validálására alkalmas az azonos évben, évszakban született, azonos környezetben tartott, azonos takarmányozásban, gondozásban részesített egyedek 305 napos tej-, tejsír- és tejfehérje-termelése.
3. Elsőként határoztam meg holstein-fríz fajtában három különböző módszer (az SNP-k genetikai távolsága, lineáris regresszió és haplotípus-asszociáció) alapján olyan SNP-ket, amelyek egyidejűleg két vagy három – tejtermeléssel kapcsolatos – tenyészérték kialakításában is szerepet játszanak.
4. Az azonosított SNP-k (74) regressziós vizsgálata alapján megállapítottam, hogy a legtöbb marker tenyészértékekre gyakorolt hatása azonos irányba mutatott. Ugyanakkor az elemzés során olyan markereket is azonosítottam (BTB-00219372 és BovineHD3000027615), amelyek alkalmazása óvatosságot igényel, mivel ezek míg az egyik tenyészértéket növelik, addig egy vagy akár mindkét másik tenyészérték csökkenését eredményezhetik.
5. Négy olyan gént azonosítottam (*EFCAB10*, *GLOD5*, *NONO* és *TMEM70*), amelyeket korábban nem vizsgáltak szarvasmarhában, illetve nem hozták összefüggésbe tejtermelési tulajdonságokkal.

4.2. Az eredmények hasznosíthatósága

A felelős HF tenyésztés új megközelítést kíván, amely számos tényező, köztük a tenyészértékek együttes figyelembevételét helyezi előtérbe a fenntarthatóság és a regeneratív fejlődés érdekében. A genotípus és a környezet közötti egyensúly fenntartása jelentős mértékben javíthatja a HF fajtára alapozott tejtermelés fenntarthatóságát és alkalmazkodóképességét. A genomikai információ és a genomikai szelekciós rendszerek alkalmazása lehetőséget teremt arra, hogy az ezekre alapozott tudatos tenyésztési döntések eredményeként a tehének egészségesebben, jobb szaporodásbiológiai mutatók mellett, hatékonyabban, kevesebb takarmányból több tejet termeljenek, ezzel is csökkentve a környezetre gyakorolt kedvezőtlen hatásokat.

A vizsgálat során azonosított SNP-k számos olyan gén közelében helyezkednek el, amelyeket szarvasmarhák esetében eddig nem vizsgáltak, és amelyek potenciális célpontként szolgálhatnak a tejtermelési mutatókhoz kapcsolódó újabb gyakorlati alkalmazásokhoz. A két vagy három tenyészértékkel összefüggő markerek hatékonyan alkalmazhatók a szelekcióban, elősegítve a genetikai fejlődés felgyorsítását, valamint támogatva a tenyésztőket, szakembereket, szarvasmarhatartókat tenyésztési és szelekciós céljaik elérésében. Az azonos irányba ható markerek megkönnyítik a tenyész kiválasztást, míg az ellentétes hatású markerek kezelése fokozott körültekintést igényel, mivel ezek egy tenyészértéket növelhetnek, miközben egy másikat vagy akár kettőt is csökkenthetnek.

A vizsgálati eredmények értékét a tenyészértékek validálásában való alkalmazhatóságuk adja, különösen az eltérő becslési módszerek és a ténylegesen megvalósult teljesítmény közvetlen összehasonlítása révén, egységes környezeti feltételek mellett. Ez új perspektívát kínál a genomikai szelekció gyakorlati alkalmazásához a HF szarvasmarha tenyésztésében.

A kutatás eredményei kézzelfogható gazdasági előnyt nyújtanak a hazai HF tenyésztők számára, mivel a korai tenyész kiválasztás és a hatékony (nemzeti, illetve telepi szintű) tenyésztési programok hozzájárulhatnak az optimális állomány méret kialakításához, ezáltal növelve a tejtermelés jövedelmezőségét, és jelentősen csökkentve 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-Friesian 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, J. P. – 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, pp. 169–174. Q3

5.1. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk

Bognár L. - Kőrösi Zs. J. - 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. [Literature review]) *Állattenyésztés és Takarmányozás* 73 (2), 109–119. old.

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. old.

Bognár L. (2013): Új irányzatok a tejtermelő szarvasmarha-tenyésztésben. A genomikus tenyészértékbecslés. (New Trends in Dairy Cattle Breeding. Genomic Breeding Value Estimation). *Állattenyésztés és Takarmányozás* 62 (4), 367–373. old.

