

RÖVID DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS

A MAGYARORSZÁGI ANGUS ÁLLOMÁNYOK GENETIKAI ELEMZÉSE

**KÉSZÍTETTE:
MÁRTON JUDIT**

**MOSONMAGYARÓVÁR
2025.**

SZÉCHENYI ISTVÁN EGYETEM
MEZŐGAZDASÁG- ÉS ÉLELMISZERTUDOMÁNYI KAR
WITTMANN ANTAL NÖVÉNY-, ÁLLAT- ÉS ÉLELMISZERTUDOMÁNYI
MULTIDISZCIPLINÁRIS
DOKTORI ISKOLA
UJHELYI IMRE ÁLLATTUDOMÁNYI DOKTORI PROGRAM



DOKTORI ISKOLA VEZETŐ:
DR. VARGA LÁSZLÓ DSC
EGYETEMI TANÁR

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

TÁRS-TÉMAVEZETŐ:
DR. ANTON ISTVÁN, DSC
PROFESSOR EMERITUS

A MAGYARORSZÁGI ANGUS ÁLLOMÁNYOK GENETIKAI ELEMZÉSE

KÉSZÍTETTE:
MÁRTON JUDIT
MOSONMAGYARÓVÁR

2025.

A rövid értekezés háttere

A Wittmann Antal növény-, állat- és élelmiszer-tudományi multidiszciplináris doktori iskola működési szabályzatának 1. sz. melléklete alapján a “klasszikus” doktori értekezés helyett lehetőség van ún. rövid értekezés készítésére. Ebben a doktorjelölt tömören foglalja össze a doktori kutatómunkája témakörében megjelent tudományos közleményeiben publikált eredményeit, mellékelve magukat a közleményeket is. A rövid értekezés és a mellékelt publikációk együtt képezik a doktori művet. A rövid értekezésnek elsőszerzős, a **SCImago** adatbázisban (<https://www.scimagojr.com/journalrank.php>) szereplő Q1–Q3 besorolású folyóiratokban megjelent, ill. megjelenésre elfogadott teljes terjedelmű eredeti közleményeken (full-length original research paper) kell alapulnia. E közleményeknek összesen minimum 6 pontot kell érniük az alábbi számítás szerint úgy, hogy közülük legalább az egyiknek Q1-es vagy Q2-es folyóiratban megjelentnek (vagy megjelenésre elfogadottnak) kell lennie. Q1-es cikk: 4 pont, Q2-es cikk 2 pont, Q3-as cikk: 1 pont.

A feltételek teljesülése a csatolt publikációk (5.1. lista) alapján:

- Archives Animal Breeding, (Q2, IF.:1,75) 2 pont
 - ANIMALS, vol. 14, no. 24, 2024. 13 p. (Q1, IF.:2,94) 4 pont
 - ANIMAL BIOSCIENCE, vol. 37, no. 2, pp. 184–192, 2024. (Q1, IF.:2,4) 4 pont
- Összesen: 10 pont**

Tartalomjegyzék

1.	A KITŰZÖTT KUTATÁSI FELADAT RÖVID ÖSSZEFOGLALÁSA	5
1.1.	Bevezetés.....	5
2.	ANYAG ÉS MÓDSZER	2
2.1.	A magyarországi angus állományok populáció genetikai vizsgálata, értékmérő tulajdonságaik elemzése	2
2.2.	A Magyarországon tenyésztett angus tehének első elléskori életkorának populációgenetikai jellemzőinek vizsgálata, a tenyész bikák tenyészértékbecslése	3
2.3.	Értékmérő tulajdonságok elemzése az eltérő genetikai angus csoportok között.....	4
3.	EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK	5
3.1.	A magyarországi angus állományok populáció genetikai sajátosságai.....	5
3.2.	A hazai angus tehének első elléskori életkorának (AFC) populációgenetikai jellemzői	8
3.2.1.	A környezeti tényezők hatása	8
3.2.2.	Populációgenetikai paraméterek	11
3.2.2.	Az apa hatása az első ellési életkorra	11
3.2.4.	Fenotípusos és genetikai trendek az első ellési életkorban	12
3.3.	Az értékmérő tulajdonságok összehasonlító vizsgálatainak eredménye az angus ...	14
3.3.1.	Első elléskori életkor (AFC)	14
3.3.2.	Élve született borjak száma (NCB)	14
3.3.3.	Hasznos élettartam (LP)	14
3.3.4.	Selejtezési kor (AGE).....	14
3.3.5.	Születési súly (BW).....	16
3.3.6.	205 napra korrigált súly (WW)	16
4.	AZ EREDMÉNYEK HASZNOSÍTHATÓSÁGA	17
5.	ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	19
6.	AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK	20
6.1.	Idegen nyelvű folyóiratban lektorált cikk	20
6.2.	Magyar nyelvű folyóiratban megjelent publikáció	20

1. A KITŰZÖTT KUTATÁSI FELADAT RÖVID ÖSSZEFOGLALÁSA

1.1. Bevezetés

A húsmarhatartás és húsmarhatenyésztés kiemelt szerepet játszik a globális élelmiszertermelésben, minőségi fehérjeforrás előállításában. Sokoldalúsága számos anyagi és nem anyagi előnnyel jár a társadalom számára. A marhahúságazat több olyan kihívással is szembesül, amelyeket fenntarthatósági szempontból szükséges kezelni. A fokozott élelmiszer iránti kereslet kielégítése, a marhahústermelés volumenének növelése a jelenlegi kevésbé fenntartható rendszerekkel jelentősebb környezeti terheléssel járna, közvetlenül károsíthatná az ökoszisztémát. A fenntarthatóbb marhahústermelés érdekében elengedhetetlen olyan genetikai és gazdálkodási stratégiák kidolgozása, amelyek javítják a termelékenységet, miközben csökkentik a környezeti lábnyomot. A marhahúságazat legfőbb korlátja a kedvezőtlen reprodukció, a jelentősen alacsonyabb termelékenység, hosszabb termelési ciklus más állatfajokhoz képest. A húsmarhaállományok gazdasági fenntarthatóságát számos tulajdonság befolyásolja, amelyek közvetlen hatással vannak a tehén reprodukív és produktív teljesítményére. A hatékonyság növelése, a támogatásoktól való függés csökkentése, a jövedelmezőség javítása és fenntarthatósági követelményeknek való megfelelés teljesítése kulcsfontosságú tényezők az ágazat hosszútávú versenyképessége szempontjából. Az ellési időszakban korábban ellő üszők megközelítőleg eggyel több borjút adnak életük folyamán, a később ellő társaiknál. A hasznos élettartam növelése közvetlenül javítja a jövedelmezőséget, csökkenti a költségeket. Szakirodalmi adatok alapján hat választott borjút szükséges egy tehén beállításának gazdasági megtérüléséhez.

Az angus az egyik legősibb, legelterjedtebb húsmarhafajta világszerte. Számos nemzetközi kutatási eredmény, gyakorlati tapasztalat alapján az angus igénytelenebb, jobban alkalmazkodik a klimatikus és egyéb körülményekhez, olcsóbban tartható, jó minőségű végterméket ad, temperamentuma és kezelhetősége biztonságosabb munkakörnyezetet biztosít. Kevés adat áll rendelkezésre a hazai angus populáció genetikai sajátosságairól, ami korlátozza a célzott tenyésztési és szelekciós stratégiák kidolgozását. Az angus fajtán belül genetikai eltérések figyelhetők meg, amelyek hatással vannak értékmérő tulajdonságokra, figyelembevételük hozzájárulhat a tenyésztési stratégiák optimalizálásához. A fajta megfelelő genetikai szelekciója és optimalizált tenyésztési programja hosszú távon jelentős előnyöket biztosíthatnak a magyar és nemzetközi húsmarhaágazat számára.

Vizsgálataim során az alábbi célkitűzéseket határoztam meg:

1. A magyarországi angus törzstenyészetek populációgenetikai szerkezetének, jellemzőinek vizsgálata, az egyes részpopulációk egymáshoz viszonyított elhelyezkedésének, genetikai távolságának megállapítása, beltenyésztettségi fokának feltérképezése.
2. A fenntarthatóságot és jövedelmezőséget nagy mértékben meghatározó tulajdonságok (születési súly (BW), első elléskori életkor (AFC), az élve született borjak száma (NCB), a hasznos élettartam (LP), 205 napra korrigált súly (WW)) elemzése a különböző angus genetikai csoportok között.
3. A magyarországi angus állományok első elléskori életkorára vonatkozó populációgenetikai paraméterek meghatározása GLM apa - és BLUP egyed modell használatával. Az alkalmazott modellekkel kapott eredmények összehasonlítása.
4. A környezeti és genetikai tényezők hatásának vizsgálata az első elléskori életkorra.
5. Az első elléskori életkor fenotípusos és genetikai trendjeinek elemzése a magyar angus populációban.
6. Az angus tenyészbikák tenyészértékének meghatározása, GLM apa és BLUP egyedmodell segítségével az első elléskori életkorra vonatkozóan.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatok a Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesületének (MHAGTE) törzskönyvezési és teljesítményvizsgálati adatainak felhasználásával történtek. Az adatok leválogatásához az MHAGTE registry szoftverét használtam. Az információk előkészítését Microsoft Excel 2021 MSO, Microsoft Word 2021 MSO programokkal végeztem. Az értékelést, a korrelációs mátrix összeállítását az IBM SPSS Statistics for Windows, Version 27.0 segítségével hajtottam végre (IBM SPSS 27.0, 2024).

2.1. A magyarországi angus állományok populáció genetikai vizsgálata, értékmérő tulajdonságaik elemzése

A magyarországi angus állományok populáció genetikai vizsgálatának, értékmérő tulajdonságaik elemzése során 16 magyarországi törzstenyészetből származó 1369 angus szarvasmarha mintáit vizsgáltuk. A genotípusok azonosításához 12 mikroszatellit markert elemeztünk (BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, TGLA122, TGLA126, BM1818, MGTG4B, CSSM66, CSRM60) ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems,

Foster City, CA, USA) automatizált eszköz segítségével. Az egyes érékmérő tulajdonságok vizsgálatához 4082 tehén termelési adatait (születési súly, első elléskori életkor, született borjak száma, hasznos élettartam) elemeztük. A 16 törzstenyészlet esetében genetikailag meghatározott négy csoportot különítettünk el: kék (ACM): kanadai és amerikai típusú vörös, nagyramájú, modern típus; piros (FJLNOP): hagyományos típusú vörös; zöld (BDEGHI): hagyományos, brit típusú; sárga (K): hagyományos brit típusú fekete és amerikai importból származó vörös. Az adatfeldolgozás és elemzés az alábbi szoftverekkel történt: IBM SPSS Statistics 27.0 (adatértékelés, korrelációs mátrix összeállítás), PowerMarker, Genalex 6.5, GDA-NT2021 (populációgenetikai paraméterek), STRUCTURE (klaszterszám meghatározás), MEGA (dendrogram készítés), Python Networkx 2.3 (köztes centralitás, genetikai hasonlósági háló elemzés).

2.2. A Magyarországon tenyésztett angus tehének első elléskori életkorának, populációgenetikai jellemzőinek vizsgálata, a tenyészbikák tenyészértékbecslése

Az 1998 - 2021 között született tehének első ellési életkorát (AFC) vizsgáltuk. Az adatbázis 2955 ismert anyai és apai származású törzskönyvezett angus és magas angus vérhányadú (>75%) tehenet tartalmazott öt különböző genetikai csoportban sorolva. A vizsgált populáció egyedei 2106 tehén és 200 angus tenyészbika ivadéka. Az AFC meghatározásakor csak az élve született borjakat vettük figyelembe. A genetikai csoportokat származás, színváltozat, méret és típus szerint különböztettük meg: 1. csoport: kanadai és amerikai típusú vörös angus nagyramájú, modern típus; 2. csoport: hagyományos típusú vörös angus; 3. csoport: hagyományos, kizárólag brit típusú angus; 4. csoport: hagyományos brit típusú fekete és amerikai importból származó vörös angus; 5. egyéb csoport: a 4 csoportból származó egyedeinek keveréke. Az AFC tulajdonságot befolyásoló különböző genetikai és környezeti tényezők fix és véletlenszerű tényezőinek hatását General Linear Modell (GLM) - Anova Type III egyváltozós varianciaanalízissel értékeltük (3. táblázat), a BLUP modellel történő futtatás előtt. A modell összeállításakor az apa (a tehén apja) véletlenszerű hatásként, míg a többi vizsgált tényező (állomány, a tehén színváltozata, a tehén születési éve és a tehén születési időszaka) rögzített hatásként került figyelembevételre. A becslési modell:

$$\hat{y}_{hijkl} = \mu + S_h + F_i + C_j + Y_k + M_l + e_{hijkl}$$

ahol \hat{y}_{hijkl} = az AFC becsült értéke "h" apától származó tehén esetében az "i" állományban, "j" színnel, "k" születési évben és "l" születési idényben; μ = az összes megfigyelés átlaga; S_h = az apa véletlenszerű hatása; F_i = az állomány rögzített hatása; C_j = a tehén színváltozatának

rögzített hatása; Y_k = a születési év rögzített hatása; M_1 = a születési évszak rögzített hatása; és e_{hijkl} = véletlenszerű hiba.

A populációgenetikai paraméterek meghatározása, a tenyészbikák tenyészértékének becslése a GLM apa és a BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) egyed modell használatával történt. Az AFC genetikai trendjét a vizsgált állatok átlagos tenyészértékéből (TÉ) GLM és BLUP modellek alkalmazásával határoztuk meg. Az AFC genetikai trendjét lineáris regressziós módszerrel vizsgáltuk, három különböző forrást használva: az apák GLM alapú TÉ-ét, az apák BLUP alapú TÉ-ét, az azonos évben született teljes populáció BLUP alapú TÉ-ét.

1. táblázat: A becsléshez alkalmazott modellek

A modell típusa	GLM módszer	BLUP egyedmodell
Véletlen hatások		
– apa (a tehén apja)	+	–
– tehén (állat)	–	+
– anyai genetikai hatás	–	+
Fix hatások		
– állomány	+	+
– a tehén színváltozata	+	+
– a tehén születési éve	+	+
– a tehén születési évszaka	+	+
Származási mátrix		
– egyed (tehén)	–	+
– apa	–	+
– anya	–	+
– teljes testvérek, fél testvérek	–	+
– nagyszülők	–	+
Vizsgált tulajdonság		
– életkor az első elléskor	+	+

+, a modell tartalmazta ezt a hatást; – a modell nem tartalmazta ezt a hatást.

A fenotípusos trend számításakor az évenkénti AFC-t átlagoltuk, az átlagértékeket a születési év függvényében ábrázoltuk és lineáris regressziós elemzéssel meghatároztuk a fenotípusos trend irányát és mértékét. A függő változó (Y) az értékelt tulajdonság (AFC átlaga), a független változó (X) a tehén születési éve. Meghatároztuk a meredekséget (b), amely a tulajdonság változásának és irányának nagyságát jelzi, a tengelymetszet (a) és az illeszkedés (R^2) értékét.

2.3. Értékmérő tulajdonságok elemzése az eltérő genetikai angus csoportok között

A vizsgált populáció 5075 tehénből (1990 - 2020 között születettek) és 19142 borjúból (1997-2023 között születettek; 10629 bika-, 8513 üszőborjú) állt. A hat vizsgált tulajdonság: első ellés kori életkor, hasznos élettartam, élve született borjak száma, selejtezési kor, születési súly,

205 napra korigált súly. A selejtezési kor meghatározásakor a továbbtartásra értékesített egyedek nem kerültek az adatbázisba. A született borjak számánál és az első elléskori idő meghatározásánál csak az élve született borjakat vettük számításba, a vetélést, halva ellést figyelmen kívül hagytuk. A születési súlyt az ellést követő 24 órán belül mérték, a 205 napra korigált súlyt a borjak 6–9 hónapos korában történő mért súlyából számítottuk.

A vizsgálatot IBM SPSS Statistic 20 szoftverrel végeztük. Az adatok normál eloszlásának az ellenőrzéséhez Kolmogorov-Smirnov tesztet használtunk. A varianciák homogenitását Levene teszttel végeztük. A csoportok összehasonlítása Kruskal-Wallis-próbával, a csoportok közötti különbségek mérése Dunett T3 post hoc tesztel történt. Valamennyi statisztikai elemzésnél a szignifikancia értéke $p < 0,05$.

3. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

3.1. A magyarországi angus állományok populáció genetikai sajátosságai

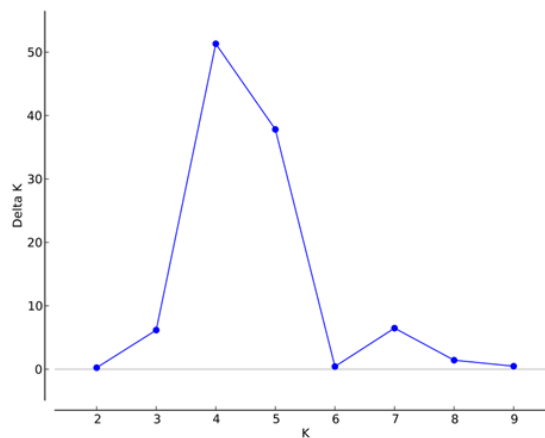
A vizsgált 12 lókuszban megfigyelt allélszámok 11 és 18 között változtak. Az átlagos effektív allélszám $N_e=3,201$. A valós $H_o=0,710$ és a várt heterozigotizás $H_e=0,659$ (2. táblázat).

2. táblázat: Az angus állományok populációgenetikai jellemzői.

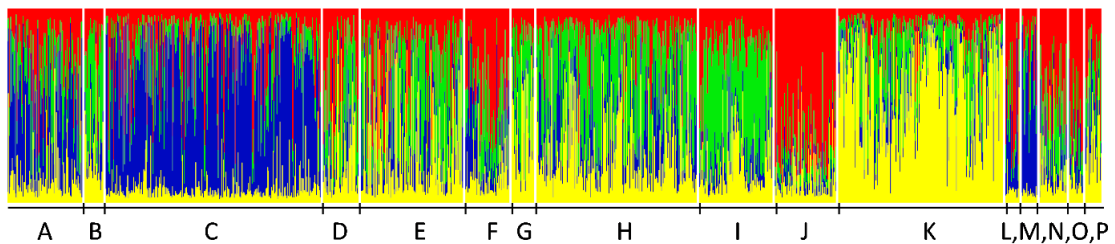
Pop. kód	Mintaszám	N_e	H_o	H_e	F_{is}
A	97	3,149	0,678	0,656	-0,031
B	24	3,239	0,809	0,671	-0,210
C	278	3,276	0,660	0,657	-0,004
D	46	3,356	0,668	0,684	0,023
E	132	3,588	0,742	0,711	-0,046
F	57	3,191	0,683	0,657	-0,044
G	29	3,253	0,695	0,671	-0,030
H	207	2,981	0,685	0,642	-0,068
I	95	3,337	0,739	0,689	-0,071
J	79	3,343	0,743	0,678	-0,100
K	213	3,614	0,746	0,708	-0,051
L	18	2,949	0,690	0,627	-0,095
M	20	2,569	0,600	0,531	-0,133
N	35	3,023	0,726	0,634	-0,140
O	18	3,198	0,759	0,670	-0,135
P	21	3,152	0,738	0,656	-0,129
Összesen:	1369	3,201	0,710	0,659	-0,079

Az állományok csoportosítását három eltérő módszerrel határoztuk meg. A Structure szoftver alapján a legvalószínűbb klaszterszám négy (1. ábra). K=4 esetén a 16 magyarországi Angus tenyészetből genetikailag meghatározott négy csoport: kék: (ACM), zöld: (BDEGHI), piros: (FJLOP), sárga: (K) (2. ábra). Közülük kettőt, az ACM-et és az FJLNOP-t a főkomponens analízis (PCA) is megerősítette, a fő koordinátadiagramokon (3. ábra), az első (kék-zöld) és második (piros-kék-zöld) tengely a teljes variancia 33,68%-át, 17,88%-át írja le, az első tengely különbözik a kék és zöld csoportoktól, míg a második elválasztja a pirosat a kéktől, és a zöld jelzésű gazdaságoktól.

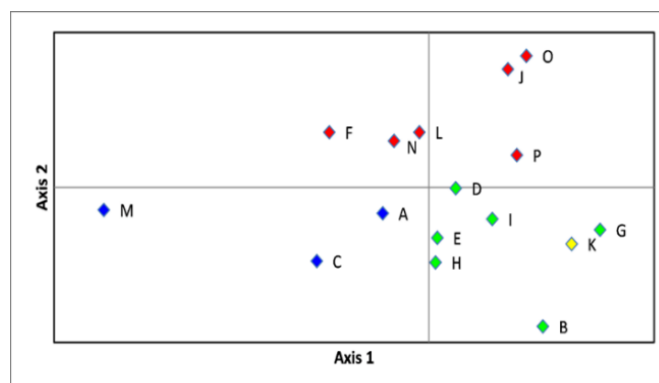
1. ábra: Az Angus állományok klaszterszámának (K) meghatározása.



2. ábra: Az állományok szerkezeti ábrázolása A-P-ig K= 4-nél. Függőleges vonal: egyed; szín: beazonosított csoportok aránya, kék: ACM, vörös: FJLNOP, zöld: BDEGHI, sárga: K.



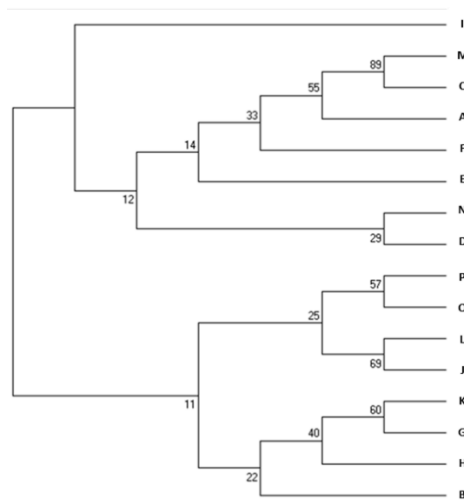
3. ábra: A főkomponens analízis eredménye



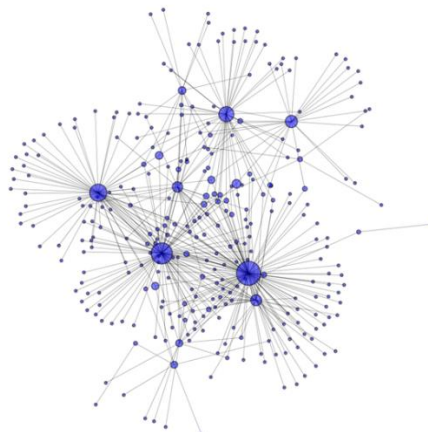
A dendrogram (4. ábra) – Nei-féle genetikai távolsága alapján – a filogenetikai fa ugyanazon ágára helyezte az ACM csoportot, 50-nél nagyobb bootstrap értékekkel, az FJLNOP csoport: JLOP csoport erős genetikai rokonságot mutat.

Az IBS (Identical By State) hálózatelemzés adatai alapján az A állomány egyedei rendelkeznek a legnagyobb köztes centralitással, $IBS = 0,624$ (közepes-magas genetikai hasonlóság), ez a küszöbérték, amelynél a hálózat még egyben maradt. Az angus tenyészetekben vizsgált állatok meghatározó központi egyedei az A állományból származtak. Ők rendelkeztek a legmagasabb köztes centralitás értékekkel a vizsgált egyedek között és a legmagasabb genetikai hasonlóságot mutatták más állatokkal és egymással is. Az A populáció egyedei genetikai háttérükben a legnagyobb mértékben hasonlítottak egymásra. A legmagasabb köztes centralitás értékkel rendelkező négy egyed (5. ábra), melyeket a legnagyobb kék körök ábrázolnak - olyan genetikai részleteket hordoznak, amelyek különböző részhalmazai más egyedekben is megtalálhatóak. A köztes centralitás értékeik 0,488, 0,375, 0,251 és 0,194.

4. ábra: A 16 angus populáció UPGMA módszerrel kapott dendrogram.



5. ábra: Az angus egyedek hálózati ábrázolása a páronkénti IBS értékek alapján.



3. táblázat: A vizsgált tulajdonságok elemzése a genetikailag különböző csoportok között.

Vizsgált tulajdonság	ACM	FJLNOP	BDEGHI	K
Születési súly (kg)	25,9 _a ±2,7	29,3 _b ±5,3	27,2 _c ±4,4	27,6 _{abc} ±5,9
Első ellési életkor (n)	869 _a ±206	829 _b ±156	891 _d ±226	945 _{abd} ±320
Élve született borjak száma	4,8 _a ±3,6	5,9 _b ±3,5	6,3 _{bc} ±3,6	8,4 _c ±4,1
Hasznos élettartam (n)	1,996 _a ±1,535	2,221 _a ±1,677	2,563 _d ±1,520	3,556 _c ±1,758

Az azonos sorban lévő különböző kisbetűs -a, b, c, d, e - átlagok szignifikánsan eltérnek egymástól $p < 0,05$ -nél.

A genetikai elemzéseket az állatok fenotípusos megjelenésének és teljesítményadatainak ismerete nélkül végeztük. A genetikai csoportok meghatározott termelési- és teljesítmény adatainak vizsgálata és a klaszter analízissel kapott genetikai csoportok között összefüggést találtunk (3. táblázat), amelyek az állatok eltérő típusaival magyarázhatók.

3.2. A hazai angus tehének első elléskori életkorának (AFC) populációgenetikai jellemzői

3.2.1. A környezeti tényezők hatása

A hazai angus tehének AFC-jének az összesített átlaga $28,1 \pm 0,1$ hónap (SD = 5,3 hónap, CV = 18,9%) (4. táblázat). Az eredmény elmarad a szakirodalmi hivatkozásokban javasolt 22–24 hónaptól. A vizsgálatban az angus üszők átlagos tenyésztésbe kerülése 18,6 hónap, ami 5–7 hónappal alacsonyabb, az ideális 12–15 hónapos tenyésztésbe vételi kornál.

A vizsgált környezeti tényezők: apa ($p < 0,01$), állomány ($p < 0,05$), tehén születési év ($p < 0,01$), tehén ellési időszaka ($p < 0,01$) hatásai szignifikánsnak bizonyultak az AFC tulajdonságra, a tehén színváltozata alapján elkülönített csoportok között nem mutatkozott szignifikáns különbség (5. táblázat). A Pearson féle korrelációs analízis laza, de szignifikáns korrelációt mutatott az AFC és az állomány között ($r = 0,104$, $p < 0,01$), negatív korrelációt a színvariánszal ($r = -0,108$, $p < 0,01$) és laza pozitív korrelációt a születési évszakkal ($r = 0,060$, $p < 0,01$), míg a születési évvel igen laza, negatív korrelációt ($r = -0,063$, $p < 0,01$).

Az AFC-t meghatározó környezeti tényezők százalékos aránya: tehén születési évszaka 28,99%, tehén születési éve 28,7%, tehén apja 18,32%, állomány 11,77%, maradék szórás 4,12%. A tehén születési évszaka és a születési éve a legjelentősebb tényezők, amelyek együttesen magyarázzák az AFC eltérések közel 60%-át ezek a környezeti tényezők, a tartási- és takarmányozási gyakorlatok, az időjárás és a legeltetés jelentős változásainak tudhatók be. Az apák genetikai hatása az ivadékok fenotípusos variációjának 18,32%-át magyarázza, amely magában foglalja a genetikai és a környezeti hatásokat (5. táblázat).

4. táblázat: Az angus tehenek első ellési életkorának (AFC) alapstatisztikája

Paraméterek	Első elléskori életkor
n	2,955
Átlag (hónap)	28.1
Standard hiba (S.E.) (hónap)	0.1
Szórás (S.D.) (hónap)	5.3
Variációs koefficiens (CV, %)	18.9
Medián (hónap)	25.9
Minimum (hónap)	19
Maximum (hónap)	46
Kolgomorov-Smirnov teszt (<i>p</i>)	0.00

5. táblázat: Különböző tényezők hatása az első ellés korára

Tulajdonság	Adatbázis	Első elléskori életkor	
		Hatás (<i>p</i>)	Arány a fenotípusban (%)
Megnevezés			
A tehén apja	200	< 0,01	18.32
Állomány	5	< 0,05	11.77
A tehén színváltozata	2	> 0,05	8.10
A tehén születési éve	24	< 0,01	28.70
A tehén születési évszaka	4	< 0,01	28.99
Maradék	–	–	4.12
Teljes	–	–	100.00

Az AFC becsült korrigált átlagértéke GLM módszerrel $28,3 \pm 0,4$. A vizsgált állományok átlagos AFC-je eltérő (6. táblázat). Az 2-es állományban (brit típusú vörös angus) az AFC ($30,0 \pm 0,7$) +1,7 hónap átlagtól való eltéréssel, a 3-as állományban (hagyományos brit típusú fekete angus) lévő üszöké ($26,8 \pm 0,7$) –1,5 hónap átlagtól való eltéréssel (3,2 hónap különbség). 1999-ben az AFC 24,9, 2012-ben 31,6, ami 6,7 hónapos különbség. Az eltérések rámutatnak, hogy a különböző években tapasztalt környezeti, gazdálkodási feltételek jelentősen befolyásolták a tehenek szaporodási képességét. A tavaszi születésű egyedek AFC-je ($27,7 \pm 0,3$), 1,3 hónappal rövidebb, mint a nyári és 0,8 hónappal az őszi évszakban születetteké.

6. táblázat: A környezeti tényezők hatása az elsőellés kori életkora

Tulajdonság	n	Első elléskori életkor (hónap)	
Korrigált átlag (±SE)	2,955	28.3 ± 0.3	
Környezeti tényezők		Átlag ± S.E. (6)	Átlagtól való eltérés
Állomány (kód)			
1	243	29,0 ± 0,7	+0.7
2	710	30,0 ± 0,7	+1.7
3	93	26,8 ± 0,7	-1.5
4	1266	27,6 ± 0,4	-0.7
5	643	28,2 ± 0,5	-0.1
A tehén színváltozata			
Fekete	1445	28,5 ± 0,4	+0.2
Vörös	1510	28,0 ± 0,4	-0.3
A tehén születési éve			
1998	25	29.4 ± 2.4	+1.1
1999	18	24.9 ± 2.2	-3.4
2000	15	27.7 ± 1.9	-0.6
2001	36	25.8 ± 1.5	-2.5
2002	80	25,9 ± 1,5	-2.4
2003	37	31.1 ± 1.3	+2.8
2004	42	29.4 ± 1.5	+1.1
2005	37	30.1 ± 1.2	+1.8
2006	102	28.3 ± 1.0	+0.0
2007	60	29,5 ± 1,0	+1.2
2008	94	25,0 ± 0,7	-3.3
2009	113	27,4 ± 0,7	-0.9
2010	109	28,8 ± 0,7	+0.5
2011	197	30,2 ± 0,5	+1.9
2012	215	31,6 ± 0,5	+3.3
2013	187	30,5 ± 0,6	+2.2
2014	169	29,2 ± 0,6	+0.9
2015	201	28,0 ± 0,6	-0.3
2016	315	27,3 ± 0,5	-1.0
2017	252	27,8 ± 0,6	-0.5
2018	196	28,1 ± 0,6	-0.2
2019	160	28,4 ± 0,7	+0.1
2020	178	28,5 ± 0,7	+0.2
2021	117	27,1 ± 0,8	-1.2
A tehén születési évszaka			
Tél	464	28.1 ± 0.4	-0.2
Tavaszi	1759	27,7 ± 0,3	-0.6
Nyár	550	29,0 ± 0,4	+0.7
Ősz	182	28,5 ± 0,5	+0.2

Állománykód: 1 = kanadai, vörös; 2 = brit, vörös; 3 = brit, fekete; 4 = brit, vörös; 5 = egyéb.

3.2.2. Populációgenetikai paraméterek

Az AFC (GLM $0,51 \pm 0,06$ és BLUP $0,38 \pm 0,05$) h^2 értékei (7. táblázat) magasabbnak bizonyultak a szakirodalmi forrásokhoz képest. Az eltérés a populáció szerkezetében, a szelekciós intenzitásban vagy a környezeti feltételekben mutatkozó különbségekkel magyarázható. A két módszerrel becsült öröklődhetőségi becslések közötti különbség a variancia-komponens becslésének módszertani eltéréseiből fakad.

7. táblázat: Az első ellés korának populációgenetikai paraméterei

Paraméterek	Első ellés kori életkor	
	GLM módszer	BLUP egyedmodell
σ^2_a	21.49	9.77
σ^2_m	–	0.00
σ_{dm}	–	–0.01
σ^2_e	20.94	15.98
σ^2_p	42.43	25.74
h^2_d	$0,51 \pm 0,06$	$0,38 \pm 0,05$
h^2_m	–	$0,00 \pm 0,03$
r_{dm}	–	$-0,97 \pm 1,00$
e^2	–	$0,62 \pm 0,05$

σ^2_s = apai variancia GLM-ben; σ^2_m = anyai genetikai variancia; σ_{dm} = direkt-anyai kovariancia; σ^2_e = hiba variancia; σ^2_p = fenotípusos variancia; h^2_d = direkt öröklődhetőség; h^2_m = anyai öröklődhetőség; r_{dm} = direkt-anyai genetikai korreláció; e^2 = hiba variancia aránya a fenotípusban.

A direkt és anyai genetikai hatások közötti korreláció értéke igen szoros és negatív $r_{dm} = -0,97 \pm 1,00$. Az 1,0-s standard hiba (SE) azonban azt jelzi, hogy ez a korreláció statisztikailag nem különbözik a nullától. A variancia többségét genetikai és egyéb nem állandó környezeti tényezők befolyásolják az általunk vizsgált angus populációkban.

3.2.2. Az apa hatása az első ellési életkorra

A GLM módszerrel meghatározó különbségeket találtunk a tenyészbikák ivadékcsoportjainak AFC átlagértékei között (8. táblázat). A 20716-os regisztrációs számú tenyészbika ivadékai átlagosan $31,7 \pm 1,1$ hónaposan ellettek ($T\acute{E}_{GLM} = +6,8$ hónap), a 20495-ös tenyészbika ivadékai $22,4 \pm 1,0$ hónapos korukban ($T\acute{E}_{GLM} = -11,7$ hónap), az eltérés 9,3 hónap. Az ivadékcsoportok közötti különbség és az apák AFC-jének $T\acute{E}$ -je között is nagy differenciát tapasztaltunk. A BLUP állatmodell használatával a $T\acute{E}$ két szélső értéke (27934: +6,0 hónap és 20495: –6,2 hónap), eltérésük 12,2 hónap. A Spearman-féle rangkorrelációs együttható ($r_{ho} = 0,86$; $p < 0,01$) viszonylag erős egyezést jelez a két módszer között. Ez a korreláció azonban nem feltétlenül

tükrözi teljes mértékben a kevesebb ivadékkal vagy szélsőséges értékekkel rendelkező apák rangsorolásának különbségeit. Az eredmény rámutat arra, hogy a modell továbbfejlesztése és a tenyésztérbecslések pontosságának javítása érdekében érdemes részletesebb genetikai információkat bevonni.

8. táblázat: Az apa hatása az angus tehének első elléskori jellemzőire.

Tulajdonság	n	Első elléskori életkor (hónap)			
		GLM módszer		BLUP egyedmodell	
		Az ivadékok átlaga (± S.E.)	TÉ _{GLM}	TÉ _{AMD}	TÉ _{AMM}
A tehén apja (Központi lajstromszám)					
A populáció korrigált főátlaga (± S.E.)	2,955	28.3 ± 0.3			
20495	84	22.4 ± 1.0	-11.7	-6.2	+0.0
20501	40	29.2 ± 1.0	+1.8	-0.9	+0.0
20716	41	31,7 ± 1,0	+6.8	+4.8	-0.0
22666	50	24.1 ± 1.0	-8.5	-2.7	+0.0
23155	40	27.1 ± 1.0	-2.3	-2.2	+0.0
24100	39	28,9 ± 1,0	+1.3	-0.8	+0.0
24608	68	29,5 ± 1,0	+2.4	+0.8	-0.0
24626	44	30,6 ± 1,0	+4.6	+3.6	-0.0
24635	42	22.4 ± 1.1	-11.7	-5.9	+0.0
27934	35	29.4 ± 1.2	+2.2	+6.0	-0.0
27940	56	28,0 ± 1,1	-0.7	+3.2	-0.0
27946	56	28.6 ± 1.1	+0.7	+3.6	-0.0
30947	61	27.2 ± 1.0	-2.3	-1.6	+0.0
31117	68	28,0 ± 1,2	-0.6	+1.5	-0.0
34296	35	28.7 ± 1.2	+0.9	+0.7	-0.0
r _{rank}		TÉ _{GLM} TÉ _{AMD}		+0.86*	-0.86* -0.99*

[#]a tenyésztérbecslések csak a legtöbb ivadékkal rendelkező 15 apára vonatkoznak; *p<0,01; n = ivadékok száma; TÉ_{GLM} = GLM módszerrel becsült tenyésztérbecslés(8); TÉ_{AMD} = BLUP egyedmodellel becsült direkt tenyésztérbecslés; TÉ_{AMM} = BLUP egyedmodellel becsült anyai tenyésztérbecslés; r_{rank} = Spearman-féle rangkorrelációs együttható.

3.2.4. Fenotípusos és genetikai trendek az első ellési életkorban

A becsült fenotípusos és genetikai trendek adatai alapján a fenotípusos trend minimális ($b = +0,03 \pm 0,05$) és nem szignifikáns, illeszkedése ($R^2 = 0,02$; $p > 0,05$), jelezve, hogy a környezeti és genetikai hatások és időbeli változások nem befolyásolták jelentősen az első ellési életkort (9. táblázat). A genetikai trend, bár a GLM modellel értékelve szignifikáns csökkenést mutatott az AFC tekintetében ($b = -0,20$; $p < 0,05$; $R^2 = 0,18$), a megbízhatóbb BLUP alapján sem az anyai, sem a direkt tenyésztérbecslés szerint nem csökkent ($b = -0,00$ – $+0,01$; $SE = 0,00 - 0,03$; $p > 0,05$, $R^2 = 0,00$). A 23 éves vizsgálati periódus során nem történt fenotípusos vagy genetikai változás.

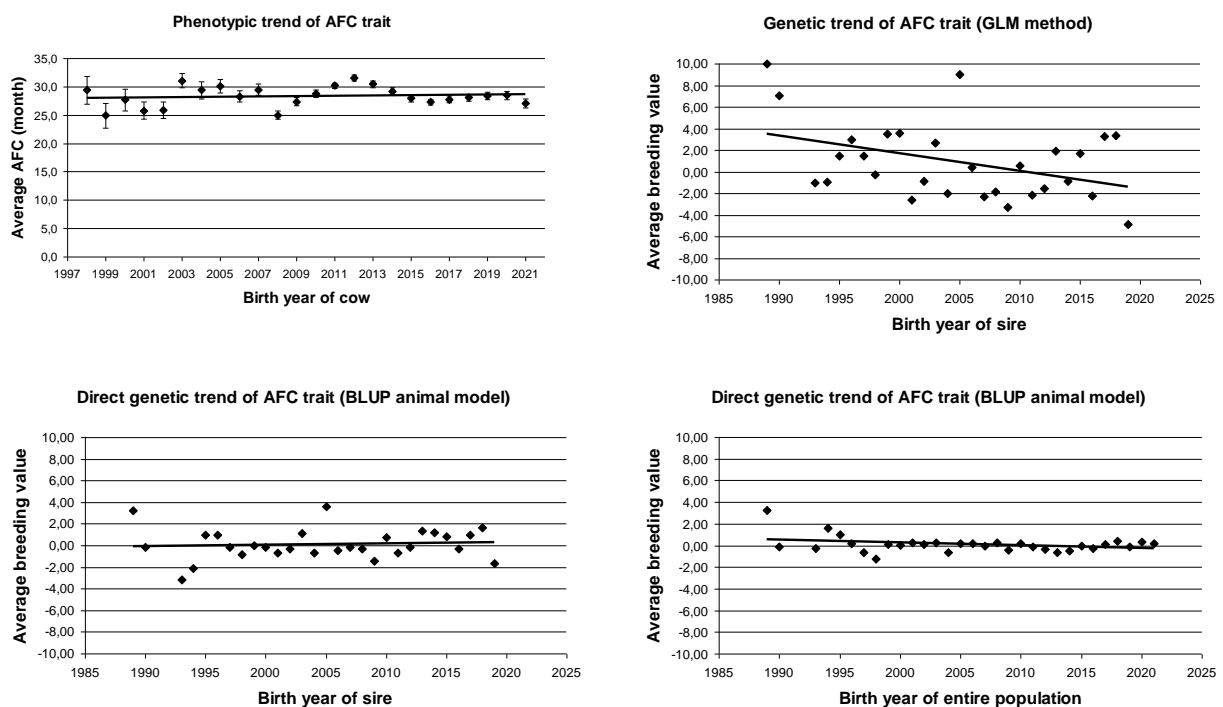
Az azonban, hogy a korábbinál magasabb öröklődhetőségi becsléseket kaptunk, arra utal, hogy az angus populációban az első elléskori életkor alapján szelekció lehetséges (6. ábra).

9. táblázat: Az első ellés korának populációgenetikai paraméterei

Trend	Merekség			Tengelymetszet			Illeszkedés		
	Y	b	S.E.	p	a	S.E.	R^2	p	
P	AFC	+0.03	0.05	>0.05	-37.11	107.84	>0.05	0.02	>0.05
GGS	AFC ^{TE}	-0.20	0.08	<0.05	403.27	163.47	<0.05	0.18	<0.05
GAS_d	AFC ^{TE}	+0.01	0.03	>0.05	-11.40	64.42	>0.05	0.00	>0.05
GAS_m	AFC ^{TE}	-0.00	0.00	>0.05	0.02	0.08	>0.05	0.00	>0.05
GAA_d	AFC ^{TE}	+0.00	0.01	>0.05	-0.63	21.89	>0.05	0.00	>0.05
GAA_m	AFC ^{TE}	-0.00	0.00	>0.05	0.00	0.03	>0.05	0.00	>0.05

b= merekség regressziós együttható; S.E = standard hiba; p = szignifikancia szint; Y = függő változó; a = konstans; R^2 = Determinációs együttható ; P = fenotípusos trend; GGS = a GLM módszert alkalmazó apák TÉ-nek genetikai trendje; GAS_d = az apák direct TÉ-nek genetikai trendje a BLUP egyedmodell alkalmazásával; GAS_m = genetikai trend az anyai TÉ-ben a BLUP egyedmodell alkalmazásával; GAA_d = a BLUP egyedmodell alkalmazó összes állat direkt TÉ-nek genetikai trendje; GAA_m = az összes állat anyai TÉ-nek genetikai tendenciája a BLUP egyedmodell alkalmazásával; AFC = első elléskori életkor átlaga (hónap); AFC^{TE} = átlagos tenyészérték AFC (hónap); TÉ = tenyészérték; X = születési év.

6. ábra. Az angus tehének AFC tulajdonságának fenotípusos és genetikai trendjei



3.3. Az értékmérő tulajdonságok összehasonlító vizsgálatainak eredménye az angus

3.3.1. Első elléskori életkor (AFC)

Az AFC értéke a vizsgált csoportok tekintetében kis mértékben eltért. A négy genetikai csoport átlagos AFC $2,35 \pm 0,54$ év. A legalacsonyabb AFC-t a piros csoportnál találtuk $2,28 \pm 0,49$ év, a legmagasabb érték a sárga csoportnál jelentkezett $2,47 \pm 0,68$ értékkel. A különbség a legalacsonyabb és a legmagasabb érték között $0,19$ év, megközelítően $69,4$ nap. Az AFC genetikai csoportjai közötti különbségek szignifikánsak ($p < 0,01$) (10.táblázat).

3.3.2. Élve született borjak száma (NCB)

Az NCB értéke a vizsgált csoportok tekintetében jelentősen eltért. A négy genetikai csoport átlagos NCB-je: $5,89 \pm 3,69$. A genetikai csoportok közötti különbségek szignifikánsak ($p < 0,01$). A legalacsonyabb NCB: $5,3 \pm 3,6$ kék csoport, a legmagasabb érték $8,85 \pm 4,15$ a sárga csoportnál. A legalacsonyabb és a legmagasabb érték közötti különbség $3,6$ borjú.

3.3.3. Hasznos élettartam (LP)

A LP értéke nagymértékben különbözött a vizsgált csoportok között. A négy genetikai csoport átlagos LP-je $6,85 \pm 4,13$ év. A csoportok közötti eltérések szignifikáns ($p < 0,01$). A legalacsonyabb LP-t a kék csoportban találtuk, $6,14 \pm 3,6$ év, míg a legmagasabb értéket, $9,8 \pm 4,6$ évet, a sárga csoportban. A legalacsonyabb és a legmagasabb érték közötti különbség $3,7$ év, ami jelentős, három borjú feletti különbség, amit a vizsgálat NCB eredményei is megerősítettek.

3.3.4. Selejtezési kor (AGE)

A vizsgált genetikai csoportok tekintetében az AGE (születéstől a selejtezésig) mérsékelten különbözött. A négy genetikai csoport átlagéletkora $9,2 \pm 4,26$ év. A legalacsonyabb AGE a kék csoportban $8,44 \pm 4,11$, a legmagasabb a sárga csoportban $12,27 \pm 4,53$ jelentkezett. A két érték közötti különbség $3,83$ év. Ez a különbség megfelel az LP és a AFC különbségeinek. A genetikai csoportok és az AGE alapján képzett csoportok közötti különbségek szignifikánsak ($p < 0,01$). A genetikai csoportok és az AGE közötti korrelációk tükrözik a tenyészállatok teljesítményét és az állományban maradási befolyásoló tényezőket.

10. táblázat: Az angus csoportok első ellés kori életkorának, élve született borjak számának, hasznos élettartamának és selejtezési korának leíró statisztikái.

Genetikai csoport	Vizsgált tényező	AFC(év)	NCB	LP(év)	AGE(év)
Kék	Átlag	2,3063	5,3	6,1362	8,4425
	N	2504	2504	2504	2504
	Std. Deviation	0,50451	3,595	4,13116	4,1137
	Std. Err. of M.	0,01008	0,072	0,08256	0,08221
	Minimum	1,34	1	0	1,92
	Maximum	4,36	16	18,73	20,7
Piros	Átlag	2,2826	5,81	7,4454	9,728
	N	468	468	468	468
	Std. Deviation	0,49089	3,315	4,52061	4,56527
	Std. Err. of M.	0,02269	0,153	0,20897	0,21103
	Minimum	1,28	1	0,01	1,69
	Maximum	4,56	14	19,08	21,02
Zöld	Átlag	2,4048	6,49	7,4443	9,849
	N	1988	1988	1988	1988
	Std. Deviation	0,57129	3,698	4,13715	4,13883
	Std. Err. of M.	0,01281	0,083	0,09279	0,09283
	Minimum	1,07	1	0	1,82
	Maximum	4,54	18	18,71	21,54
Sárga	Mean	2,4726	8,85	9,8021	12,2748
	N	115	115	115	115
	Std. Deviation	0,68085	4,149	4,61153	4,52994
	Std. Err. of M.	0,06349	0,387	0,43003	0,42242
	Minimum	1,31	1	0,01	1,86
	Maximum	4,53	15	19,13	21,15
Teljes	Mean	2,3465	5,89	6,8524	9,1988
	N	5075	5075	5075	5075
	Std. Deviation	0,53742	3,693	4,25445	4,25717
	Std. Err. of M.	0,00754	0,052	0,05972	0,05976
	Minimum	1,07	1	0	1,69
	Maximum	4,56	18	19,13	21,54

3.3.5. Születési súly (BW)

A BW értéke kismértékben eltért a vizsgált csoportokban. A négy genetikai csoport átlagos testtömege $29,4 \pm 4,28$ kg volt. A genetikai csoportok és a BW alapján képzett csoportok közötti különbségek szignifikánsak ($p < 0,01$). A legalacsonyabb érték a kék csoportnál jelentkezett $29,23 \pm 4,2$ a legmagasabb a piros csoportban $31,35 \pm 5,8$. A legalacsonyabb és a legmagasabb születési súly különbsége 2,12 kg.

3.3.6. 205 napra korrigált súly (WW)

A WW értéke a vizsgált csoportok tekintetében lényegesen eltér. A négy genetikai csoport átlagos WW-je $176,90 \pm 44,07$ kg. A genetikai csoportok és a WW alapján képzett csoportok közötti különbségek szignifikánsak ($p < 0,01$). A legalacsonyabb WW-t a kék csoportban találtuk $166,57 \pm 41,1$ a legmagasabb értéket $212,56 \pm 25,9$ -t pedig a sárga csoportban. A legkisebb és a legnagyobb 205 napra korrigált választási súly közötti különbség 45,99 kg. Az eredmények alapján jelentős különbségek vannak a legfontosabb reprodukciós és élettartam tulajdonságok között a DNS mikroszatellit információk által meghatározott angus állományok genetikai csoportjai között (11.táblázat). A hat vizsgált tulajdonság átlaga AFC $2,35 \pm 0,54$ év, NCB $5,89 \pm 3,69$ egyed, LP $6,85 \pm 4,13$ év, AGE $9,2 \pm 4,26$ év, BW $29,4 \pm 4,28$ kg és WW $176,9 \pm 44,1$ kg. A sárga csoport a reprodukciós és növekedési tulajdonságokban (NCB, LP, AGE, WW), a piros az AFC-ben és a BW-ben teljesített a legjobban. A kék mutatta a leggyengébb teljesítményt az NCB, LP, AGE, BW és WW között. A nagyobb testű vörös angus állományok nagymértékben elmaradtak a hagyományos, kisebb brit típusú fekete és vörös angus populációk teljesítményétől a fenntarthatóságot és jövedelmezőséget befolyásoló vizsgált tulajdonságokban.

11. táblázat. A genetikailag különböző angus csoportok értékmérő tulajdonságai

Tulajdonság	Kék csoport	Piros csoport	Zöld csoport	Sárga csoport	Összesen
AFC	$2,3_{ac} \pm 0,5$	$2,3_a \pm 0,5$	$2,4_{bd} \pm 0,6$	$2,5_{cd} \pm 0,7$	$2,3 \pm 0,5$
NCF	$5,3_a \pm 3,6$	$5,8_b \pm 3,3$	$6,5_c \pm 3,7$	$8,9_d \pm 4,1$	$5,9 \pm 3,7$
LP	$6,1_a \pm 4,1$	$7,4_b \pm 4,6$	$7,4_b \pm 4,1$	$9,8_c \pm 4,6$	$6,9 \pm 4,3$
AGE	$8,4_a \pm 4,1$	$9,7_{bc} \pm 4,6$	$9,8_{bc} \pm 4,1$	$12,3_d \pm 4,5$	$9,2 \pm 4,3$
BW	$29,2_{ac} \pm 4,2$	$31,4_{bd} \pm 5,8$	$29,3_c \pm 3,6$	$30,8_d \pm 3,8$	$29,4 \pm 4,3$
WW	$166,6_a \pm 41,1$	$211,1_b \pm 40,3$	$206,1_c \pm 36,9$	$212,6_{bc} \pm 25,9$	$176,9 \pm 44,1$

első elléskori életkor (AFC), élve született borjak száma (NCB), hasznos élettartam (LP), selejtezési életkor (AGE), születési súly (BW), 205 napos választási súly (WW) és SE átlagértékeinek megoszlása.

4. AZ EREDMÉNYEK HASZNOSÍTHATÓSÁGA

Korábban a magyarországi angus állományok genetikai szerkezetére vonatkozóan nem készültek vizsgálatok, a kapott eredményeket az MHAGTE beépítheti a fajta genetikai sokféleségének védelmét és megőrzését célzó, folyamatban lévő és jövőbeni tenyésztési programjába. Az azonosított csoportok tulajdonságai közötti különbségek ismerete megnyithatja az utat egy jövőbeli genomi szelekció célzott és hatékony felhasználásához. Az eredmények segíthetik új tenyésztési stratégiák kidolgozását. A genomikai szelekció hatékony alkalmazásával javíthatók a szaporasági, húsminőségi és egyéb gazdasági szempontból fontos tulajdonságok, amelyek elősegítik a termelés fenntarthatóságát és növelik az ágazat jövedelmezőségét. A genetikai csoportok és további gazdaságilag fontos tulajdonságok közötti összefüggések további vizsgálata hozzájárulhat a fajta hosszú távú genetikai diverzitásának megőrzéséhez, valamint a gazdasági teljesítmény további javításához.

Az első ellési életkor tulajdonság kulcsfontosságú a húsmarhatartás gazdasági fenntarthatósága szempontjából, szoros kapcsolatban áll a hatékonysággal és a jövedelmezőséggel. Az eredmények alapján a tehén születési éve és évszaka, valamint az apai hatás jelentős mértékben befolyásolja az ivadékok első elléskori életkorát. A 23 éves vizsgálati időszak során nem találtunk fenotípusos vagy genetikai változásokat. Az azonban, hogy a korábbinál magasabb öröklődhetőségi becsléseket kaptunk, arra utal, hogy az angus populációban az első elléskori életkor alapján szelekció lehetséges.

Vizsgálatunk alapján az angus tehének AFC-jére gyakorolt fő hatást a tehének ellési évszaka jelentette. Ez az eredmény felhívja a figyelmet a megfelelő ellési időszak kiválasztásának fontosságára.

Az AFC stagnáló fenotípusos és genetikai trendjei részben azzal is magyarázhatók, hogy az AFC alacsony genetikai korrelációt mutathat a jelenleg közvetlen genetikai szelekció alatt álló tulajdonságokkal, korlátozva ezzel a szelekció közvetett hatásait. A tenyésztőknek a jövőben nagyobb figyelmet kell fordítaniuk erre a tulajdonságra, figyelembe véve annak gazdasági jelentőségét és a reprodukciós hatékonyságra gyakorolt lehetséges hatását.

Az állományok közötti különbségek és az AFC viszonylag magas öröklődhetősége lehetőséget nyújt arra, hogy célzott tenyésztési programok kidolgozásával genetikai alapon javítsák ezt a tulajdonságot. Ennek elérése érdekében az AFC-t speciális szelekciós kritériumként lehetne kezelni a tenyésztési programokban, figyelembe véve annak más tulajdonságokkal való összefüggéseit. Például az AFC-vel szorosabb genetikai korrelációt mutató tulajdonságokat, mint a reprodukciós hatékonyság vagy a hosszú élettartam, kiemelten lehetne kezelni a több

tulajdonságú szelekciós indexekben. Ezzel szemben az AFC-vel laza vagy negatív genetikai korrelációt mutató tulajdonságokat külön figyelmet igényelhetnek, hogy elkerüljük más kulcsfontosságú tulajdonságok javításának a lehetőségét.

Hazai kutatások nem állnak rendelkezésre az AFC költség-haszon elemzéséről, az eredmények rávilágítanak annak lehetséges gazdasági hatásaira. Az AFC mérséklése csökkentheti a felnevelési költségeket, növelheti az élettartamra jutó borjak számát, és javíthatja az általános jövedelmezőséget. Az optimális AFC elérése érdekében hasznos a célzott genetikai szelekció, a magyarországi termelési rendszerekhez igazított, továbbfejlesztett állománykezelési gyakorlat. A jövőbeli kutatásoknak a részletes költség-haszon elemzésekre, az AFC csökkentésének környezeti hatásaira és az AFC-vel kapcsolatos tulajdonságok tenyésztési programokba történő integrálására célszerű összpontosítani a hosszútávú fenntarthatóság támogatása érdekében. Az állományok közötti különbségek és az AFC viszonylag magas öröklődhetősége lehetőséget nyújt arra, hogy célzott tenyésztési programok kidolgozásával genetikai alapon javítsák ezt a tulajdonságot. Ennek elérése érdekében az AFC-t speciális szelekciós kritériumként lehetne kezelni a tenyésztési programokban, figyelembe véve annak más tulajdonságokkal való összefüggéseit.

A hazai populációra vonatkozó eredményeket a környezeti tényezők nagymértékben meghatározzák (éghajlat, tartástechnológia, takarmányozási technológia, genetika). A tanulmány eredményei hozzájárulhatnak az AFC javításához genetikai szelekció és tartástechnológiai eszközök révén. Nemzetközi együttműködéssel a kapott adatok összehasonlíthatók és határon átnyúló tenyésztési programokra is kiterjeszthetők.

A vizsgálat eredményei alapján jelentős különbségek vannak a legfontosabb reprodukciós és élettartam tulajdonságok között a DNS mikroszatellit információk által meghatározott angus állományok genetikai csoportjai között. A nagyobb testű vörös angus állományok nagymértékben elmaradtak a hagyományos, kisebb brit típusú fekete és vörös angus populációk teljesítményétől a fenntarthatóságot és jövedelmezőséget befolyásoló vizsgált tulajdonságokban. Ezek az eredmények hasznosak lehetnek a tenyésztési program kidolgozásában, és segíthetnek a szelekciós döntések meghozatalában, hozzájárulva a fajta hatékonyabb és fenntarthatóbb tenyésztési stratégiájához.

5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. DNS mikroszatellit markerekkel elsőként határoztam meg a magyarországi angus állományok genetikai szerkezetét. A vizsgált 12 lókuszon megfigyelt allélszámok 11 és 18 között változtak. Az átlagos effektív allélszám $N_e = 3,201$, ami közepesen magas genetikai változatosságra utal. A megfigyelt heterozigotitás $H_o = 0,710$, a teljes várható heterozigotitás $H_e = 0,659$, a beltenyésztettség együttható $F_{is} = -0,079$.
2. Hálózatelemzés alapján kimutattam, hogy az az IBS (Identical By State) érték, amelynél a hálózat egybefüggő maradt, 0,624 volt, ami az adott egyedek DNS szakaszainak azonos alléljaira utal.
3. Populációgenetikai elemzés eredményeként a 16 magyarországi angus törzstenyészetet négy genetikailag elkülöníthető csoportba sorolhatónak találtam.
4. Megállapítottam, hogy a mikroszatellit információk alapján elkülönítet genetikai csoportok között az angus fajtában bizonyos, értékmérő tulajdonságokban is megnyilvánuló termelési különbségek mutathatók ki.
5. Rámutattam, hogy a legelőn tartott angus tehének első ellési életkorát döntően az időjárással összefüggő környezeti tényezők (születési évszak 28,99%; $p < 0,01$), a születési évjárat (28,7%; $p < 0,01$), és a menedzsmenttel kapcsolatos, tenyészet hatások (11,77 %; $p < 0,05$) alakították.
6. Lineáris regressziós trend elemzéssel megállapítottam, hogy a hazai angus tehénállomány átlagos első ellési életkora, sem fenotípusosan (teljesítmény trend értéke, $b = +0,03 \pm 0,05$; $p > 0,05$; $R^2 = 0,02$) sem a BLUP szerint genetikailag (a tenyészérték trend értéke, $b = -0,00 \pm 0,01$; $SE = 0,00 - 0,03$; $p > 0,05$, $R^2 = 0,00$) nem változott a vizsgált 23 éves időszakban.

6. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK

6.1. Idegen nyelvű folyóiratban lektorált cikk

- **Márton J.**, Bene S., Zsolnai A., Anton I., Szabó F.: Comparison of some economic traits by genetic cluster of Aberdeen Angus cattle. Archives Animal Breeding, (Q2, IF: 1,75).
- **Márton J.**, Bene S., and Szabó F., “Heritability Estimates of Age at First Calving and Correlation Analysis in Angus Cows Bred in Hungary,” ANIMALS, vol. 14, no. 24, 2024. (Q1, IF: 2,94).
- **Márton J.**, Szabó F., Zsolnai A., and Anton I., “Genetic diversity and phylogenetic relationship of Angus herds in Hungary and analyses of their production traits,” ANIMAL BIOSCIENCE, vol. 37, no. 2, pp. 184–192, 2024. (Q1, IF: 2,4).
- **Márton J.** and Szabó F., “Some Actualities and Challenges in Sustainable Beef Cattle Breeding and Husbandry,” CHEMICAL ENGINEERING TRANSACTIONS, vol. 107, pp. 241–246, 2023.(Q3, IF: 1,2).
- Szabó F., **Márton J.**, and Bene S., “Weaning results of Angus calves in Hungary,” in 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 2007, p. 369.

6.2. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent publikáció

- **Márton J.**, Bene S., and Szabó F., “A fenntartható húsmarhatartás, húsmarhatenyésztés aktualitásai, kihívásai,” ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS, vol. 73, no. 1, pp. 47–58, 2024.
- **Márton J.**, Szabó F., Zsolnai A., and Anton I., “A magyarországi angus állományok populáció genetikai vizsgálata, értékmérő tulajdonságaik elemzése,” ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS, vol. 73, no. 2, pp. 219–232, 2024.
- Szabó F., **Márton J.**, Szűcs M., and Bene S., “A direkt- és az anyai genetikai hatás kapcsolata a húsmarhák néhány tulajdonságában,” in LXV. Georgikon Napok Tudományos Konferencia [65th Georgikon Days Scientific Conference] Keszthely, 2024. május 17–18., 2024, pp. 52–52.
- Szabó F., **Márton J.**, Szabó E., and Bene S., “Húshasznosítású tehenek korai kiesésének, hasznos élettartamának néhány kockázati tényezője,” MAGYAR ÁLLATORVOSOK LAPJA, vol. 143, no. 1, pp. 17–24, 2021.
- Szabó F., **Márton J.**, Dákay I., and Bene S., “Néhány tényező hatása a húshasznosítású tehenek hasznos élettartamára = Effects of some factors on longevity of beef cows,” ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS, vol. 69, no. 2, pp. 91–100, 2020.

- **Márton J.**, Márton D., and Márton I., “Húsmarha tenyésztésünk lehetőségei, kihívásai = Possibilities and challenges of the Hungarian beef industry,” *ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS*, vol. 66, no. 4, pp. 398–406, 2017.
- Kádár L. and **Márton J.**, *A jövedelmező húsmarhatartás alapjai*. Budapest: Vidékfejlesztési Minisztérium, 2013.
- **Márton J.**, “Húsmarha kalendárium,” in *Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban*, 2013, pp. 145–160.
- **Márton J.**, “Alkalmazott tenyészérték-becslési eljárás,” in *Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban*, 2013, pp. 41–55.
- Szabó F., Keller K., Kovács Á., Fekete Z., and **Márton J.**, “A húsmarhatartás ökonómiai modellezése,” *ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS*, vol. 62, no. 2, pp. 114–123, 2013.
- Szabó F., Tempfli K., Márton I., **Márton J.**, Szűcs M., and Keller K., “A húsmarhatartás környezetének és genetikai alapjainak bio-ökonómiai értékelése,” *ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS*, vol. 62, no. 4, pp. 398–410, 2013.
- **Márton J.**, “Húsmarha kalendárium,” in *Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban*, 2012, pp. 201–217.
- **Márton J.**, “Alkalmazott tenyészérték becslési eljárás,” in *Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban*, 2012, pp. 53–72.
- **Márton J.**, “A fenotípusos teljesítmény alapján történő tenyész kiválasztás,” in *Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban*, 2012, pp. 50–52.
- Bene S., **Márton J.**, Lengyel Z., Nagy B., and Szabó F., “Angus borjak választási eredménye 2. Közlemény: Genetikai paraméterek, tenyészértékek,” *ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS*, vol. 56, no. 1, pp. 21–29, 2007.
- Szabó F., **Márton J.**, and Bene S., “Angus borjak választási eredménye. 1. Közlemény: Környezeti hatások,” *ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS*, vol. 56, no. 1, pp. 9–19, 2007.



Genetic diversity and phylogenetic relationship of Angus herds in Hungary and analyses of their production traits

Judit Márton¹, Ferenc Szabó², Attila Zsolnai^{3,*}, and István Anton³

* Corresponding Author: Attila Zsolnai

Tel: +36-70-491-7824,

E-mail: attila.zsolnai@gmail.com

¹ Hungarian Hereford, Angus, Galloway Association, Dénesmajor 2, H-7400 Kaposvár, Hungary

² Széchenyi István University, Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár, Vár tér 2., H-9200 Mosonmagyaróvár, Hungary

³ Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Institute of Animal Husbandry Sciences, Guba Sándor utca 40., H-7400 Kaposvár, Hungary

ORCID

Judit Márton

<https://orcid.org/0000-0003-3880-0882>

Ferenc Szabó

<https://orcid.org/0000-0002-5616-3349>

Attila Zsolnai

<https://orcid.org/0000-0002-8382-1503>

István Anton

<https://orcid.org/0000-0001-8099-6992>

Submitted Apr 25, 2023; Revised Jul 17, 2023;

Accepted Aug 14, 2023

Objective: This study aims to investigate the genetic structure and characteristics of the Angus cattle population in Hungary. The survey was performed with the assistance of the Hungarian Hereford, Angus, Galloway Association (HHAGA).

Methods: Genetic parameters of 1,369 animals from 16 Angus herds were analyzed using the genotyping results of 12 microsatellite markers with the aid of PowerMarker, Genalex, GDA-NT2021, and STRUCTURE software. Genotyping of DNA was performed using an automated genetic analyzer. Based on pairwise identity by state values of animals, the Python networkx 2.3 library was used for network analysis of the breed and to identify the central animals.

Results: The observed numbers of alleles on the 12 loci under investigation ranged from 11 to 18. The average effective number of alleles was 3.201. The overall expected heterozygosity was 0.659 and the observed heterozygosity was 0.710. Four groups were detected among the 16 Angus herds. The breeders' information validated the grouping results and facilitated the comparison of birth weight, age at first calving, number of calves born and productive lifespan data between the four groups, revealing significant differences. We identified the central animals/herd of the Angus population in Hungary. The match of our group descriptions with the phenotypic data provided by the breeders further underscores the value of cooperation between breeders and researchers.

Conclusion: The observation that significant differences in the measured traits occurred among the identified groups paves the way to further enhancement of breeding efficiency. Our findings have the potential to aid the development of new breeding strategies and help breeders keep the Angus populations in Hungary under genetic supervision. Based on our results the efficient use of an upcoming genomic selection can, in some cases, significantly improve birth weight, age at first calving, number of calves born and the productive lifespan of animals.

Keywords: Angus Cattle; Genetic Diversity; Microsatellites; Production Traits

INTRODUCTION

The Aberdeen Angus is one of the oldest – and probably the most iconic – beef cattle breeds in the world. It derives from the Scottish counties of Aberdeenshire and Angus in northeast Scotland, where the black hornless cattle were raised by local farmers.

The first printed reference to polled cattle in Angus was made by Rev. James Playfair in 1797 in the Old Statistical Account of the parish of Bendochy [1]. Hugh Watson, William McCombie and Sir George MacPherson Grant are considered leading promoters and improvers of the Aberdeen Angus breed. Starting of the Herd Book (1862) was an important event in the history of the breed, which was followed by the institution of the Polled Cattle Society in 1879 [1].

In the 19th century, the breed rapidly spread across the whole of the United Kingdom,

France and other countries, such as Argentina, Australia, Uruguay, and the United States of America. It is currently one of the most popular breeds worldwide due to the superior quality of its meat. Today, the breed is available and raised in many countries throughout the world. The number of registered Aberdeen Angus animals continues to rise year-on-year. Based on the British Cattle Movement Service (BCMS) registration results, in 2021 Aberdeen Angus became Britain's most popular cattle breed [2]. Aberdeen Angus cattle are regarded as medium-sized animals and produce a high carcass yield of excellent quality marbled meat. The native colour is black, but more recently red colours have also emerged. Black and Red Angus are closely related breeds. The low genetic distance between them indicates a relatively recent divergence between these breeds [3]. The UK registers both Red Angus and Black Angus in the same herd book, but in some countries (e.g. the United States and Australia) they are regarded as two separate breeds.

The melanocyte-stimulating hormone receptor is of major importance in the determination of bovine coat colour. A polymorphism in the dominant E^D allele of the gene is responsible for the black colour, while a frameshift mutation in homozygous e/e animals results in a red coat colour [4].

Black-hided Angus calves had higher average daily weight gain, required shorter fattening time to reach slaughter weight and had fewer health problems and deaths than non-black-hided calves [5]. Comparing the feeding behaviour of Black and Red Angus cattle, Wolfger et al [6] observed elevated feed intake in the case of black animals, which resulted in higher average daily weight gains. Previously, McLean and Schmutz [7] reported a faster rate of gain and better carcass quality in black cattle, which was associated with a particular melanocortin 1 receptor genotype.

Lozada-Soto et al [8] examined the consequences of genomic selection on the genetic diversity of American Angus cattle. They found significant depressive effects of inbreeding on economically important growth traits.

Results of Karamfilov [9] suggested that Aberdeen Angus cows are more docile after the age of four years. These animals express higher resistance to diseases, have stable immunity and lower treatment expenses [10].

The Angus breed was first introduced in Hungary in the 1950s to develop cross-breeding programmes among different beef cattle breeds [11]. Later, both Black and Red Angus animals were imported to Hungary on several occasions.

The Hungarian Hereford, Angus, Galloway Association (HHAGA) was founded in 1988 and since then has continued to work to improve breeding activity and preserve the superior genetic characteristics of the breed. The HHAGA has been a member of the World Hereford Council since 1990 and a member of the European Angus Forum since 2002.

Comparing reproductive performance of nine beef cattle

breeds (Hungarian Simmental, Hereford, Aberdeen Angus, Red Angus, Lincoln Red, Limousin, Charolais, Blonde d'Aquitaine, and Shaver) Bene et al [12] found that Red Angus cows had the highest 205-day weaning weight per cow and per 100 kg cow weight (143.9 kg and 23.9 kg/100 kg, respectively). Marker assisted selection (MAS) has been used by Hungarian researchers as molecular tool in cattle breeding since 1996 [13]. In the 2000s several studies were conducted in Angus bulls in Hungary to investigate the effect of diacylglycerol acyltransferase 1, thyroglobulin, and leptin loci on the marbling of meat. Significant differences ($p < 0.05$) were observed between genotypes in all cases, concerning fat percentage values in the longissimus dorsi and semitendinosus muscles [14,15].

Microsatellite markers are widely used in population genetics, conservation genetics, and parentage identification [16-19]. In recent years, several genetic analyses have been performed in cattle populations based on microsatellite markers [11,17,20,21]. Since no previous studies have been made concerning the genetic structure of Angus cattle in Hungary, we aimed to provide breeders with sufficient information to preserve and protect the genetic diversity of the breed and to indicate those herds, which demand special consideration by the HHAGA.

MATERIALS AND METHODS

A total of 1,369 Angus cows from 16 different Hungarian herds (Figure 1; Table 1; Supplementary Table S1) were investigated by genotyping 12 microsatellite markers (BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, TGLA122, TGLA126, BM1818, MGTG4B, CSSM66, and CSRM60) using an automated ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). All of the above-mentioned microsatellite markers are recommended by the International Society of Animal Genetics (ISAG) for parentage control examinations [22]. The collection of blood samples was an integral part of the regularly executed routine parentage testing performed by trained veterinarians. The genomic DNA extraction, polymerase chain reaction and fragment length determination were completed according to the method used by Szűcs et al [17].

The number of animals, regarding the analyses of productivity data were 4,082 cows. They were arranged [23-25] into four sets according to the microsatellite based identification of A-C-M, F-J-L-N-O-P, B-D-E-G-H-I, and K groups (see RESULTS AND DISCUSSION).

Effective number of alleles, observed and expected heterozygosity values, inbreeding coefficients and principal coordinate analysis were calculated by GenAlEx [26]. Neighbour-joining tree was constructed by MEGA [27].

Identity-by-state pairwise value (IBS) between any two

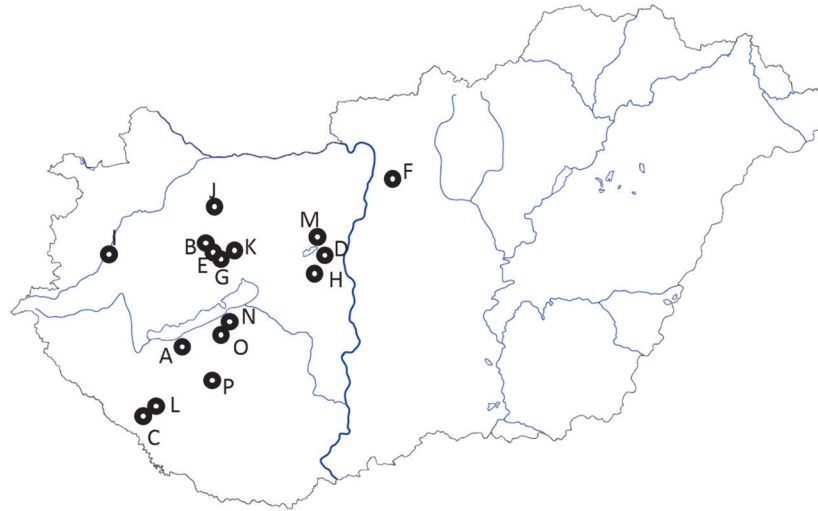


Figure 1. Sampling locations of 16 Angus herds in Hungary. Nearest settlement names and the coordinates are given in the Supplementary Table 1. Grey lines within the border represent the main body of rivers. Dark grey line is the Danube. The closed area, north from farms A, O, and N, south from farm G, is the lake Balaton.

Table 1. Population codes (Pop code), number of animals (N), effective number of alleles (Ne), observed (Ho), and expected (He) heterozygosity values, and inbreeding coefficients (Fis) of the investigated herds

Pop code	N	Ne	Ho	He	Fis
A	97	3.149	0.678	0.656	-0.031
B	24	3.239	0.809	0.671	-0.210
C	278	3.276	0.660	0.657	-0.004
D	46	3.356	0.668	0.684	0.023
E	132	3.588	0.742	0.711	-0.046
F	57	3.191	0.683	0.657	-0.044
G	29	3.253	0.695	0.671	-0.030
H	207	2.981	0.685	0.642	-0.068
I	95	3.337	0.739	0.689	-0.071
J	79	3.343	0.743	0.678	-0.100
K	213	3.614	0.746	0.708	-0.051
L	18	2.949	0.690	0.627	-0.095
M	20	2.569	0.600	0.531	-0.133
N	35	3.023	0.726	0.634	-0.140
O	18	3.198	0.759	0.670	-0.135
P	21	3.152	0.738	0.656	-0.129
	1369	3.201	0.710	0.659	-0.079

individuals was calculated as: $([\text{number of markers sharing two alleles} + 0.5 \times \text{number of markers sharing one allele}] / \text{number of markers})$. Betweenness centrality, was calculated and visualised by Python 3.6 software using the libraries networkx 2.3 and matplotlib 3.1.1. Betweenness centrality of a given animal/node = $\sum_{s \neq v \neq t}^v \frac{\sigma_{st|v}}{\sigma_{st}}$, where v is the number of nodes, σ_{st} is the total number of shortest paths from node s to node t and $\sigma_{st|v}$ is the number of those paths that pass through the node v .

For better visualisation of the genetic network based on IBS values and from the point of view of betweenness cen-

trality, we reduced the number of visible edges/connections/IBS values and nodes/animals.

RESULTS AND DISCUSSION

The observed numbers of alleles on the 12 loci under investigation ranged from 11 to 18. The average effective number of alleles was 3.201. The overall expected heterozygosity was 0.659 and the observed heterozygosity was 0.710 (Table 1). In British Angus herds, the observed heterozygosity using twelve microsatellites ($n = 33$) was 0.428 [28], while 50 animals with 30 microsatellites [29] yielded 0.610 value. Eleven microsatellites and 30 Angus individuals reared in Russia produced Ho with 0.665 [30]. Twenty two microsatellites on 164 Canadian Angus [31] resulted 0.630 Ho value. Old and New Type Colombia Angus ($n = 29$) Ho were equal to 0.734 and 0.707, respectively [32]. Ten microsatellites on 61 Columbian Angus [33] have given Ho = 0.600. The heterozygosity on the farms studied, ranged from 0.600 (herd M) to 0.809 (herd B) which are similar to the reported values above. Only farms E, I, J, K, O, and P exceeded the reported Ho value of Colombian values.

All herds, excluding D, had more heterozygous animals than expected. Six herds (B-J-M-N-O-P) had an inbreeding coefficient lower than or equal to -0.1 , and herd B had a value lower than -0.2 . At the time of testing the herds, B had the highest heterozygosity value, while a small extent of heterozygote deficiency was observed only in herd D.

The most probable cluster number was four (Figure 2). At $K = 4$ the herds were grouped as A-C-M marked mostly by blue, F-J-L-N-O-P by red, B-D-E-G-H-I by green, and K by yellow (Figure 3).

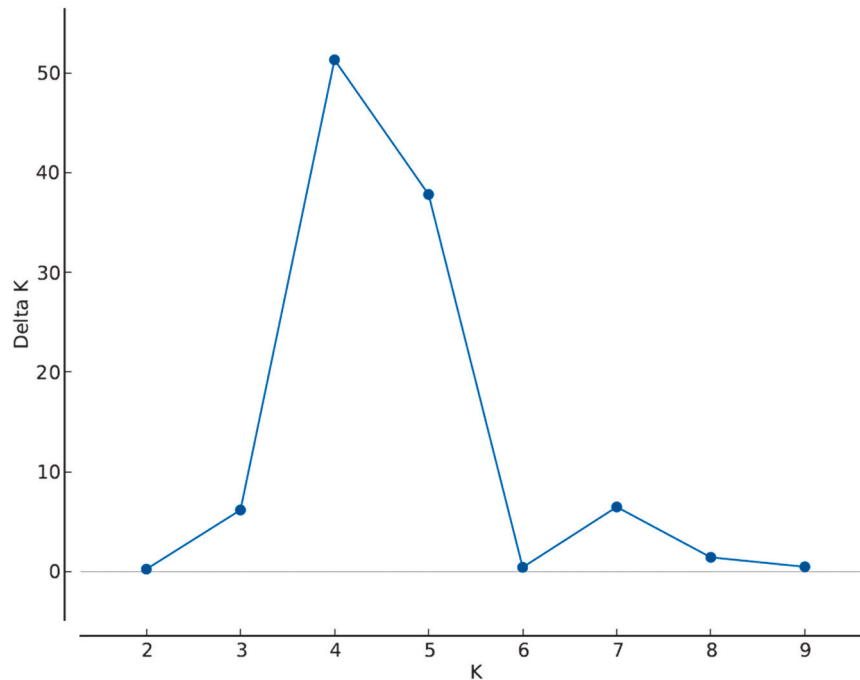


Figure 2. Determination of the most probable cluster number (K) of 16 Angus herds using ΔK approach on Structure $\ln P(D)$ values. The highest ΔK value is at K = 4.

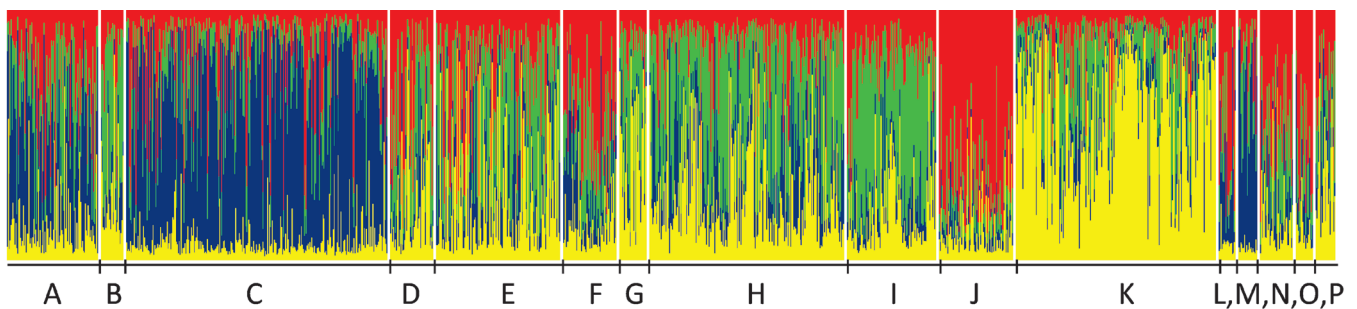


Figure 3. Structure plot of the herds from A to P at K= 4. Animals are represented by vertical lines, and their ratios from the identified groups are represented by different colours. Herds where the blue colour is dominant, are A-C-M. The high portion of red is given by populations F-J-L-N-O-P, and prevailing green defines B-D-E-G-H-I. Yellow overrepresentation is found in herd K.

On the principal coordinate plots (Figure 4) where the first and second axes account for 33.68% and 17.88% of the variance, respectively, the A-C-M and F-J-L-N-O-P herds were grouped as observed in Figure 3. The first axis differentiate between the blue and green groups, while the second divides red from blue, and red from green marked farms.

The dendrogram (Figure 5)—based on Nei's genetic distance—placed the A-C-M group on the same branch, with bootstrap values higher than 50. From the F-J-L-N-O-P group identified via STRUCTURE and principal coordinate analyses, J-L-O-P were also grouped together.

The grouping of the herds was determined by three methods. STRUCTURE identified four groups; two of them, A-C-M and F-J-L-N-O-P, were supported by the principal

coordinate analysis. The consensus tree of the population supported the existence of the A-C-M group; their bootstrap values were over 50.

The IBS value where the network remained interconnected was 0.624. The four highest betweenness centrality values belonging to the four animals denoted by the largest blue circles on Figure 6. were 0.488, 0.375, 0.251, and 0.194. The central animals of the Angus farms under study originated from herd A. These animals have the highest betweenness centrality scores among the studied individuals, having the highest genetic similarity to other animals and to each other (Figure 6). So herd A has animals sharing their state of genetic background with most of their herd companions. By comparing the overall patterns (Figure 6) of herd A (n = 97)

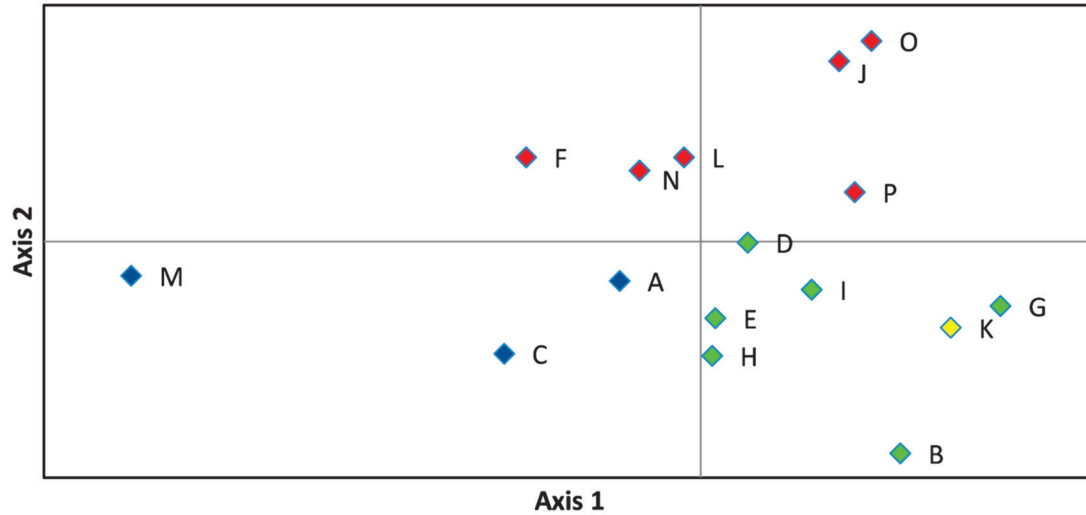


Figure 4. Representation of principal component analysis of estimated pairwise genetic distance values obtained by Genalex software, where axes 1 and 2 describe 33.68% and 17.88% of the total variance, respectively. Herd groups are marked by their dominant colour as given in Figure 3. Blue colour is for A-C-M. Red is given to F-J-L-N-O-P, green defines B-D-E-G-H-I, yellow denotes herd K.

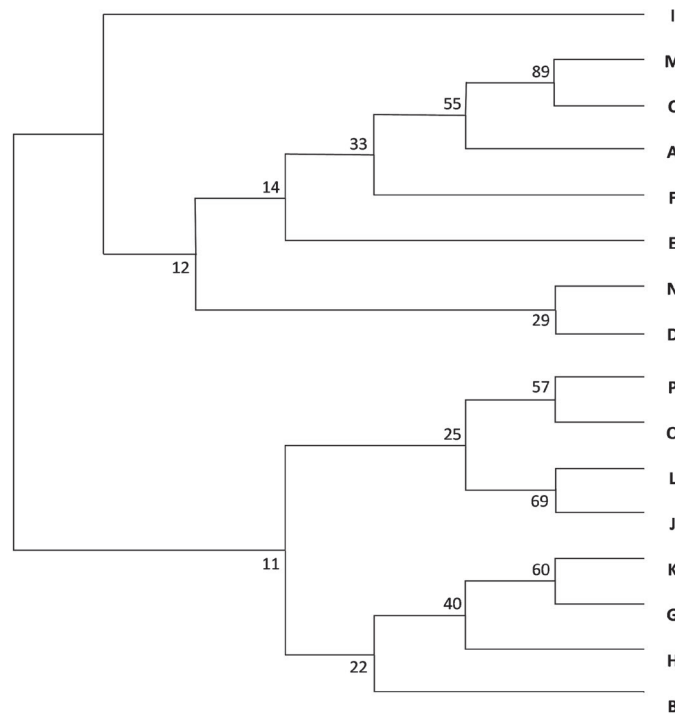


Figure 5. Neighbour-joining tree of herds from A to P. Numbers indicate the bootstrap values. The A, C, and M herds are on the same branch, with bootstrap values higher than 50. Among the STRUCTURE identified F-J-L-N-O-P group J, L, O, and P herds were also grouped together.

and the pattern obtained by the same methods on Hungarian Merino sheep ($n = 138$, Figure 4A [34]) it may be noted the appearance of a wheel-like structure. The reason for similar genetic net patterns of the Angus cattle and the Merino sheep [34] is that both are maintained for commercial reasons, so parameters for production traits are primordial. Such wheel-like structures might be common in industrial breeds and

might not be characteristic for the breeds where maintenance of diversity is of cardinal importance. That assumption requires further tests beyond the scope of the current study.

Since the genetic analyses were performed blindly, without the knowledge of the phenotypic appearance of the animals and performance data, we examined the history of the studied herds, with the support of the HHAGA. During that inspec-

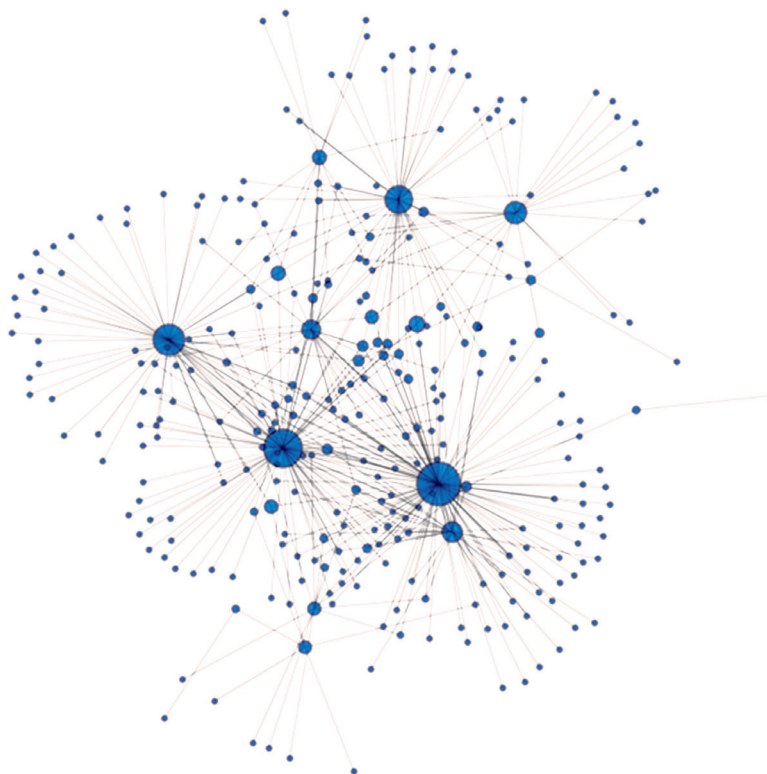


Figure 6. Genetic net based on identical by state values (IBS). IBS values above 0.624 are presented in the figure. Nodes/circles are the animals from herd A, and connections/edges are the pairwise IBS values between the nodes. The diameter of the nodes/animals is proportional to their betweenness centrality.

tion, we found similarities within the four groups identified by structure clustering. In A-C-M herds, Canadian Aberdeen Angus bulls were preferred for inseminations. Their individuals were mostly red-coloured variants (over 95%) with large body size. Herd M derives from herd C. Herds F-J-L-N-O-P mostly consist of British red Aberdeen Angus-type animals. Inseminating bulls were coming from herds A, C and D. Herd N's founders are derived from herds A and P, herd O is the descendant of N and P, while P contains German Fleckvieh ancestors in their maternal line. The common feature of the studied B-D-E-G-H-I groups is that they belong to the traditional black Aberdeen Angus type. Inseminating bulls are mostly provided by herd D, which has undergone a cross with Blonde d'Aquitaine cattle. The fourth group contains one herd, K, of which 20% are of the Limousin bloodline.

In summary, A-C-M is composed of red, large, Canadian-type animals; the F-J-L-N-O-P group contains the traditional red, British-type; the B-D-E-G-H-I group has traditional black, British-type animals, while K's ancestors can be traced back to cows of English origin.

Since the genetic differences could be explained by the different types of animals, we became interested in comparing birth weight, age at first calving, number of calves born and productive lifespan between the identified groups. The Kruskal-Wallis test indicated that birth weight, age at first calving and productive lifespan were different among the groups defined by microsatellite data. The Dunnett T3 test between the pairs of groups showed significant differences at the $p < 0.05$ level (Table 2).

Birth weight of Angus calves in Canada averaged 34 kg

Table 2. Distribution of mean values of birth weight (kg), age at first calving (day), number of calves born (head) and productive lifespan (day) and their \pm standard errors among the four groups (A-C-M, F-J-L-N-O-P, B-D-E-G-H-I, and K) identified by Structure-clustering

Measured traits	A-C-M	F-J-L-N-O-P	B-D-E-G-H-I	K
birth weight (kg)	25.9 ^a ± 2.7	29.3 ^b ± 5.3	27.2 ^c ± 4.4	27.6 ^{abc} ± 5.9
age at first calving (d)	869 ^a ± 206	829 ^b ± 156	891 ^d ± 226	945 ^{abd} ± 320
number of calves born	4.8 ^a ± 3.6	5.9 ^b ± 3.5	6.3 ^{bc} ± 3.6	8.4 ^c ± 4.1
productive lifespan (d)	1,996 ^a ± 1,535	2,221 ^a ± 1,677	2,563 ^d ± 1,520	3,556 ^c ± 1,758

^{a-d} Means with different uppercase letters in the same row are significantly different from each other at $p < 0.05$.

and was positively correlated with post-weaning daily weight gain [35]. Offspring from British (Angus and Hereford) sires were heavier (40.5 kg) than calves from Norwegian Red, Swedish Red and White and Friesian sires. Moreover, authors observed that effect of sire breed in case of birth weight was significant ($p < 0.001$) [36]. Average birth weight of female Angus calves in Bulgaria was 31.6 kg [37]. The mean birth weight of progeny born to dairy cows which were artificially inseminated to Angus and Hereford bulls in New Zealand was 36.8 kg [38]. Birth weight values reported in present study are lower compared to those cited from literature.

In the USA age at first calving is expected to be 22 to 24 months of age in the majority of *Bos taurus* heifers (e.g. Angus, Hereford, Charolais). Heifers that first calved at two vs. three years of age, produced an average of 0.7 more calves in their lifetime [39], or in other respects produced 138 kg more of weaned calf weight in their lifetime [40].

When estimating genetic parameters for the age at first calving and first calving interval in the Czech beef cattle population low to moderate heritability of these traits were found. In case of Angus heifers age at first calving averaged 756.1 days [41].

Mean values regarding age at first calving of Angus cows in Hungary was 2.76 years (1,007 days), while longevity (productive life) proved to be 8.28 years (3,022 days) [42]. Later productive life of Angus cows in Hungary was estimated at 8.14 years (2,971 days) [43]. This range is slightly shorter than longevity of group K in the present study but exceeds the results of the three other groups.

Concerning the impact of cow age on lifetime productivity of female offspring it has been found that calves born to five-year-old (or older) Angus cows had increased productivity compared to those born to four-year-old (or younger) dams [44]. When investigating the effect of calving period on the lifetime reproductive performance and productivity of Angus cows in Canada it has been concluded that heifers calving early vs calving later in their first calving season had increased pregnancy rates and weaned more calves [45].

CONCLUSION

Considering that no previous studies have been made on the genetic structure of Angus herds in Hungary, the results described here could be incorporated by HHAGA into ongoing and future breeding programmes to protect and preserve the genetic diversity of the breed. Identification of trait differences among the identified groups could pave the way of the targeted and efficient use of an upcoming genomic selection. For example, in herds A-C-M, birth weight, age at first calving, and the productive lifespan require substantial improvement.

CONFLICT OF INTEREST

We certify that there is no conflict of interest with any financial organization regarding the material discussed in the manuscript.

FUNDING

The authors received no financial support for this article.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors are thankful to the Hungarian Hereford, Angus, Galloway Association for providing the samples and data for analyses.

SUPPLEMENTARY MATERIAL

Supplementary file is available from: <https://doi.org/10.5713/ab.23.0157>

Supplementary Table S1. Codes of Angus herds used in the main text, settlement names and GPS positions

REFERENCES

1. Macdonald J, Sinclair J. History of Aberdeen-Angus cattle. Revised edition. London, UK: Vinton & Company Ltd.; 1910.
2. British Cattle Movement Service [Internet]. Registrations reveal Aberdeen Angus as Britain's most popular cattle breed. [cited 2023 Feb 16]. Available from: <https://www.cornwalllive.com/news/uk-world-news/registrations-reveal-aberdeen-angus-britains-6713183>
3. Kuehn L. Relationships of beef breeds using the 50k chip. Clay Center, NE, USA: USDA-ARS, US Meat Animal Research Center; 2010. pp. 1-2.
4. Klungland H, Vage DI, Gomez-Raya L, Adalsteinsson S, Lien S. The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mamm Genome* 1995;6:636-9. <https://doi.org/10.1007/BF00352371>
5. Laudert SB. Factors that determine feedlot profit [Internet]. *Beef Magazine*; 2010 [cited 2014 Oct 20]. Available from: <https://beefmagazine.com/sectors/feedlot/research-roundup-0601>
6. Wolfger B, Quinn C, Torres GW, Taylor M, Orsel K. Comparison of feeding behavior between black and red Angus feeder heifers. *Can J Anim Sci* 2016;96:404-9. <https://doi.org/10.1139/cjas-2014-0161>
7. McLean KL, Schmutz SM. Associations of melanocortin 1 receptor genotype with growth and carcass traits in beef cattle. *Can J Anim Sci* 2009;89:295-300. <https://doi.org/10.4141/CJAS08094>

8. Lozada-Soto EA, Maltecca C, Lu D, et al. Trends in genetic diversity and the effect of inbreeding in American Angus cattle under genomic selection. *Genet Sel Evol* 2021;53:50. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00644-z>
9. Karamfilov S. Study on the temperament of cows of the Aberdeen Angus cattle breed. *Czech J Anim Sci* 2022;67:8-14. <https://doi.org/10.17221/88/2021-CJAS>
10. Hine BC, Bell AM, Niemeyer DDO et al. Immune competence traits assessed during the stress of weaning are heritable and favorably genetically correlated with temperament traits in Angus cattle. *J Anim Sci* 2019;97:4053-65. <https://doi.org/10.1093/jas/skz260>
11. Horn A, Szmodits T, Bodó L. Experiments related to the performance of crosses among Angus and Simmental cattle (Kísérletek az angus és magyartarka szarvasmarha használatelőállító keresztezésére I.). *Anim Breeding (Állattenyésztés)*, Budapest, Hungary 1959;1:43-54. <https://core.ac.uk/download/pdf/185519573.pdf>
12. Szabolcs B, Norma H, Miklós L, Ferenc S. Reproductive performance of beef cattle with different genotypes kept under extensive conditions between 1999-2011. *Hung J Anim Prod* 2013;62:124-35.
13. Zsolnai A, Fésüs L. Simultaneous analysis of bovine K-casein and BLAD alleles by multiplex PCR followed by parallel digestion with two restriction enzymes. *Anim Genet* 1996;27:207-9. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1996.tb00954.x>
14. Anton I, Kovács K, Fésüs L, et al. Effect of DGAT1 and TG gene polymorphism on intramuscular fat and milk production traits in different cattle breeds in Hungary. *Acta Vet Hung* 2008;56:181-6. <https://doi.org/10.1556/avet.56.2008.2.5>
15. Anton I, Kovács K, Holló G, et al. Effect of leptin, DGAT1 and TG gene polymorphisms on the intramuscular fat of Angus cattle in Hungary. *Livest Sci* 2011;135:300-3. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.07.012>
16. Amigues Y, Boitard S, Bertrand C, et al. Genetic characterization of the Blonde d'Aquitaine cattle breed using microsatellite markers and relationship with three other French cattle populations. *J Anim Breed Genet* 2011;128:201-8. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2010.00890.x>
17. Szúcs M, Szabó F, Bán B, et al. Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationship of Limousin herds in Hungary using microsatellite markers. *Asian-Australas J Anim Sci* 2019;32:176-82. <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0164>
18. Bhargava A, Fuentes FF. Mutational dynamics of microsatellites. *Mol Biotechnol* 2010;44:250-66. <https://doi.org/10.1007/s12033-009-9230-4>
19. Guichoux E, Lagache L, Wagner S, et al. Current trends in microsatellite genotyping. *Mol Ecol Resour* 2011;11:591-611. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2011.03014.x>
20. Mahgoub O, Babiker HA, Kadim IT, et al. Disclosing the origin and diversity of Omani cattle. *Anim Genet* 2013;44:336-9. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02399.x>
21. Zsolnai A, Kovács A, Anton I, et al. Comparison of different Hungarian grey herds as based on microsatellite analysis. *Anim Sci Pap Rep* 2014;32:121-30.
22. ISAG species panel [Internet]. Further information of interest concerning the ISAG comparison tests [cited 2023 Feb 16]. Available from: <http://www.isag.us/comptest.asp?autotry=true&ULnotkn=true>
23. Hubisz MJ, Falush D, Stephens M, Pritchard JK. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Mol Ecol Resour* 2009;9:1322-32. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x>
24. Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* 2005;14:2611-20. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
25. Earl DA, von Holdt BM. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv Genet Resour* 2012;4:359-61. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
26. Peakall R, Smouse PE. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol Ecol Notes* 2006;6:288-95. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>
27. Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol Biol Evol* 2021;38:3022-7. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
28. Machugh DE, Loftus RT, Bradley DG, et al. Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 1994;256:25-31. <https://doi.org/10.1098/rspb.1994.0044>
29. Wiener P, Burton D, Williams JL. Breed relationships and definition in British cattle: a genetic analysis. *Heredity (Edinb)* 2004;93:597-602. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800566>
30. Alsahl MA, Bakai A, Feyzullaev FR, et al. Comparative characteristics of the genetic structure of the Syrian cattle breed compared to Holstein and Aberdeen-Angus breeds. *J Adv Vet Anim Res* 2021;8:339-45. <https://doi.org/10.5455/javar.2021.h520>
31. Carruthers CR, Plante Y, Schmutz SM. Comparison of Angus cattle populations using gene variants and microsatellites. *Can J Anim Sci* 2011;91:81-5. <https://doi.org/10.4141/CJAS10058>
32. Moreno-Sierra AM, Cerón-Muñoz MF, Soto-Calderón ID. Population genetic structure of two herds of Aberdeen Angus cattle breed in Colombia. *Rev Colomb Cienc Pecu* 2020;34:278-90. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v34n4a05>
33. Montoya AE, Cerón-Muñoz MF, Moreno MA, et al. Genetic characterization of the Hartón del Valle, Angus, Brangus, Holstein, and Senepol cattle breeds in Colombia, using ten microsatellite markers. *Rev Colomb Cienc Pecu* 2010;23:283-91.

34. Zsolnai A, Egerszegi I, Rózsa L, et al. Position of Hungarian Merino among other Merinos, within-breed genetic similarity network and markers associated with daily weight gain. *Anim Biosci* 2023;36:10-8. <https://doi.org/10.5713/ab.21.0459>
35. Bailey CB, Mears GJ. Birth weight in calves and its relation to growth rates from birth to weaning and weaning to slaughter. *Can J Anim Sci* 1990;70:167-73. <https://doi.org/10.4141/cjas90-019>
36. Casas E, Thallman RM, Cundiff LV. Birth and weaning traits in crossbred cattle from Hereford, Angus, Norwegian Red, Swedish Red and White, Wagyu, and Friesian sires. *J Anim Sci* 2012;90:2916-20. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4694>
37. Nikolov V, Karamfilov S. Growth of female calves of the Aberdeen Angus cattle breed reared in an organic farm. *Scientific Papers. Series D. Animal Science* 2020;63:60-6.
38. Coleman L, Back P, Blair H, López-Villalobos N, Hickson R. Sire effects on birth weight, gestation length, and pre-weaning growth of beef-cross-dairy calves: a case study in New Zealand. *Dairy* 2021;2:385-95. <https://doi.org/10.3390/dairy2030030>
39. Morris CA. A review of relationships between aspects of reproduction in beef heifers and their lifetime production: 1. Associations with fertility in the first joining season and with age at first joining. *Anim Breed Abstr* 1980;48:655-76.
40. Nunez-Dominguez R, Cundiff LV, Dickerson GE, Gregory KE, Koch RM. Lifetime production of beef heifers calving first at two vs three years of age. *J Anim Sci* 1991;69:3467-79.
41. Brzáková M, Čítek J, Svitáková A, Veselá Z, Vostrý L. Genetic parameters for age at first calving and first calving interval of beef cattle. *Animals* 2020;10:2122. <https://doi.org/10.3390/ani10112122>
42. Dákay I, Márton D, Bene S, Kiss B, Zsuppán Z, Szabó F. The age at first calving and the longevity of beef cows in Hungary. *Arch Tierz* 2006;49:417-25. <https://doi.org/10.5194/aab-49-417-2006>
43. Szabó F, Dákay I. Estimation of some productive and reproductive effects on longevity of beef cows using survival analysis. *Livest Sci* 2009;122:271-5. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.09.024>
44. Wellnitz KR, Parsons CT, Dafoe JM, et al. Impacts of dam age on lifetime productivity of angus replacement beef females. *Animals* 2022;12:2768. <https://doi.org/10.3390/ani12202768>
45. Damiran D, Larson KA, Pearce LT, et al. Effect of calving period on beef cow longevity and lifetime productivity in western Canada. *Transl Anim Sci* 2018;2:S61-5. <https://doi.org/10.1093/tas/txy020>



animals



Article

Heritability Estimates of Age at First Calving and Correlation Analysis in Angus Cows Bred in Hungary

Judit Márton, Szabolcs Albin Bene and Ferenc Szabó



<https://doi.org/10.3390/ani14243715>



Article

Heritability Estimates of Age at First Calving and Correlation Analysis in Angus Cows Bred in Hungary

Judit Márton ¹, Szabolcs Albin Bene ^{2,*} and Ferenc Szabó ³¹ Hungarian Hereford, Angus and Galloway Breeders Association, Dénesmajor 2, H-7400 Kaposvár, Hungary² Georgikon Campus, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Deák Ferenc U. 16, H-8360 Keszthely, Hungary³ Albert Kázmér Faculty of Agriculture and Food Sciences, Széchenyi István University, Vár T. 2, H-9200 Mosonmagyaróvár, Hungary

* Correspondence: bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu

Simple Summary: This paper summarizes the results of a study on the age at first calving (AFC) in Angus cows bred in Hungary. This trait is critical for economic and sustainability reasons due to its relationship with effectiveness and profitability. The results show significant effects of the birth season, herd, and the sire on this trait. No phenotypic or genetic changes were found during the 23-year study period. However, higher heritability estimates than previously reported suggest the possibility of the selection of the AFC in the Angus population.

Abstract: This study aimed to examine the age at first calving (AFC) in Hungarian Angus herds. This study was conducted on the basis of data from 2955 registered cows, classified into five groups (based on different Angus types), and 200 breeding bulls, which were the sires of the cows. The data were made available by the Hungarian Hereford, Angus, and Galloway Breeders' Association. The variance and covariance components, heritability, breeding value (BV), and genetic trends of AFC between 1998 and 2021 were evaluated. A general linear model (univariate analysis of variance) was used to examine the various effects, while best linear unbiased prediction was used to estimate the population genetic parameters and BV, and linear regression analysis was used for the trend analysis. The average AFC obtained was 28.1 ± 0.1 months (SD = 5.3 months), showing a relatively large variance (CV = 18.9%). The environmental factors that influenced the development of the phenotype were the cow's birth season (28.99%, $p < 0.01$), cow's birth year (28.7%, $p < 0.01$), the cow's sire (18.32%, $p < 0.01$), and the herd (11.77%, $p < 0.05$). The cow's color variant (8.10%, $p > 0.05$) was not significant and did not influence the AFC in this study. The direct heritability of AFC ($h^2 = 0.51 \pm 0.06$) was higher than data in the literature (0.38 ± 0.05); however, the maternal heritability was low ($h^2_m = 0.00 \pm 0.03$). The correlation between direct and maternal genetic effects was zero ($r_{dm} = -0.97 \pm 1.00$). The phenotypic trend of AFC increased by +0.03 months per year, which was not statistically significant. The genetic trend calculation showed no significant changes. Based on the h^2 and BV results, it seems that selecting a suitable sire can effectively reduce the AFC of daughters. Since AFC is also an important trait in economic terms, it would be appropriate to include AFC BV in the bull catalog.

Keywords: Angus; age at first calving; population genetic parameters; genetic trend; heritability; breeding value



Citation: Márton, J.; Bene, S.A.; Szabó, F. Heritability Estimates of Age at First Calving and Correlation Analysis in Angus Cows Bred in Hungary. *Animals* **2024**, *14*, 3715. <https://doi.org/10.3390/ani14243715>

Received: 31 October 2024

Revised: 9 December 2024

Accepted: 19 December 2024

Published: 23 December 2024



Copyright: © 2024 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

1. Introduction

The profitability and sustainability of beef herds are significantly influenced by the age at first calving (AFC), which has a direct impact on the reproductive and productive performance of the cows. Regarding the economic sustainability of beef cattle farming, reproductive performance is a decisive factor. According to Pulina et al. [1], the main limitations in the beef

sector include unfavorable reproduction, lower meat yield per live weight, significantly lower productivity, and a longer production cycle compared to other livestock species. Heifers that calve earlier in the calving period give approximately one more calf during their lifetime than their counterparts that calve later. Thus, the profitability and sustainability of the cow–calf operation are significantly influenced by the cow’s productive life and AFC [2]. The AFC does not depend only on environmental conditions, biological factors, and genetic background; in many cases, it also requires a strategic decision that takes into account economic efficiency and long-term production goals. It is influenced by breeders’ concern that an earlier AFC may increase the risk of calving difficulties, reduce the success of re-pregnancy, and have an adverse effect on the cow’s subsequent performance [3,4].

During a study of Blonde d’Aquitaine cows, López-Parades et al. [5] found that reducing the AFC from 3 to 2 years reduced feed cost by 21.24 USD/year, reduced production cost by 26.52 USD/year, and led to an additional profit of 25.80 USD/year per calf slaughtered over the productive lifespan of the cow. An early AFC (22–24 months) has significant advantages in beef cattle breeding: it can ensure a faster return, increase both the number of calves weaned and meat production and reduce the replacement rate of cows [5]. If AFC was less than or equal to 24 months, 0.7 more calves were weaned by age 6.5 compared to an AFC of 36 months. Early calving heifers achieved a gain of 36.15 USD by the end of their fourth year of life, or 500 USD/cow over the cow’s lifetime [6].

Appropriate feeding and genetic selection are critical factors in optimizing AFC, especially in temperate regions. Based on data from the Irish Cattle Breeding Federation and Teagasc [7], reducing the AFC from 36 months to 24 months results in a smaller (–12%) carbon footprint of 11.2 kg CO₂ eq/kg live weight (24-month AFC) compared with 12.7 kg CO₂ eq/kg live weight (36 months AFC); thus, a saving of Euro 114/cow/year can be achieved. Examining data from the United States Department of Agriculture, Moorey and Biase [8] estimate that the calving of 1.6 million heifers in the USA later than 23–27 months of age equates to a loss of 210 million dollars to the beef sector as a result of late breeding.

Maximum production efficiency can be achieved without complications by calving at 2 years of age, with less than 5% calf mortality and a calving interval of 365 days. Based on data from Great Britain, 8.5% of beef heifers calve before the expected age of 24 months [9]. Cushman et al. [10] found that heifers that calved earlier in the breeding season stayed in the herd longer, and their calves were weaned with a higher total weight than their counterparts that calved later. Hickson et al. [4] found that reducing the AFC of heifers from 3 to 2 years of age significantly increases fertility and the number of calves weaned annually from 2-year-old heifers who can be fed without assistance.

There are many literature sources on AFC in different beef cattle breeds. Based on the information listed in Table 1, the h^2 value of AFC is low to moderate. It can be observed that the value of AFC is typically between 2 and 3 years for breeds belonging to the British maternal line and continental terminal breeds, while it is typically over 3 years for late-maturing indigenous and Zebu-type cattle.

Table 1. Typical mean and heritability estimates of AFC for beef cows in the literature.

Breed	AFC (Month)	h^2	Source
ABA, HER	33.12–24.96	–	Dákay et al. [11]
RED, SIM	23.79–23.81	0.14–0.19	Giess et al. [12]
ABA, CHA	24.85–35.41	0.17–0.23	BrzÁková et al. [13]
CRO	30.75	0.31	Berry and Evans [14]
LIM	33.60	0.18	Zsuppán et al. [15]
LIM	33.90	0.08	Bene et al. [16]
ZEB	34.83	0.46	Magaña and Segura [17]
NEL	34.71	0.10	Boligon and Albuquerque [18]
CRO ZEB	44.13	0.37	González-Murray et al. [19]
ABA	24.28 (AFC30)	0.28	Bormann and Wilson [20]

ABA = Aberdeen Angus; SIM = Simmental; CHA = Charolais; CRO = crossed; HER = Hereford; LIM = Limousin; RED = Red Angus; NEL = Nellore; ZEB = Zebu; h^2 = heritability.

According to Twomey and Cromie [21], the AFC does not affect the performance of mature cows in terms of a cow's longevity or live weight, calving interval and difficulty, or weaning weight of their calves. The genetic correlation between AFC and second–third calving intervals (+0.40) suggests that selection on earlier AFC can reduce the calving interval [22]. Roughsedge et al. [23] and Berry and Evans [14] reported a negative genetic correlation for these traits. Boligon et al. [24] report negative genetic correlations of -0.29 and -0.24 between AFC and post-weaning weight and yearling weight, respectively. The genetic correlation between AFC and the total number of calvings indicates that heifers who calve earlier produce more calves during their lifetime [5]. There are numerous datasets addressing the relationship between AFC and other reproductive traits, with diverse and often conflicting information.

Precise knowledge of the genetic characteristics of the Angus breed in Hungary is available in only a small number of populations. Therefore, our study aimed to determine the average AFC and its heritability. Moreover, we aimed to examine the effect of various environmental factors on AFC, as well as phenotypic and genetic trends and the breeding value (BV) of Angus sires.

Among the breeding objectives of the Hungarian Hereford, Angus, and Galloway Breeders' Association (HHAGBA), the improvement of reproductive traits is given a prominent role in the sustainability of beef cattle farming. AFC is of paramount importance, as it has a direct impact on reproductive efficiency and lifetime productivity.

To achieve optimal AFC, we recommend targeted genetic selection, improved herd management practices, and nutritional strategies adapted to Hungarian production systems. Breeders should consider using selection indices that include AFC to improve economic performance and sustainability.

2. Materials and Methods

2.1. The Database

The pedigree and performance testing data of the HHAGBA were used for this study. Data for the AFC of cows born between 1998 and 2021 were analyzed. The dataset included 2955 pedigree Angus and high (>75%) blood Angus cows (Table 2) in five different genetic groups [25].

Table 2. The structure of the initial database.

Starting Parameters	Database Used
Period examined, based on the cows' birth date	1998–2021
Number of herds	5
Number of cows	2955
Number of the examined sires (sire of cow)	200
Minimum number of female progeny per sire	5
The average number of female progeny (cow) per sire	15.0
Number of the examined dams (dam of cow)	2106

The studied population consisted of 2106 Angus dams and 200 purebred Angus sires. Only individuals with known maternal and paternal lineage were included in the analysis. When determining the date of the first calving, only live calves were taken into account (aborted and stillborn calves were not considered), and a total of 199 outliers under 19.0 months (2) and over 46.0 months (179) were excluded. The AFC was determined by the difference between the cow's date of birth and the date of first calving.

Genetic groups were distinguished by origin, color variant, size, and type: group 1: the large-framed modern type of Canadian and American red Angus; group 2: traditional type of red Angus; group 3: traditional, exclusively British type; group 4: traditional British type black and American imported red Angus; group 5: a mixture of individuals from the other 4 groups.

The normality of the data was tested using the Kolgomorov–Smirnov test, while the homogeneity of the data was assessed by Levene’s test.

The data were selected by the Hungarian Hereford, Angus, and Galloway Breeders’ Association’s own database (HHAGBA registry). Data preparation was carried out using the programs Microsoft Excel and Word 2021. The evaluation and the correlation matrix were conducted using IBM SPSS Statistics for Windows, Version 27.0 [26].

2.2. Examining the Effects of Different Factors

The effects of fixed and random factors influencing the trait AFC were evaluated using a general linear model (GLM) within Anova Type III univariate analysis of variance (Table 3) before running the genetic analysis using the BLUP animal model. When compiling this model, sire (sire of the cow) was included as a random effect, while the other factors under examination (herd, color variant of the cow, birth year of the cow, and birth season of the cow) were included as fixed effects. The estimation model was as follows:

$$\hat{y}_{hijkl} = \mu + S_h + F_i + C_j + Y_k + M_l + e_{ijkl} \quad (1)$$

where \hat{y}_{hijkl} = the estimate of the AFC for a cow from sire “h”, in the herd “i”, with “j” color, in “k” birth year, and “l” birth season; μ = the overall mean of all observations; S_h = the random effect of the sire; F_i = the fixed effect of the herd; C_j = the fixed effect of the cow’s color variant; Y_k = the fixed effect of the birth year; M_l = the fixed effect of the birth season, and e_{ijkl} = random error.

Table 3. The applied models for the estimations.

Type of Model	GLM Method	BLUP Animal Model
Random effects:		
– sire (sire of the cow);	+	–
– cow (animal);	–	+
– maternal genetic effect.	–	+
Fixed effects:		
– herd;	+	+
– color variant of the cow;	+	+
– birth year of the cow;	+	+
– birth season of the cow.	+	+
Pedigree matrix:		
– animal (cow);	–	+
– sire;	–	+
– dam;	–	+
– full sibs, half sibs;	–	+
– grandparents.	–	+
Examined trait:		
– age at first calving.	+	+

+, the model included this effect; –, the model did not include this effect.

2.3. Estimation of Population Genetic Parameters

The available database allowed for both a simpler sire model and a more complex animal model. Population genetic parameters were determined using the GLM [16] and BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) [27] animal models.

The population genetic parameters determined by the GLM model were σ_s^2 = sire variance, σ_e^2 = residual variance, σ_p^2 = phenotypic variance, and h_s^2 = heritability estimated based on sire variance. This differs from the BLUP model, which directly estimates additive genetic variance.

Heritability value (h^2) was calculated as additive genetic variance (σ_a^2) divided by phenotypic variance (σ_p^2) using the following formula [28]:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2} \quad (2)$$

where h^2 = heritability; σ_a^2 = additive genetic variance; σ_e^2 = residual (environmental) variance, and σ_p^2 = phenotypic variance.

Using the BLUP model, a database and a pedigree matrix were created. Compared to the GLM method, the BLUP model is more complex, taking into account the individual animal's genetic effects (including both direct and maternal effects) as well as maternal permanent environmental influence. This result is more accurate in estimating genetic values, especially for traits with high genetic heritability. It contains the same fixed effects as the GLM method (herd, as well as the cow's color variant, birth year, and birth season). The BLUP model contains the pedigree matrix of animals (including the sire, mother, full and half-siblings, and grandparents), allowing for an estimate based on a whole family tree. The animal model used was as follows [29]:

$$y = X_b + Z_u + e \quad (3)$$

where y = vector of observation; b = vector of fixed effects; u = vector of random effects; e = error vector; X = incidence matrix relating observations to fixed effects, and Z = incidence matrix relating observations to random effects.

Population genetic parameters were estimated using the MTDFREML [30] program and based on the guidelines of Szőke and Komlósi [31] and Szűcs et al. [29].

2.4. Estimation of Genetic Values

We also estimated the BV of the sires with regard to the AFC trait, for which we used both the GLM and BLUP animal models. GLM estimates BVs based on the genetic differences between sires and does not take into account the animals' own genetic or maternal genetic effects. The BLUP model estimates BV in more detail, taking into account direct genetic and maternal genetic effects.

The BVs were determined for all 200 sires included in this study. The BV calculation using the GLM method was performed in two steps. The calculation of the estimated progeny difference (EPD) shows how much the progeny of a given bull differs (regarding AFC) from the performance of other progeny in the population. The BV is twice the EPD. The BLUP animal model directly estimates BV.

$$EPD = (x_{pg} - X_{all}) \quad (4)$$

where x_{pg} = the mean value of the progeny group of the sire, and X_{all} = the mean value of the contemporary offspring population.

2.5. Phenotypic and Genetic Trends

When calculating the phenotypic trend, the AFC per year was averaged; the mean values were plotted as a function of the year of birth, and the direction and extent of the phenotypic trend were determined by linear regression analysis. The dependent variable (Y) is the assessed trait (average AFC), and the independent variable (X) is the year of birth of the cow. We determined the slope (b), which indicates the magnitude of the change and direction of the property, the constant (a), and the fit (R^2).

The genetic trend of AFC was determined similarly to a previous study by Bene et al. [16] from the average BV of tested animals in two ways, using GLM and BLUP models. The genetic trend of AFC was investigated using a linear regression method and three different sources: GLM-based BV of sires; BLUP-based BV of sires; and BLUP-based BV of the entire population born in the same year. In analyzing the trend, we averaged the

BV of sires and population for each year. These annual averages formed the dependent variable in the regression analysis, while the independent variable was the year of birth of the cow. Similarly to the calculation of phenotypic trends, the constant of the regression equation (a), slope (b), and degree of fit (R^2) were calculated, and their statistical reliability was evaluated.

3. Results and Discussion

3.1. The Impact of Environmental Factors

The descriptive statistics for AFC are shown in Table 4. The overall mean AFC of Angus cows in Hungary was 28.1 ± 0.1 months (SD = 5.3 months, CV = 18.9%). This average is 5.02 months higher than the 33.12 (CV = 23.91%) months found in the Angus breed study by Dákay et al. [11] but lags behind the 22–24 months recommended in the literature by Day and Noguera [6], López-Paredes et al. [5], Byrne et al. [7], Hickson et al. [4], Giess et al. [12], Bormann and Wilson [20], and Brzáková et al. [13]. In Ireland, the average AFC in heifers is 32 months, with only 23% of the population calving for the first time at the age of 24 months [7].

Table 4. Descriptive statistics of the age at first calving in Angus cows.

Parameters	Age at First Calving
<i>n</i>	2955
Mean (months)	28.1
Standard error (S.E.) (months)	0.1
Standard deviation (SD) (months)	5.3
Coefficient of variation (CV, %)	18.9
Median (months)	25.9
Minimum (months)	19
Maximum (months)	46
Kolgomorov–Smirnov test (<i>p</i>)	0.00

The average breeding age of Angus heifers in this study was 18.6 months, calculated by subtracting the mean gestation length in cattle (9.5 months) from the average AFC of 28.1 months. This value was 5–7 months lower than the optimal breeding age of 12–15 months [6].

Among the factors we examined, those of the sire ($p < 0.01$), herd ($p < 0.05$), year of birth of the cow ($p < 0.01$), and cow's calving cycle ($p < 0.01$) had significant effects on AFC, but the color variant of the cow showed no significance (Table 5).

Table 5. The effect of different factors on the age at first calving.

Trait Factor	Classes	Age at First Calving	
		Effect (<i>p</i>)	Rate in Phenotype (%)
Sire of cow	200	<0.01	18.32
Herd	5	<0.05	11.77
Color variant of the cow	2	>0.05	8.10
Birth year of the cow	24	<0.01	28.70
Birth season of the cow	4	<0.01	28.99
Residual	–	–	4.12
Total	–	–	100.00

The Pearson correlation analysis showed a weak but significant correlation of AFC with the herd ($r = 0.104$, $p < 0.01$), a negative correlation with color variant ($r = -0.108$, $p < 0.01$), and a weak positive correlation with birth season ($r = 0.060$, $p < 0.01$), while the correlation with birth year was weakly negative ($r = -0.063$, $p < 0.01$).

The proportions of the variance in determining AFC for the factors were as follows: birth season of the cow (28.99%); birth year of the cow (28.7%); sire of the cow (18.32%); herd

(11.77%); and residual (4.12%). The birth season and the birth year of the cow were the most significant factors, together explaining nearly 60% of the difference in AFC. It could be due to significant changes in environmental factors or breeding and feeding practices, weather, and grazing. The influence of the sire on the phenotypic variance in their offspring's AFC was 18.32%, which includes both genetic and environmental effects, as confirmed by the heritability values. When examining Hungarian Limousin heifers, Bene et al. [16] found that the herd was the most influential environmental factor, accounting for 73.51% of the variance, followed by the cow's year of birth (13.02%), the sire (6.74%), and the calving season (1.62%).

The effects of the environmental factors on AFC are summarized in Table 6. The estimated adjusted mean AFC using the GLM method was 28.3 ± 0.4 months. However, the average AFCs of the studied herds were different. In herd number 2, AFC (30.0 ± 0.7) deviated from the average by +1.7 months, while that of heifers in herd 3 (26.8 ± 0.7) deviated from the average by -1.5 months (i.e., there was a difference of 3.2 months in the AFCs of the two herds). Herd 2 is a red type of British Angus, while herd 3 is a black Angus population of the traditional British type.

Table 6. The effect of environmental factors on the age at first calving.

Trait	<i>n</i>	Age at First Calving (Months)	
Adjusted Overall Mean (\pm SE)	2955	28.3 \pm 0.3	
Environmental Factors		Mean \pm SE	Deviation from the Overall Mean
Herd (code)			
1	243	29.0 \pm 0.7	+0.7
2	710	30.0 \pm 0.7	+1.7
3	93	26.8 \pm 0.7	-1.5
4	1266	27.6 \pm 0.4	-0.7
5	643	28.2 \pm 0.5	-0.1
Color variant of the cow			
Black	1445	28.5 \pm 0.4	+0.2
Red	1510	28.0 \pm 0.4	-0.3
Birth year of the cow			
1998	25	29.4 \pm 2.4	+1.1
1999	18	24.9 \pm 2.2	-3.4
2000	15	27.7 \pm 1.9	-0.6
2001	36	25.8 \pm 1.5	-2.5
2002	80	25.9 \pm 1.5	-2.4
2003	37	31.1 \pm 1.3	+2.8
2004	42	29.4 \pm 1.5	+1.1
2005	37	30.1 \pm 1.2	+1.8
2006	102	28.3 \pm 1.0	+0.0
2007	60	29.5 \pm 1.0	+1.2
2008	94	25.0 \pm 0.7	-3.3
2009	113	27.4 \pm 0.7	-0.9
2010	109	28.8 \pm 0.7	+0.5
2011	197	30.2 \pm 0.5	+1.9
2012	215	31.6 \pm 0.5	+3.3
2013	187	30.5 \pm 0.6	+2.2
2014	169	29.2 \pm 0.6	+0.9
2015	201	28.0 \pm 0.6	-0.3
2016	315	27.3 \pm 0.5	-1.0
2017	252	27.8 \pm 0.6	-0.5
2018	196	28.1 \pm 0.6	-0.2
2019	160	28.4 \pm 0.7	+0.1
2020	178	28.5 \pm 0.7	+0.2
2021	117	27.1 \pm 0.8	-1.2
Birth season of the cow			
Winter	464	28.1 \pm 0.4	-0.2
Spring	1759	27.7 \pm 0.3	-0.6
Summer	550	29.0 \pm 0.4	+0.7
Autumn	182	28.5 \pm 0.5	+0.2

Herd code: 1 = Canadian, red; 2 = British, red; 3 = British, black; 4 = British, red; 5 = other.

The AFC was 24.9 months in 1999 but 31.6 months in 2012, with a maximum between-year difference of 6.7 months. Such differences highlight that the environmental or management conditions experienced in different years significantly influence the reproductive capacity of the cows. For example, a comparison of weather data from the Hungarian Central Statistical Office [32] for 1999 and 2012, the years producing the lowest and highest mean AFCs, showed that the average mean temperature was 10.6 and 13.0 °C, respectively. Similarly, total precipitation also differed (804 and 384 mm), as did the number of rainy days (145 and 98), the number of frosty days (103 and 63), and the number of days affected by a heat wave (1 and 33).

The AFC of spring-born individuals (27.7 ± 0.3 months) was 1.3 months earlier than those born in summer and 0.8 months later than those born in autumn. According to Bene et al. [16], one possible cause of these seasonal differences is management and husbandry, which can be related to the herds being driven to pasture in May and turned in at the end of autumn, as well as the summer drought periods. The significant effect of the calving/birth period on some reproductive traits can be attributed to seasonal changes in climatic conditions and feeding methods [33]. The age of the first calving is also influenced by the calving period of the females [13].

3.2. Population Genetic Parameters

The h^2 values (Table 7) of the AFC trait (GLM 0.51 ± 0.06 and BLUP 0.38 ± 0.05) were found to be higher compared to the literature sources. This discrepancy may be attributed to differences in population structure, selection intensity, or environmental conditions. For instance, the intensive genetic selection within the Angus population studied may have amplified additive genetic variance. Additionally, the inclusion of advanced statistical models like BLUP may provide more accurate partitioning of variance components. The difference in heritability estimates between GLM (0.51) and BLUP (0.38) reflects the methodological differences in variance component estimation. As seen in Table 7, the GLM model for BLUP brings overestimated variance components and heritability values. The GLM provides a general overview; the BLUP incorporates pedigree data and corrects for relatedness, potentially yielding more accurate but lower estimates when non-additive or environmental effects are accounted for. These findings emphasize the need for a holistic approach that integrates genetic selection with optimized herd management practices to achieve long-term progress in reducing AFC. Based on data from the most literature references, the heritability of AFC trait is low (0.08 Bene et al. [16]; 0.08 Pardo et al. [34]; 0.10 Boligon and Albuquerque [18]; 0.14 Koots et al. [35]; 0.14 Giess et al. [12]; 0.17 Brzáková et al. [13]; 0.18 Zsuppán et al. [15] or moderate 0.24 Gutiérrez et al. [36]; 0.28 Bormann and Wilson [20]; 0.31 Berry and Evans [14]; 0.37 González-Murray et al. [19]; 0.46 Magaña and Segura [17]).

Table 7. Population genetic parameters of the age at first calving trait.

Parameters	Age at First Calving	
	GLM Method	BLUP Animal Model
$\sigma^2_s; \sigma^2_a$	21.49	9.77
σ^2_m	–	0.00
σ_{dm}	–	–0.01
σ^2_e	20.94	15.98
σ^2_p	42.43	25.74
h^2_d	0.51 ± 0.06	0.38 ± 0.05
h^2_m	–	0.00 ± 0.03
r_{dm}	–	-0.97 ± 1.00
e^2	–	0.62 ± 0.05

σ^2_s = sire variance in GLM; σ^2_m = maternal genetic variance; σ_{dm} = direct maternal genetic covariance; σ^2_e = residual variance; σ^2_p = phenotypic variance; h^2_d = direct heritability; h^2_m = maternal heritability; r_{dm} = direct–maternal genetic correlation; e^2 = the ratio of the residual variance to the phenotypic variance.

The correlation between direct and maternal genetic effects was strong and negative ($r_{dm} = -0.97 \pm 1.00$). However, the standard error (SE) of 1.0 indicates that this correlation is not statistically different from zero. The majority of the variance was influenced by genetic and other non-permanent environmental factors in the Angus populations we studied. The maternal genetic influence did not have a strong influence on AFC.

3.3. The Influence of the Sire on AFC

The breeding values (BVs) were determined for all 200 sires included in this study, although only the data of the 15 sires with the most offspring are presented in Table 8.

Table 8. The effect of sire on the age at first calving trait of Angus cows.

Trait	n	Age at First Calving (Month)			
		GLM Method		BLUP Animal Model	
		Mean of Progeny (\pm SE)	BV _{GLM}	BV _{AMD}	BV _{AMM}
Corrected mean (\pm SE)	2955		28.3 \pm 0.3		
20,495	84	22.4 \pm 1.0	−11.7	−6.2	+0.0
20,501	40	29.2 \pm 1.0	+1.8	−0.9	+0.0
20,716	41	31.7 \pm 1.0	+6.8	+4.8	−0.0
22,666	50	24.1 \pm 1.0	−8.5	−2.7	+0.0
23,155	40	27.1 \pm 1.0	−2.3	−2.2	+0.0
24,100	39	28.9 \pm 1.0	+1.3	−0.8	+0.0
24,608	68	29.5 \pm 1.0	+2.4	+0.8	−0.0
24,626	44	30.6 \pm 1.0	+4.6	+3.6	−0.0
24,635	42	22.4 \pm 1.1	−11.7	−5.9	+0.0
27,934	35	29.4 \pm 1.2	+2.2	+6.0	−0.0
27,940	56	28.0 \pm 1.1	−0.7	+3.2	−0.0
27,946	56	28.6 \pm 1.1	+0.7	+3.6	−0.0
30,947	61	27.2 \pm 1.0	−2.3	−1.6	+0.0
31,117	68	28.0 \pm 1.2	−0.6	+1.5	−0.0
34,296	35	28.7 \pm 1.2	+0.9	+0.7	−0.0
r_s		BV _{GLM} BV _{AMD}		+0.86 *	−0.86 * −0.99 *

breeding values are presented only for the 15 sires with the most offspring; * $p < 0.01$; n = number of progeny; BV_{GLM} = breeding value estimated with GLM method; BV_{AMD} = direct breeding value estimated with BLUP animal model; BV_{AMM} = maternal breeding value estimated with BLUP animal model; r_s = Spearman's rank correlation coefficient.

Using the GLM method, we found significant differences between the mean AFC values of the juvenile groups of sires. The AFC of the sire progeny groups differs significantly. The progeny of sire registration number 20,716 calved at an average age of 31.7 ± 1.1 months (BV_{GLM} = +6.8 months), while those of sire number 20,495 calved at 22.4 ± 1.0 months (BV_{GLM} = −11.7 months), a difference of 9.3 months. We also found a large difference between the progeny groups and the BV of the sire's AFC.

Using the BLUP animal model, the two extremes of BV (27,934: +6.0 months and 20,495: −6.2 months) produced a significant difference of 12.2 months. Bene et al. [16] found a similar difference of 15.6 months in Limousin cattle. In the BLUP model, the difference between the extreme values (the BV value) was smaller than that produced by the GLM method, but this difference was not statistically significant.

The Spearman's rank correlation coefficient ($r_s = 0.86$; $p < 0.01$) indicates a relatively strong general agreement between the two methods. However, this correlation might not fully capture differences in rankings for sires with fewer offspring or those with extreme values. The result highlights the potential benefit of incorporating more detailed genetic information—such as individual-level data and maternal contributions—to refine the model and improve the accuracy of BV estimations.

3.4. Phenotypic and Genetic Trends in AFC

The calculated phenotypic and genetic trends are presented in Table 9 and Figure 1. As the table shows, only the BV of sires using the GLM method resulted in a significant change. The other effects on the trend were not statistically significant.

Table 9. Phenotypic and genetic trends in age at first calving.

Trend	Y	b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
P	AFC	+0.03	0.05	>0.05	−37.11	107.84	>0.05	0.02	>0.05
GGS	AFC ^{BV}	−0.20	0.08	<0.05	403.27	163.47	<0.05	0.18	<0.05
GAS _d	AFC ^{BV}	+0.01	0.03	>0.05	−11.40	64.42	>0.05	0.00	>0.05
GAS _m	AFC ^{BV}	−0.00	0.00	>0.05	0.02	0.08	>0.05	0.00	>0.05
GAA _d	AFC ^{BV}	+0.00	0.01	>0.05	−0.63	21.89	>0.05	0.00	>0.05
GAA _m	AFC ^{BV}	−0.00	0.00	>0.05	0.00	0.03	>0.05	0.00	>0.05

P = phenotypic trend; GGS = genetic trend in BV of sires using the GLM method; GAS_d = genetic trend in direct BV of sires using the BLUP model; GAS_m = genetic trend in maternal BV of sires using the BLUP model; GAA_d = genetic trend in direct BV of all animals using the BLUP model; GAA_m = genetic trend in maternal BV of all animals using the BLUP model; X = birth year; AFC = average age at first calving (months); AFC^{BV} = average breeding value in age at first calving trait (months); BV = breeding value.

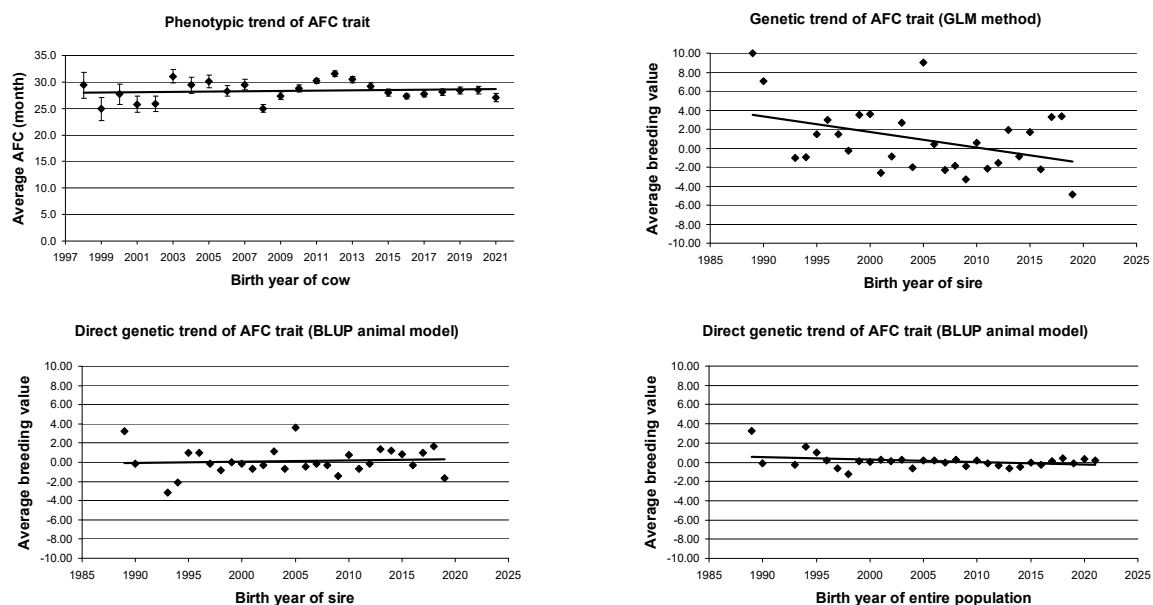


Figure 1. Phenotypic and genetic trends of AFC trait of Angus cows.

Based on these data, the phenotypic change was minimal ($b = +0.03 \pm 0.05$) and non-significant (fit ($R^2 = 0.02$; $p > 0.05$)), indicating that environmental and genetic influences and changes over time did not significantly affect the AFC.

Using GLM, the genetic trend calculated on the basis of sires decreased by -0.2 months per year ($b = -0.2 \pm 0.08$ months; $R^2 = 0.18$, $p < 0.05$); however, it was not significant for the BLUP animal model ($b = 0.01 \pm 0.03$ months, $R^2 = 0.0$, $p > 0.05$), indicating no significant change. Based on estimated direct and maternal BV in the overall population, the AFC showed no change in genetic trend (GAA_d; $b = +0.00 \pm 0.01$ months, $R^2 = 0.00$, $p > 0.05$; GAA_m; $b = -0.00 \pm 0.00$ months, $R^2 = 0.00$, $p > 0.05$). These results indicate that there were no significant phenotypic or genetic changes in AFC over the period we analyzed. The strong negative correlation between direct and maternal genetic effects ($r_{dm} = -0.97$) suggests that improving direct traits may negatively affect maternal traits, such as calving ease and progeny-rearing ability. This could create challenges in aligning breeding objectives. To develop sustainable breeding strategies, it is crucial to apply selection methods that account for both genetic effects while maintaining genetic diversity. Further research is needed to better understand this relationship and optimize breeding practices.

Although domestic research is not available on the cost–benefit analysis of AFC, our results highlight its potential economic impacts. Reducing AFC can reduce rearing costs, increase the number of calves per lifetime, and improve overall profitability. These results are consistent with international studies that have shown that earlier AFC reduces production costs and the ecological footprint.

To achieve optimal AFC, we recommend targeted genetic selection and improved herd management practices adapted to Hungarian production systems. Breeders should consider using selection indices that include AFC to improve economic performance and sustainability.

This study can provide a basis for further investigation of the economic role of AFC in Hungarian herds. Future research should focus on detailed cost–benefit analyses, the environmental impacts of AFC reduction, and the integration of AFC-related traits into breeding programs to support long-term sustainability.

4. Conclusions

Based on our study, the main influence on the AFC of Angus cows was the cows' calving cycles. This result calls attention to the importance of choosing the appropriate season for calving. The stagnant phenotypic and genetic trends of AFC may also be partly explained by its potentially low genetic correlations with traits currently under direct genetic improvement, limiting the extent of indirect responses to selection. Breeders should pay more attention to this trait in the future, considering its economic relevance and potential impact on reproductive efficiency.

The differences between herds and the relatively high heritability of AFC provide an opportunity to improve this trait on a genetic basis through the development of targeted breeding programs. To achieve this, AFC could be treated as a specific selection criterion in breeding programs, with careful consideration of its inclusion alongside other traits. For instance, traits with higher genetic correlations to AFC, such as reproductive efficiency or longevity, could be prioritized in multi-trait selection indices. Conversely, traits with minimal or negative genetic correlations to AFC may require separate handling to avoid compromising progress in other key areas.

The results for the Hungarian population are determined by environmental conditions (climate, husbandry, feeding technology, genetics). The obtained results may contribute to the improvement of the AFC trait through genetic selection and management. With international cooperation, the obtained results could be comparable and extended for cross-border breeding programs.

Author Contributions: Conceptualization, J.M., S.A.B. and F.S.; methodology, S.A.B.; software, S.A.B.; validation, J.M.; formal analysis, S.A.B.; investigation, S.A.B.; resources, F.S. and S.A.B.; data curation, J.M.; writing—original draft preparation, J.M.; writing—review and editing, S.A.B. and F.S.; visualization, S.A.B.; supervision, F.S.; project administration, S.A.B.; funding acquisition, J.M. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: This research received no external funding.

Institutional Review Board Statement: This study did not require approval from the Ethical Committee on Animal Experiments, since only data processing was done.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: The data presented in this study are available on request from the Hungarian Hereford, Angus, and Galloway Breeders' Association.

Acknowledgments: The authors would like to express their gratitude to the Hungarian Hereford, Angus, and Galloway Breeders Association and the association's staff for making the starting databases available.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflicts of interest.

References

1. Pulina, G.; Acciaro, M.; Atzori, A.S.; Battacone, G.; Crovetto, G.M.; Mele, M.; Pirlo, G.; Rassu, S.P.G. Animal board invited review—Beef for future: Technologies for a sustainable and profitable beef industry. *Animal* **2021**, *15*, 100358. [CrossRef]
2. Damiran, D.; Larson, K.A.; Pearce, L.T.; Erickson, N.E.; Lardner, B.H.A. Effect of calving period on beef cow longevity and lifetime productivity in western Canada. *Transl. Anim. Sci.* **2018**, *2*, S61–S65. [CrossRef]
3. Short, R.E.; Staigmiller, R.B.; Bellows, R.A.; Greer, R.C. Breeding heifers at one year of age: Biological and economic considerations. In *Factors Affecting Calf Crop*; Fields, M.J., Sands, R.S., Eds.; CRC Press: Boca Raton, FL, USA, 1994; pp. 55–68. [CrossRef]
4. Hickson, R.E.; Lopez-Villalobos, N.; Kenyon, P.R.; Ridler, B.J.; Morris, S.T. Profitability of calving heifers at 2 compared with 3 years of age and the effect of incidence of assistance at parturition on profitability. *Anim. Prod. Sci.* **2010**, *50*, 354. [CrossRef]
5. López-Paredes, J.; Pérez-Cabal, M.A.; Jiménez-Montero, J.A.; Alenda, R. Influence of age at first calving in a continuous calving season on productive, functional, and economic performance in a Blonde d’Aquitaine beef population. *J. Anim. Sci.* **2018**, *96*, 4015–4027. [CrossRef]
6. Day, M.; Nogueira, G.P. Management of age at puberty in beef heifers to optimise efficiency of beef production. *Anim. Front.* **2013**, *3*, 6–11. [CrossRef]
7. Byrne, C.J.; McGee, M.; Harrington, M.; Kelly, A.; Kenny, D.A. *Calving at Two Years of Age*; Teagasc, Grange Animal & Grassland Research and Innovation Centre, Dunsany, Co.: Meath, Ireland, 2022; Available online: <https://www.teagasc.ie/animals/beef/grange/beef2022-open-day/calving-at-two-years-of-age> (accessed on 10 October 2020).
8. Moorey, S.E.; Biase, F.H. Beef heifer fertility: Importance of management practices and technological advancements. *J. Anim. Sci. Biotech.* **2020**, *11*, 97. [CrossRef] [PubMed]
9. Gates, M.C. Evaluating the reproductive performance of British beef and dairy herds using national cattle movement records. *Vet. Rec.* **2013**, *173*, 499. [CrossRef] [PubMed]
10. Cushman, R.A.; Kill, L.K.; Funston, R.N.; Mousel, E.M.; Perry, G.A. Heifer calving date positively influences calf weaning weights through six parturitions. *J. Anim. Sci.* **2013**, *91*, 4486–4491. [CrossRef] [PubMed]
11. Dákay, I.; Márton, D.; Keller, K.; Fördős, A.; Török, M.; Szabó, F. Study on the age at first calving and the longevity of beef cows. *J. Cent. Eur. Agric.* **2006**, *7*, 377–388.
12. Giess, L.K.; Boldt, R.J.; Culbertson, M.; Thomas, M.G.; Speidel, S.E.; Enns, R.M. 16 genetic parameter estimates for age at first calving in Simmental and Red Angus heifers. *J. Anim. Sci.* **2022**, *100*, S9–S10. [CrossRef]
13. Brzáková, M.; Čítek, J.; Svitáková, A.; Veselá, Z.; Vostrý, L. Genetic parameters for age at first calving and first calving interval of beef cattle. *Animals* **2020**, *10*, 2122. [CrossRef]
14. Berry, D.P.; Evans, R.D. Genetics of reproductive performance in seasonal calving beef cows and its association with performance traits. *J. Anim. Sci.* **2014**, *92*, 1412–1422. [CrossRef] [PubMed]
15. Zsuppán, Z.; Bene, S.; Keller, K.; Balika, S.; Szabó, F. Some reproduction, longevity and growth traits of the beef cattle populations. 3rd paper: Study of age at first calving and longevity of Limousin cows in three herds. *Hung. J. Anim. Prod.* **2010**, *59*, 23–32. (In Hungarian)
16. Bene, S.; Polgár, J.P.; Szűcs, M.; Márton, J.; Szabó, E.; Szabó, F. Environmental effects, population genetic parameters, breeding value, phenotypic and genetic trend for age at first calving of Limousin cows. *J. Cent. Eur. Agric.* **2021**, *22*, 240–249. [CrossRef]
17. Magaña, J.G.; Segura, J.C. Heritability and factors affecting growth traits and age at first calving of zebu beef heifers in South-Eastern Mexico. *Trop. Anim. Health Prod.* **1997**, *29*, 185–192. [CrossRef] [PubMed]
18. Boligon, A.A.; Albuquerque, L.G. Genetic parameters and relationships of heifer pregnancy and age at first calving with weight gain, yearling and mature weight in Nelore cattle. *Livest. Sci.* **2011**, *141*, 12–16. [CrossRef]
19. González-Murray, R.A.; Martínez, P.G.; Vigil, V.; Yazar-Gunes, H.; Sánchez-Castro, M.A.; Enns, R.M.; Speidel, S.E.; Thomas, M.G. Heterosis effects on age at first calving in a multibreed beef cattle herd in Panama. *Trans. Anim. Sci.* **2021**, *5*, S185–S188. [CrossRef]
20. Bormann, J.M.; Wilson, D.E. Calving day and age at first calving in Angus heifers. *J. Anim. Sci.* **2010**, *88*, 1947–1956. [CrossRef] [PubMed]
21. Twomey, A.J.; Cromie, A.R. Impact of age at first calving on performance traits in Irish beef herds. *J. Anim. Sci.* **2023**, *101*, skad008. [CrossRef]
22. Vergara, O.D.; Elzo, M.A.; Cerón-Muñoz, M.F. Genetic parameters and genetic trends for age at first calving and calving interval in an Angus-Blanco Orejinegro-Zebu multibreed cattle population in Colombia. *Livest. Sci.* **2009**, *126*, 318–322. [CrossRef]
23. Roughsedge, T.; Amer, P.R.; Thompson, R.; Simm, G. Genetic parameters for a maternal breeding goal in beef production. *J. Anim. Sci.* **2005**, *83*, 2319–2329. [CrossRef]
24. Boligon, A.A.; Albuquerque, L.G.D.; Mercadante, M.E.Z.; Lôbo, R.B. Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nelore cattle. *Rev. Bras. Zootec.* **2010**, *39*, 746–751. [CrossRef]
25. Márton, J.; Szabó, F.; Zsolnai, A.; Anton, I. Genetic diversity and phylogenetic relationship of Angus breeds in Hungary and analyses of their production traits. *Anim. Biosci.* **2024**, *37*, 184–192. [CrossRef] [PubMed]
26. IBM SPSS Statistics for Windows, Version 27.0. IBM Corporation: Armonk, NY, USA, 2020. Available online: <https://www.ibm.com/support/pages/how-cite-ibm-spss-statistics-or-earlier-versions-spss> (accessed on 1 July 2024).
27. Henderson, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* **1975**, *31*, 423–447. [CrossRef] [PubMed]

28. Bene, S.; Kőrösi, Z.J.; Bognár, L.; Polgár, J.P.; Szabó, F. Population genetic features of calving interval of Holstein-Friesian cows bred in Hungary. *Animals* **2024**, *14*, 2513. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
29. Szűcs, M.; Szabó, F.; Márton, J.; Anton, I.; Zsolnai, A.; Bene, S. Comparison of different traditional models for breeding value estimation in Limousin beef cattle. *Hung. J. Anim. Prod.* **2020**, *69*, 401–418. (In Hungarian)
30. Boldman, K.G.; Kriese, L.A.; Van Vleck, L.D.; Kachman, S.D. *A Manual for Use of MTDFREML. A Set of Programs to Obtain Estimates of Variances and Covariances*; USDA-ARS: Clay Center, NE, USA, 1993.
31. Szőke, S.; Komlósi, I. Comparison of BLUP models. *Hung. J. Anim. Prod.* **2000**, *49*, 231–246. (In Hungarian)
32. Hungarian Central Statistical Office. Weather Data for Hungary and Budapest. 2024. Available online: https://www.ksh.hu/docs/hun/xstadat/xstadat_eves/i_met004.html (accessed on 10 October 2024).
33. Hammoud, M.H.; El-Zarkouny, S.Z.; Oudah, E.Z. Effect of sire, age at first calving, season and year of calving and parity on reproductive performance of Friesian cows under semiarid conditions in Egypt. *Arch. Zootech.* **2010**, *13*, 60–82.
34. Pardo, M.; Elzo, M.A.; Gama, L.T.; Melucci, L.M. Genetic parameters for growth and cow productivity traits in Angus, Hereford and crossbred cattle. *Livest. Sci.* **2020**, *233*, 103952. [[CrossRef](#)]
35. Koots, K.R.; Gibson, J.P.; Smith, C.; Wilton, J.W. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. *Anim. Breed. Abstr.* **1994**, *62*, 309–338.
36. Gutiérrez, J.P.; Alvarez, I.; Fernández, I.; Royo, L.J.; Díez, J.; Goyache, F. Genetic relationships between calving date, calving interval, age at first calving and type traits in beef cattle. *Liv. Prod. Sci.* **2002**, *78*, 215–222. [[CrossRef](#)]

Disclaimer/Publisher’s Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content.

1 Comparison of some economic traits by genetic cluster of Aberdeen 2 Angus cattle

3 Judit Márton¹, Szabolcs Bene^{2*}, István Anton³, Attila Zsolnai³, Ferenc Szabó⁴

4 ¹Hungarian Hereford, Angus and Galloway Breeders Association, Kaposvár, Hungary

5 ²Institute of Animal Sciences, Georgikon Campus, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Keszthely,
6 Hungary

7 ³Institute of Animal Sciences, Kaposvár Campus, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Kaposvár,
8 Hungary

9 ⁴Department of Animal Sciences, Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár, Széchenyi István University, Győr, Hungary

10 Correspondence to: Szabolcs Bene (bene.szabolcs.albin@uni-mate.hu)

11 **Abstract.** Angus cattle population of Hungary was categorized into four groups using 12 microsatellite markers exhibiting
12 notable genetic variations. Moreover some traits influencing profitability and sustainability of beef cattle farming were
13 compared between groups. Data from 5075 cows (born between 1990–2020) and 19142 calves (born between 1997–2023),
14 including 10629 bull calves and 8513 heifer calves of different genetic background. Genetic groups were distinguished by
15 origin, color, size, and type: Blue Group (BG), Red Group (RG), Green Group (GG), and Yellow Group (YG). The
16 investigated six traits were: age at first calving (AFC), productive lifespan (PL), number of calves born (NCB), culling age
17 (AGE), birth weight (BW) and the 205-day adjusted weaning weight (WW). The averages of the six tested traits were AFC
18 2.35 ± 0.54 years, NCB 5.89 ± 3.69 heads, PL 6.85 ± 4.13 years, AGE 9.2 ± 4.26 years, BW 29.4 ± 4.28 kg and WW 176.9 ± 44.07
19 kg. YG excelled in NCB, PL, AGE and WW traits, while RG performed best in AFC and BW. BG displayed the lowest
20 performance across NCB, PL, AGE, BW and WW. The heavier Red Angus individuals were largely behind the performance
21 of the traditional-type, smaller British-type Black and Red Angus individuals in the tested traits affecting sustainability and
22 profitability. Significant reproduction and longevity trait differences exist among different genetic groups of Angus beef
23 cattle genotyped by DNA microsatellite information. The results indicated significant differences in the performance of
24 different Angus types concerning the tested traits. These findings could be useful in developing breeding concepts and
25 making selection decisions, contributing to more efficient and sustainable breeding strategy.

26 1. Introduction and literature review

27 Beef cattle farming, including Angus breed is an important global source of quality beef. To understand the economy and
28 sustainability of beef cattle farming, the reproductive and lifespan traits of cows and the growth potential of their calves are
29 very important.

30 Szabó et al. (2013) have found in their studies that if the economic weight of 205-day weaning weight is considered
31 to be 100%, the relative values of some other traits are as follows: conception rate of cows, 190% to 770%; productive
32 lifetime of cows, 50% to 500%; calf weight at 120 days of age, 70% to 180%, loss of calves at birth, 6% to 170%, and
33 conception rate of heifers, 40% to 160%. Pulina et al. (2021) have indicated that the main limitations of the beef sector are
34 unfavorable reproduction, narrower meat output per live weight, significantly lower productivity, and a longer production
35 cycle compared to other animal species. According to Boyer et al. (2020), six weaned calves were needed to recoup the
36 investment cost of a beef cow. When the economic sustainability of beef cattle farming is considered, reproductive
37 performance is a decisive issue. Increasing efficiency, reducing dependence on subsidies, improving profitability, and
38 meeting social expectations of sustainable beef production are key to the long-term viability of the sector.

39 The sustainability of the cow-calf operation depend largely on the longevity and the first calving age of cows
40 (Damiran et al., 2018a). Increasing the lifespan directly improves profitability and reduces costs. The length of time spent in

41 production indirectly indicates animal health, resilience, and well-being (Oliveira et al., 2020). The most sustainable beef
42 cattle are cows with lower mature body weight and weaned calves with relatively higher weight (Snelling et al., 2022). The
43 brood cows' demand for feed and resources is lower, their environmental burden is lower, they have more favorable
44 reproductive characteristics, their productive lifespan is longer, and they are better adapted to extreme climatic conditions.
45 The effectiveness of beef cattle farming and breeding depends to a large extent on the productive life of cows (Cundiff et al.,
46 1992).

47 Since Angus plays an important role in beef production, an attention should be paid for this breed. The Black and
48 Red Angus breeds are considered close relatives due to their low genetic distance. However, based on the research of Kuehn
49 (2010), recent genetic differences can be observed between them. The mature weight of the cow is a well-heritable trait,
50 $h^2=0.55$ to 0.85 (Phillips, 2004) and can be easily changed through selection.

51 With time, beef and Angus herds in the United States have steadily increased in size. The additional cost of
52 maintaining a higher body weight is not compensated by the increased weight of the calves, the income from culled cows,
53 and the environmental burden. Meanwhile, the greenhouse gas emissions are more significant (Wiseman, 2018). DeVuyst et
54 al. (2022) have investigated the profitability differences of Angus, Red Angus, and Lowline Angus. These three types come
55 from the same lineage but have evolved under different selection pressures. The Angus was imported from Scotland to
56 Kansas, USA, in 1873. Red Angus color is a result of a pigmentation caused by a recessive gene, and the Lowline (lower
57 growth rate) is the consequence of selection made in the Trangie Research Center (Australia). The highest yielder of results
58 was achieved with smaller cows inseminated with Red Angus bulls. These animals had the heaviest calf weaning weight
59 compared to cow weight and the lowest cow maintenance cost.

60 The ancestors of the current Angus stock in Hungary came from 60 Aberdeen Angus pregnant heifers imported
61 from England in 1980 and the reproductive material of 300 American Red Angus imported in the same year. In 1994, new
62 breeds were established with Canadian Red Angus embryos and semen, as well as German Red Angus imports. The
63 American, Canadian, and British lines were primarily used for breeding.

64 Our previous study (Márton et al., 2024) Angus population was genetically grouped based on microsatellite
65 markers. Various groups have indicated some phenotypic differences. However, there are a little information about the most
66 important traits of different Angus genetic groups. Therefore, the objective of this study was to analyze the selective traits of
67 different genetic groups of Angus breed that determine sustainability and profitability. We were curious to see the age at first
68 calving, productive lifespan, number of calves born, culling age, 205-day adjusted weight and the birth weight of the
69 different type groups of the Aberdeen Angus breed separated based on their DNA microsatellite markers.

70 **2. Materials and methods**

71 **2.1. Source of data and the investigated cattle herds**

72 The data for the study were obtained from the cattle pedigree and registration database of the Hungarian Hereford, Angus,
73 Galloway Association. Individuals with pedigree Aberdeen Angus and high (>75%) Aberdeen Angus blood proportion was
74 selected from the 16 herds in the study.

75 The studied population consisted of 5075 cows (born between 1990 and 2020) and 19142 calves (born between
76 1997 and 2023; 10629 bull calves and 8513 heifer calves).

77 The six investigated traits were age at first calving (AFC), productive lifespan (PL), number of calves born (NCB),
78 culling age (AGE), birth weight (BW) and the 205-day adjusted weaning weight (WW).

79 For the PL, the period from the birth of the first calf born alive to the culling of the cow was considered. At the
80 AGE, individuals sold for further maintenance removed from the association's database were not considered. When
81 determining the NCB and the date of the first calving, only live calves were taken into account. Abortions and still-births

82 were ignored. The BW is measured within 24 hours of calving, and the weaning weight is measured individually when the
83 calves are 6 to 9 months old. The WW was calculated as follows:

$$84 \quad WW = \left(\frac{CW - BW}{WD} \right) \times 205 + BW$$

85 (Where WW = calf adjusted 205-day weaning weight (kg); CW = calf weaning weight (kg); BW = calf birth weight (kg);
86 WD = calf weaning day (day).)

87 **2.2. The genetic groups**

88 The genetic structure and characteristics of the Hungarian Angus cattle population (Table 1, Table 2) were studied using 12
89 microsatellite markers (BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, TGLA122, TGLA126, BM1818, MGTG4B,
90 CSSM66, and CSRM60) detected by an automated ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA,
91 USA). Principal coordinate analysis, assignment tests and dendrograms all suggest that there are mainly four different groups
92 among Hungarian Angus herds. Structure analysis has yielded K=4 as the most probable number of clusters. The collection
93 of blood samples was an integral part of the regularly executed routine parentage testing performed by trained veterinarians.
94 The genetic grouping of the studied Angus population was based on DNA microsatellite-based identification (Márton et al.,
95 2024).

96 Four genetically defined groups were identified by different colors and population codes from the 16 Hungarian
97 Angus herds: BG (ACM groups), GG (BDEGHI groups), RG (FJLNOP groups) and YG (K group).

98 Blue group (BG): A: Canadian and American lines of large-framed Red Angus, crossbred with Canadian-type Red
99 Angus since 1996 (R1, R2, R3, R4 genotype); C: Embryos from Canadian Red Angus used as genetic material since 1994,
100 alongside upgrading; M: Red Angus pregnant heifers from herd C in 2011.

101 Green group (GG): B: Pregnant Black Angus heifers derived from E and G lines in 2010 as founder animals,
102 crossed with traditional British-type Black Angus from D line; D: Initiated in 1980 with 60 pregnant Aberdeen Angus heifers
103 imported from England, crossbred with traditional-type bulls from Blonde d'Aquitaine and Red Angus imported from
104 England and America; E: Pregnant heifers from herd D in 1996; G: Pregnant heifers from herds D and E in 1998; H:
105 Pregnant heifers from herd D in 2002; I: Pregnant heifers from herd D in 2003.

106 Red group (RG): F: Pregnant Red Angus heifers from A, D and other Hungarian traditional-type herds in 2011; J:
107 Pregnant Red Angus heifers from herd D in 2004, Red Angus bulls from D and other traditional herds, Red Angus bulls
108 from K herd; L: Red Angus pregnant heifers from herds C and D in 1998; N: Red Angus heifers from herds A and P in 2013;
109 O: Red Angus-sired heifers from herds N and P in 2010; P: German Red Angus imported in 1996.

110 Yellow group (YG): K: Pregnant Red Angus heifers from herd D in 1998, with less than 5% Limousin blood
111 proportion.

112 **2.3. Statistical analysis**

113 The Kolgomorov–Smirnov test was used to check the normal distribution of the data. The homogeneity of the variances was
114 determined using Levene's test. Based on this test, homogeneous variance was not achieved for any traits.

115 The groups were compared using the Kruskal-Wallis test, and the differences between the groups were measured
116 using Tamhane's post hoc test. For all statistical analyses, significance was declared at $p < 0.05$.

117 The study was performed with IBM SPSS Statistics for Windows (2020).

118 3. Results and discussion

119 Descriptive statistics of the data are shown in Table 2, while Table 3 summarizes the performance of different genetic
120 groups. The examination of specific production and performance data of the genetic groups implemented for the following
121 traits: AFC, AGE, BW, NCB, PL and WW showed significant differences.

122 3.1. Age at first calving (AFC)

123 The value of AFC differed slightly for the studied groups (Table 3). The average AFC of the four genetic groups was 2.3 ± 0.5
124 years. The lowest AFC was found in the RG, 2.3 ± 0.5 years, while the highest was in the YG, with a value of 2.5 ± 0.7 years.
125 The difference between the lowest and the highest value was 0.2 years or 73 days. The differences between the genetic
126 groups for the AFC were significant ($p < 0.01$). During their investigation of the AFC of different beef cattle, Dákay et al.
127 (2006) have found that the AFC of Aberdeen Angus cows was 2.76 years, while the average AFC of Czech Angus heifers
128 was 2.07 years (Brzáková et al., 2020). Compared to the Hungarian tests of Dákay et al. (2006), 0.41 years (149.8 days) is a
129 significant development, but it is still small compared to the ideal of 2 years (24 months).

130 Research by Byrne et al. (2022) has shown that a heifer calving at 36 months compared to 24 months consumes
131 65% more grass, 96% more silage, and 33% more concentrate. At first calving, an AFC of 23 to 25 months optimizes
132 economic performance, minimizes the non-productive period, and maintains the seasonal calving pattern (Wathes et al.,
133 2014). A low AFC increases productivity and decreases replacement rates (López-Paredes et al., 2018). The profitability and
134 sustainability of the cow-calf operation depend largely on the longevity and the first calving age (Damiran et al., 2018a). The
135 maximum efficiency is achieved when the replacement heifers give their first calf at 24 months without complications, the
136 cows give birth to a calf every year until the optimal culling age, and the death rate of the calves is below 5%. Based on data
137 from the Cattle Tracing System (database for all cattle in Great Britain), 8.5% of beef heifers in Great Britain give birth
138 before the expected age of 24 months; the average period between calvings for beef cows is 394 days (Gates, 2013). The
139 heifers that give birth earlier in the breeding season stayed in the herd for a longer period, and their calves were weaned with
140 a higher total weight than their counterparts that were born later (Cushman et al., 2013).

141 3.2. Number of calves born (NCB)

142 The NCB differed significantly among the examined groups (Table 3). The average NCB of the four genetic groups is
143 5.9 ± 3.7 heads. The differences between the genetic groups based on NCB were significant ($p < 0.01$). The lowest NCB
144 (5.3 ± 3.6 heads) was found in the BG and the highest value was in the YG (8.9 ± 4.2 heads). The difference between the
145 lowest and the highest value is 3.6 calves. The number of calves directly affects profitability and sustainability, and
146 improving it affects economic competitiveness.

147 Stewart and Martin (1983) have obtained an NCB of 6.4 ± 0.3 head based on 12 years of data from 113 Angus cows.
148 The defining element of sustainable beef cattle breeding is the reproductive performance of breeding females. Reproductive
149 traits have three to nine times more influence on profitability and sustainability than other production parameters (Melton,
150 1995). Boyer et al. (2020) have determined the return on investment of the beef cow as six calves. A cow needs to wean at
151 least five consecutive calves to recoup its investment, which is only achieved by cows that calves early (Damiran et al.,
152 2018b). In order to refund the investment costs of the cow-calf operation, it is necessary to wean at least five or six calves
153 (Kertz et al., 2023). Maximizing the number of calves born and weaned and maternal productivity is a constant challenge for
154 beef farmers (Walmsley et al., 2018).

155 3.3. Productive lifespan (PL)

156 The PL differed greatly among the studied groups (Table 3). The average PL of the four genetic groups was 6.9 ± 4.3 years.
157 The differences between the genetic groups were significant ($p < 0.01$). The lowest PL was found in the BG (6.1 ± 4.1 years),
158 while the highest value (9.8 ± 4.6 years) was found in the YG. The difference between the lowest and highest values was 3.7
159 years, a difference of at least three calves, which was confirmed by the NCB data. Dákay et al. (2006) have reported that the
160 PL of Aberdeen Angus cows is 8.28 years. Szabó and Dákay (2009) have determined the longevity to be 8.14 years. Tanida
161 et al. (1988) have found that the average PL of Angus cows were 4.49 ± 0.13 years, and the possibility of genetic
162 improvement of the trait is moderate due to the moderate genetic variance. Calf weaning weight shows a significant positive
163 correlation ($p < 0.01$) with the age of the cow, increasing the productive lifespan of cows might increase the weaning weight
164 of calves. The weaning weight of calves increases continuously for dams aged 2 to 4 years; however, 6- to 8-year-old cows
165 had the largest weaned calves (Wellnitz et al., 2022). These results correspond to the findings of Dákay et al. (2006) and
166 Szabó et al. (2009) and there was a regression of 1.43 to 1.29 years in the average of the examined genetic groups (6.9
167 years).

168 Cows culled before the age of five cannot fulfill their biological potential. Their weaned calves do not reach the
169 peak weight; moreover, the cost of a replacement heifer is high. Based on the literature, a minimum of five or six weaned
170 calves is needed for the economic return for a cow from the point of view of cost-effective production and economic
171 sustainability (Boyer et al., 2020). Increasing the lifespan directly improves profitability and reduces costs.

172 3.4. Culling age (AGE)

173 Regarding the examined genetic groups, the AGE (period from birth to culling) differed moderately (Table 3). The average
174 AGE of the four genetic groups was 9.2 ± 4.3 years. The lowest AGE was found in the BG with a value of 8.4 ± 4.1 years. The
175 highest was found in the YG at 12.3 ± 4.5 years. The difference between the lowest and the highest value was 3.9 years. This
176 difference corresponds to the differences between PL and AFC. The differences between the genetic groups AGE are
177 significant ($p < 0.01$).

178 Dákay et al. (2006) have compared this trait for different beef cattle breeds. The AGE of Aberdeen Angus cows was
179 11.03. In Hungarian Angus herds, the proportions remaining in the herd are 68% at the age of 2 to 4 years and 53% at the
180 age of 4 to 6 years (Bailey and Mears, 1990). Based on an analysis spanning 23 years, the Angus AGE is 6.68 Tanida et al.
181 (1988), Stewart and Martin (1983) have calculated an AGE of 7.4 ± 0.4 based on 12 years of data from 113 Angus cows. The
182 duration for which cows are kept in the herd does not well reflect the genetic and biological characteristics of the herd in all
183 cases; in many cases, this is the decision of the manager and breeder and is influenced by the management and the calf
184 production goals. The probability of remaining in the herd ($p = 0.05$) at 5 years averaged 69.41%, and calves weaned from
185 cows 8 years or older had a higher total weight than those from three-year-old dams (Wellnitz et al., 2022). In addition, the
186 pregnancy rate of cows improved for 8-year-old and older animals, which is one of the most important parameters for
187 staying in the herd. Based on these results, the association between genetic groups and AGE reflect the factors influencing
188 the performance of breeding animals and staying in the herd.

189 3.5. Birth weight (BW)

190 The BW differed slightly in the studied groups (Table 3). The average BW of the four genetic groups was 29.4 ± 4.3 kg. The
191 differences between genetic groups based on BW were significant ($p < 0.01$). The lowest BW was found in the BG (29.2 ± 4.2
192 kg) and the highest in the RG (31.4 ± 5.8 kg). The difference between the lowest and highest BW was 2.2 kg. In Canada, the
193 BW of Angus calves averaged 34 kg and were positively correlated with post-weaning daily weight gain (Bailey and Mears,
194 1990). The average birth weight of Angus heifer calves in Bulgaria is 31.6 kg (Nikolov and Karamfilov, 2020), and an

195 average birth weight of 38.38 kg has been reported on five farms in the Czech Republic (Tomas, 2016). The BW in our study
196 is slightly lower than reported in the literature references.

197 **3.6. Calf adjusted 205-day weaning weight (WW)**

198 The WW differed significantly among the examined groups (Table 3). The average WW of the four genetic groups is
199 176.9±44.1 kg. The differences between the genetic groups based on WW are significant ($p<0.01$). The lowest WW was
200 found in the BG (166.6±41.1 kg) and the highest value (212.6±25.9 kg) in the YG. The difference between the smallest and
201 the largest weaning weight adjusted to 205 days of age was 46.0 kg. These results are slightly different from the results of
202 the previous study in Hungary, namely, the WW obtained by us are smaller than the data previously published (Bene et al.,
203 2013). They have published WW for Black Angus calves 217 to 224 kg, for Red Angus calves 210 to 213 kg. The difference
204 can be explained by the fact that, while the data of our results are for the entire Angus herd in Hungary, the latter came from
205 a single herd, from an experimental farm. Since, weaned calf is the only marketable product of a beef cow; the WW is
206 closely related to the profitability of the beef sector, and thus its sustainability. According to some sources cows give calves
207 with the highest weaning weight at 6 or 7 years (DeVuyst et al., 2022).

208 **4. Conclusions**

209 The results of this study, according to which there are significant differences in the most important reproduction and
210 longevity traits among different genetic groups of Angus beef cattle genotyped by DNA microsatellite information call
211 attention to a selection possibility. These findings could be useful in the development of the breeding program and help to
212 making selection decisions, contributing to more efficient and sustainable breeding strategy of the breed. Understanding the
213 relationship between the six traits that significantly influence sustainability and profitability and the different types within
214 the Angus breed can help breeders make more informed decisions. By integrating this knowledge, breeders can prioritize
215 those Angus types with the most positive impact on productivity, profitability, environmental footprint, and sustainability.
216 Further research is needed to explore the interactions between these types.

217 **Data availability.** The data presented in this study are available on request from the Hungarian Hereford, Angus and
218 Galloway Breeders Association.

219 **Author contributions.** JM conceived the idea of this research, supervised the study, and wrote the article. JM and SzB
220 collected the data, compiled the starting database. IA, AZs, SzB and FSz designed and performed the mathematical
221 evaluation. JM and FSz corrected and translated the manuscript.

222 **Competing interests.** The authors declare that they have no conflict of interest.

223 **Ethical statement.** During the work, only data processing was carried out. No ethical consent was required.

224 **References**

225 Bailey, C. B., Mears, G. J.: Birth weight in calves and its relation to growth rates from birth to weaning and weaning to
226 slaugh-ter. *Can. J. Anim. Sci.*, 70, 167–73, <https://doi.org/10.4141/cjas90-019>, 1990.

227 Bene, Sz., Giczi, A., Rádli, A., Polgár, J. P., Szabó, F.: Multibreed breeding value estimation based on weaning results in a
228 beef herd in Hungary. *Hung. J. Anim. Prod.*, 62, 218–233. ISSN: 3003-9932, 2013 [in Hungarian]

229 Boyer, C. N., Griffith, A. P., DeLong, K. L.: Reproductive failure and long-term profitability of spring and fall calving beef
230 cows. *J. Agric. Res. Econ.*, 45, 78–91, <https://doi.org/10.22004/ag.econ.298435>, 2020.

231 Brzáková, M., Čítek, J., Svitáková, A., Veselá, Z., Vostrý, L.: Genetic parameters for age at first calving and first calving
232 interval of beef cattle. *Animals*, 10, 2122, <https://doi.org/10.3390/ani10112122>, 2020.

233 Byrne, C. J., McGee, M., Harrington, M., Kelly, A., Kenny, D. A.: Calving at two years of age. *leagasc*, Grange Animal &
234 Grass-land Research and Innovation Centre, Dunsany, Co. Meath. 2022.

235 Cundiff, L. V., Nunez-Dominguez, R., Dickerson, G. E., Gregory, K. E., Koch, R. M.: Heterosis for lifetime production in
236 Hereford, Angus, Shorthorn and crossbred cows. *J. Anim. Sci.*, 70, 2397–410, <https://doi.org/10.2527/1992.7082397x>,
237 1992.

238 Cushman, R. A., Kill, L. K., Funston, R. N., Mousel, E. M., Perry, G. A.: Heifer calving date positively influences calf
239 weaning weights through six parturitions. *J. Anim. Sci.*, 91, 4486–4491, <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6465>, 2013.

240 Dákay, I., Márton, D., Keller, K., Fördös, A., Török, M., Szabó, F.: Study on the age at first calving and the longevity of beef
241 cows. *J. Cent. Eur. Agric.*, 7, 377–388, 2006.

242 Damiran, D., Larson, K. A., Pearce, L. T., Erickson, N. E., Lardner, B. H. A.: Effect of calving period on beef cow longevity
243 and lifetime productivity in western Canada. *Transl. Anim. Sci.*, 2(s1), S61–S65, <https://doi.org/10.1093/tas/txy020>,
244 2018a.

245 Damiran, D., Larson, K., Pearce, L., Erickson, N., Lardner, H. A.: Effects of heifer calving date on longevity and lifetime
246 productivity in Western Canada. *Sus. Agric. Res.*, 7, 11–17, <https://doi.org/10.5539/sar.v7n4p11>, 2018b.

247 DeVuyst, E. A., Munson, M., Brorsen, B. W., Lalman, D., Hanna, L. L. H., Swanson, K., Ringwall, K.: Economics of
248 smaller Aberdeen-derived beef cows. *J. Agric. Appl. Econ. Assoc.*, 54, 697–712, <https://doi.org/10.1017/aae.2022.35>,
249 2022.

250 Gates, M. C.: Evaluating the reproductive performance of British beef and dairy herds using national cattle movement
251 records. *Vet. Rec.*, 173, 499–499, <https://doi.org/10.1136/vr.101488>, 2013.

252 Kertz, N. C., Banerjee, P., Dyce, P. W., Diniz, W. J. S.: Harnessing genomics and transcriptomics approaches to improve
253 female fertility in beef cattle - A Review. *Animals*, 13, 3284, <https://doi.org/10.3390/ani13203284>, 2023.

254 Kuehn, L.: Relationships of beef breeds using the 50k chip. USDA–ARS, US Meat Animal Research Center, Clay Center,
255 NE, USA, 2010.

256 López-Paredes, J., Pérez-Cabal, M. A., Jiménez-Montero, J. A., Alenda, R.: Influence of age at first calving in a continuous
257 calving season on productive, functional, and economic performance in a Blonde d’Aquitaine beef population. *J. Anim.*
258 *Sci.*, 96, 4015–4027, <https://doi.org/10.1093/jas/sky271>, 2018.

259 Márton, J., Szabó, F., Zsolnai, A., Anton, I.: Genetic diversity and phylogenetic relationship of Angus herds in Hungary and
260 analyses of their production traits. *Anim. Biosci.*, 37, 184–192, <https://doi.org/10.5713/ab.23.0157>, 2024.

261 Melton, B. E.: Conception to consumption: the economics of genetic improvement. *Proc. Beef Improv. Fed., Res. Symp.*
262 *Annu. Meet*, 24, 40–47, 1995.

263 Nikolov, V., Karamfilov, S.: Growth of female calves of the Aberdeen Angus cattle breed reared in an organic farm. *Sci.*
264 *Papers Ser. D, Anim. Sci.*, 63, 60–66, 2020.

265 Oliveira, H. R., Brito, L. F., Miller, S. P., Schenkel, F. S.: Using random regression models to genetically evaluate functional
266 longevity traits in North American Angus cattle. *Animals*, 10, 2410, <https://doi.org/10.3390/ani10122410>, 2020.

267 Phillips, A.: Genetic effects on the mature weight of cattle. *Principal Animal Production Officer and J. Coventry, Pastoral*
268 *Production*, Alice Springs. 2004.

269 Pulina, G.; Acciaro, M.; Atzori, A. S.; Battacone, G.; Crovetto, G. M.; Mele, M.; Pirlo, G.; Rattu, S. P. G.: Animal board
270 invited review - Beef for future: technologies for a sustainable and profitable beef industry. *Animal*, 15, 100358,
271 <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100358>, 2021.

272 Snelling, W. M.; Thallman, R. M.; Spangler, M. L.; Kuehn, L. A.: Breeding sustainable beef cows: reducing weight and
273 increasing productivity. *Animals*, 12, 1745, <https://doi.org/10.3390/ani12141745>, 2022.

274 Stewart, T. S.; Martin, T. G.: Optimal mature size of Angus cows for maximum cow productivity. *Anim. Sci.*, 37, 179–182,
275 <https://doi.org/10.1017/S0003356100001707>, 1983.

276 Szabó, F.; Dákay, I.: Estimation of some productive and reproductive effects on longevity of beef cows using survival
277 analysis. *Liv. Sci.*, 122, 271–275, <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.09.024>, 2009.

278 Szabó, F.; Keller, K.; Kovács, Á.; Fekete, Zs.; Márton, J.: Economic modeling of beef cattle farming. 3rd Paper: The effect of
279 longevity of cows on profitability and on the marginal and relative economic weight of some traits. *Hung. J. Anim.*
280 *Prod.*, 62, 114–123, ISSN: 3003-9932, 2013. [in Hungarian]

281 Tanida, H.; Hohenboken, W. D.; DeNise, S. K.: Genetic aspects of longevity in Angus and Hereford cows. *J. Anim. Sci.*, 66,
282 640–647, <https://doi.org/10.2527/jas1988.663640x>, 1988.

283 Tomas, J.: The Growth Intensity of Aberdeen Angus in Organic Farming. MendelNet 2016: Proceedings of International
284 PhD Students Conference, 2016.

285 Walmsley, B. J.; Lee, S. J.; Parnell, P. F.; Pitchford, W. S.: A review of factors influencing key biological components of
286 maternal productivity in temperate beef cattle. *Anim. Prod. Sci.*, 58, 1–19, <https://doi.org/10.1071/AN12428>, 2018.

287 Wathes, D. C.; Pollott, G. E.; Johnson, K. F.; Richardson, H.; Cooke, J. S.: Heifer fertility and carry over consequences for
288 life time production in dairy and beef cattle. *Animal*, 8(s1), 91–104, <https://doi.org/10.1017/S1751731114000755>,
289 2014.

290 Wellnitz, K. R.; Parsons, C. T.; Dafoe, J. M.; Boss, D. L.; Wyffels, S. A.; DelCurto, T.; Van Emon, M. L.: Impacts of dam
291 age on life-time productivity of Angus replacement beef females. *Animals*, 12, 2768,
292 <https://doi.org/10.3390/ani12202768>, 2022.

293 Wiseman, A.; Lalman, D.; DeVuyst, E.: Mature cow size considerations. Oklahoma Cooperative Extension Service, ANSI-
294 3301. 2018.

Table 1. Genetic group characteristics

Herd	Sires used for insemination	Color	Body size/type
A	exclusively large-framed Red Angus from Canadian and American lines	red	modern, large-framed
C	exclusively large-framed Red Angus from Canadian and American lines	red	modern, large-framed
M	Red Angus from C line	red	modern, large-framed
B	Black Angus from D line, traditional British type	black	traditional, British type
D	black: imported semen from England, red: traditional-type Red Angus from England, American semen	70% black, 30% red	traditional, British type
E	Black Angus from D line, traditional British type	80% black, 20% red	traditional, British type
G	Black Angus from D line, traditional British type, Black Angus from Austria	black	traditional, British type
H	Black Angus from D line, traditional British type	black	traditional, British type
I	Black Angus from D line, traditional British type	black	traditional, British type
F	Red Angus bulls from D herd	red	traditional, British type
J	traditional-type Red Angus from D line, Red Angus from other traditional herds	red	traditional, British type
L	Red Angus from D line	red	modern, large-framed, traditional British type
N	Red Angus from C line	red	modern, large-framed, German Angus
O	Red Angus from C and D lines	red	modern large-framed, traditional, German Angus
P	German Red Angus	red	German Angus
K	Red Angus from D and other traditional herds	red	traditional, British type

Table 2. Descriptive statistics of age, lifespan and number of calves of Angus groups

Genetic group	Statistics	AFC	NCB	PL	AGE
BG	N	2504	2504	2504	2504
	Mean	2.31	5.30	6.14	8.44
	Median	2.06	5.00	5.88	8.30
	SD	0.50	3.60	4.13	4.11
	SE	0.01	0.07	0.08	0.08
	Minimum	1.34	1	0.00	1.92
	Maximum	4.36	16	18.73	20.70
RG	N	468	468	468	468
	Mean	2.28	5.81	7.44	9.73
	Median	2.14	6.0	7.62	9.88
	SD	0.49	3.31	4.52	4.57
	SE	0.02	0.15	0.21	0.21
	Minimum	1.28	1	0.01	1.69
	Maximum	4.56	14	19.08	21.02
GG	N	1988	1988	1988	1988
	Mean	2.40	6.49	7.44	9.85
	Median	2.15	6.00	7.42	9.89
	SD	0.57	3.70	4.14	4.14
	SE	0.01	0.08	0.09	0.09
	Minimum	1.07	1	0.00	1.82
	Maximum	4.54	18	18.71	21.54
YG	N	115	115	115	115
	Mean	2.47	8.85	9.80	12.27
	Median	2.22	10.00	10.60	13.72
	SD	0.68	4.15	4.61	4.53
	SE	0.06	0.39	0.43	0.42
	Minimum	1.31	1	0.01	1.86
	Maximum	4.53	15	19.13	21.15
Total	N	5075	5075	5075	5075
	Mean	2.35	5.89	6.85	9.20
	Median	2.09	6.00	6.84	9.21
	SD	0.54	3.70	4.25	4.26
	SE	0.01	0.05	0.06	0.06
	Minimum	1.07	1	0.00	1.69
	Maximum	4.56	18	19.13	21.54

298

299

AFC = age at first calving; NCB = number of calves born; PL = productive lifespan; AGE = culling age; BG = blue group; RG = red group; GG = green group; YG = yellow group

300 **Table 3.** Distribution of mean values of age at first calving (AFC), number of calves born (NCB), productive lifespan (PL),
 301 culling age (AGE), birth weight (BW), calf adjusted 205-day weaning weight (WW) and their SD among the four groups
 302 identified by structure-clustering.

Traits	BG	RG	GG	YG	TOTAL	p
AFC	^b 2.31±0.50	^b 2.28±0.49	^a 2.40±0.57	^a 2.47±0.68	2.35±0.54	<0.01
NCB	^d 5.30±3.59	^c 5.81±3.32	^b 6.49±3.70	^a 8.85±4.15	5.89±3.69	<0.01
PL	^c 6.14±4.13	^b 7.44±4.52	^b 7.44±4.14	^a 9.80±4.61	6.85±4.25	<0.01
AGE	^c 8.44±4.11	^b 9.73±4.57	^b 9.85±4.14	^a 12.27±4.53	9.20±4.26	<0.01
BW	^b 29.23±4.20	^a 31.35±5.80	^b 29.25±3.61	^a 30.77±3.81	29.4±4.28	<0.01
WW	^c 166.57±41.09	^a 211.10±40.28	^b 206.12±36.90	^{ab} 212.55±25.95	176.90±44.07	<0.01

303 BG = blue group; RG = red group; GG = green group; YG = yellow group; treatments without the same superscript differ
 304 significantly (p<0.05)