

**DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI**

**A MAGYARORSZÁGI ANGUS ÁLLOMÁNYOK GENETIKAI SZERKEZETE ÉS  
RÉSZPOPULÁCIÓINAK ÉRTÉKMÉRŐ TULAJDONSÁGAI**

**KÉSZÍTETTE:  
MÁRTON JUDIT**

**MOSONMAGYARÓVÁR  
2025.**

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

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

**ÚJHELYI 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 SZERKEZETE ÉS  
RÉSZPOPULÁCIÓINAK ÉRTÉKMÉRŐ TULAJDONSÁGAI**

**KÉSZÍTETTE:  
MÁRTON JUDIT  
MOSONMAGYARÓVÁR**

**2025.**

# 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. Az 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.

Magyarországon a húshasznú szarvasmarha gazdasági jelentőségét elsősorban a borjú értékesítése határozza meg, amely a jelenlegi piaci viszonyok között jelentős export árualapot képez. Bár az árpozíció kedvező, a termelési költségek folyamatos emelkedése egyre nagyobb kihívások elé állítja a húsmarhatartókat.

Az angus az egyik legősibb, legelterjedtebb húsmarhafajta világszerte. Számos nemzetközi kutatás és gyakorlati tapasztalat igazolja, hogy a nagyobb testű húsmarhafajtákhoz képest az angus igénytelenebb, jobban alkalmazkodik a klimatikus és környezeti viszonyokhoz, gazdaságosabban tartható, miközben kiváló minőségű végterméket biztosít. Emellett kiegyensúlyozott temperamentuma és könnyű kezelhetősége biztonságosabb munkakörnyezetet teremt. Kevés adat áll rendelkezésre a hazai angus populációgenetikai 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.

## 1.2. A vizsgálat célja

**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 környezeti és genetikai tényezők hatásának vizsgálata az első elléskori életkorra.
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. Az angus tenyészbikák tenyészértékének meghatározása, GLM apa és BLUP egyedmodell segítségével az első elléskori életkorra vonatkozóan.
5. Az első elléskori életkor fenotípusos és genetikai trendjeinek elemzése a magyar angus populációban.
6. 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.

## 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 populációgenetikai vizsgálata, értékmérő tulajdonságaik elemzése**

A magyarországi angus állományok populációgenetikai vizsgálatának, értékmérő tulajdonságainak elemzése során 16 magyarországi törzstenyészetből származó 1369 angus szarvasmarha mintáit vizsgáltuk. Az elemzésbe vont állományok egyedei minden esetben ismert anyai és apai származású törzskönyvezett angus és magas angus vérhányadú ( $\geq 75\%$ ) tehének és azok ivadékai. Az értékelt populációk földrajzi elhelyezkedésével kapcsolatos részletes információkat, térképet, a főszüvegben használt angus állományok kódjaihoz tartozó településneveket és GPS adatokat az *ANIMAL BIOSCIENCE*, vol. 37, no. 2, pp. 184–192, 2024. *Figure 1; Table 1; Supplementary Table S1* tartalmazza.

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 értékmérő tulajdonságok vizsgálatához 4082 tehén termelési adatait (születési súly, első elléskori életkor, született borjak száma, hasznos élettartam) elemeztük. A 16 törzstenyészet esetében genetikailag meghatározott négy csoportot különítettünk el: kék (ACM): kanadai és amerikai típusú vörös, nagyrámájú, modern típus; piros (FJLNOP): hagyományos típusú vörös; zöld (BDEGHI): hagyományos, brit típusú – jellemzően fekete; 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 tenyész bikák tenyészértékbecslése**

Az 1998 - 2021 között született tehének első elléskori életkorát vizsgáltuk. Az adatbázis 2955 ismert anyai és apai származású törzskönyvezett angus és magas angus vérhányadú ( $\geq 75\%$ ) tehenet tartalmazott öt különböző genetikai csoportban sorolva. A vizsgált populáció egyedei 2106 tehén és 200 angus tenyészbika ivadékai. 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 egyedek keveréke.

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.

A fenotípusos trend vizsgálatához az évenkénti AFC-t átlagoltuk, az átlagértékeket a születési év függvényében ábrázoltuk és lineáris regressziós elemzéssel meghatároztuk a fenotípusos trend irányát és mértékét.

### **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 vizsgált állományok egyedei angus és magas angus vérhányadú ( $\geq 75\%$ ) tehenek és azok ivadécai. A hat vizsgált tulajdonság: első elléskori életkor, hasznos élettartam, élve született borjak száma, selejtezési kor, születési súly, 205 napra korrigált súly. A vizsgált angus törzstenyészetek genetikai csoportosítása a szaporodási és élettartam jellemzők szempontjából DNS mikroszatellit alapú azonosításon alapult. 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 korrigált 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 ÉRTÉKELEÉSÜK

#### 3.1. A magyarországi angus állományok populációgenetikai 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 heterozigotitás  $H_e=0,659$ . A vizsgált gazdaságokban a várt heterozigotitás  $H_o=0,6$  (M állomány) és  $H_o=0,809$  (B állomány) között változott. Az összes állományban a D tenyészet kivételével a vártnál több heterozigóta állatot találtunk. Hat populáció (BJMNOP) beltenyésztettségi együtthatója  $F_{is} \leq 0,1$  a B populáció értéke  $F_{is}<0,2$ . Az állományok vizsgálatakor a B állomány rendelkezett a legmagasabb heterozigóta értékkel, a D állományban kisebb mértékű beltenyésztettséget állapítottunk meg. Az állományok csoportosítását három eltérő módszerrel határoztuk meg. A Structure szoftver alapján a legvalószínűbb klaszterszám négy.  $K=4$  esetén a 16 magyarországi angus tenyészetből genetikailag meghatározott négy csoport: kék: (ACM), zöld: (BDEGHI), piros: (FJLOP), sárga: (K). Közülük kettőt, az ACM-et és az FJLNOP-t a főkomponens analízis (PCA) is megerősítette. A dendrogram – Nei-féle genetikai távolsága alapján – a filogenetikai fa ugyanazon ágára helyezte az ACM csoportot, 50-nél nagyobb bootstrap értékekkel, az FJLNOP csoport: JLOP csoport szoros 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 A populáció egyedei genetikai háttérükben a legnagyobb mértékben hasonlítottak egymásra.

A genetikai elemzéseket vakon, az állatok fenotípusos megjelenésének és teljesítményadatainak ismerete nélkül végeztük. Az MHAGTE együttműködésével megvizsgáltuk a tanulmányozott állományok rendelkezésre álló termelési - és teljesítmény adatait. A klaszteranalízissel kapott genetikai csoportok, azaz részpopulációk, és azok meghatározott termelési- és teljesítmény adatai között összefüggést találtunk.

Mivel a genetikai különbségek az állatok eltérő típusaival magyarázhatók, fontosnak tartottuk összehasonlítani a születési súlyt, az első elléskori életkort, a született borjak számát, valamint a hasznos élettartamot az elkülönített csoportok között. Az eltérő típusba, genetikai csoportba tartozó angus egyedek között a vizsgált tulajdonságok tekintetében jelentős különbségeket találtunk. A születési súly esetében a kék csoport eredménye  $25,9 \pm 2,7$  kg, a vörös csoporté  $29,3 \pm 5,3$  kg. A kettő közti különbség 3,4 kg volt. A gazdaságosságot is meghatározó tulajdonságok tekintetében az első elléskori életkor vörös csoport eredménye  $829 \pm 156$  nappal ( $27,2 \pm 5,1$  hónap) a legjobb, a sárga csoporté  $945 \pm 320$  nappal ( $31,1 \pm 10,5$  hónap) a

leggyengébb. Köztük 116 nap, azaz csaknem 4 hónap eltérést tapasztaltunk. Az élve született borjak száma, figyelemreméltó különbséget mutatott. A kék csoport  $4,8 \pm 3,5$  és a sárga csoport  $8,4 \pm 4,1$ . A különbség átlagosan 3,6 élve született borjú. A hasznos élettartam tekintetében is számottevő 1560 napos (4.27 éves) különbség mutatkozott a nagytestű kék ( $1996 \pm 1535 \approx 5,46 \pm 4,2$  év) és a hagyományos, brit típusú ( $3556 \pm 1758 \approx 9,74 \pm 4,81$  év) állományok között.

### **3.2. A hazai angus tehének első elléskori életkorának (AFC) populációgenetikai jellemző**

#### **3.2.1. Különböző tényezők hatása az első elléskori életkorra**

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

A vizsgált környezeti tényezők: apa ( $p < 0,01$ ), állomány ( $p < 0,05$ ), tehén születési éve ( $p < 0,01$ ), tehén ellési időszaka ( $p < 0,01$ ) hatásai szignifikánsnak bizonyultak az AFC tulajdonságra, a tehén színváltozata alapján elkülönített csoportok között nem mutatkozott szignifikáns különbség.

A Pearson féle korrelációs analízis szignifikáns, de laza összefüggést mutatott az AFC és az állomány között ( $r = 0,104$ ,  $p < 0,01$ ), negatív kapcsolatot a színváltozattal ( $r = -0,108$ ,  $p < 0,01$ ), valamint szignifikáns, de laza pozitív összefüggést a születési évszakkal ( $r = 0,060$ ,  $p < 0,01$ ), míg a születési évvel nagyon laza negatív kapcsolatot mutatott ( $r = -0,063$ ,  $p < 0,01$ ).

Az AFC-t meghatározó környezeti tényezők variancia komponenseinek százalékos aránya: tehén születési évszaka 28,99%, tehén születési éve 28,7%, tehén apja 18,32%, állomány 11,77%, maradék variancia 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 varianciájának 18,32%-át magyarázza.

Az első elléskori életkor becsült korrigált átlagértéke a GLM módszerrel  $28,3 \pm 0,4$  hónap. A vizsgált állományok átlagos első elléskori életkora eltérő. Az 2-es számú állományban az első elléskori életkor ( $30,0 \pm 0,7$ ) +1,7 hónap átlagtól való eltéréssel, míg a 3-as állományban lévő üszöké ( $26,8 \pm 0,7$ ) -1,5 hónap átlagtól való eltéréssel (azaz a két állomány első elléskori

életkorában 3,2 hónap különbség mutatkozott). Az 2-es állomány brit típusú vörös angus, a 3-as állomány hagyományos brit típusú fekete angus populáció.

1999-ben az első elléskori életkor 24,9 hónap, míg 2012-ben 31,6 hónap, ami 6,7 hónapos különbséget jelent az említett évek között. Ezek az eltérések rámutatnak, hogy a különböző években tapasztalt környezeti vagy gazdálkodási feltételek jelentősen befolyásolták a tehének szaporodási képességét. A tavaszi születésű egyedek első elléskori életkora ( $27,7 \pm 0,3$  hónap) 1,3 hónappal rövidebb, mint a nyári és 0,8 hónappal az őszi évszakban születettekénél.

### **3.2.2. Populációgenetikai paraméterek**

Az AFC  $h^2$  értékei mind a GLM ( $0,51 \pm 0,06$ ), mind a BLUP ( $0,38 \pm 0,05$ ) módszerrel becsülve az eddigi szakirodalmi adatokhoz képest viszonylag magasnak tekinthetők. Az eltérés a populáció szerkezetében, a szelekciós intenzitásban vagy a környezeti feltételekben mutatkozó különbségekkel magyarázható. A két módszerrel kapott becslések közötti eltérés a variancia-komponens becslésének módszertani eltéréseiből fakad.

### **3.2.3. Az apa hatása az első elléskori életkorra**

A GLM módszerrel meghatározó különbségeket találtunk a tenyészbikák ivadékcsoportjainak AFC átlagértékei között. A BLUP egyedmodell alapján becsült, az első elléskori életkorra (AFC) vonatkozó tenyészértékek megbízhatósági együtthatója ( $r^2 = 0,9994$ ) rendkívül magas, ami a teljes körű származási adatoknak, a nagy egyedszámoknak és a környezeti hatások modellbeli kezelésének köszönhető.

A 20716-os regisztrációs számú tenyészbika ivadékai átlagosan  $31,7 \pm 1,1$  hónaposan ellettek ( $TÉ_{GLM} = +6,8$  hónap), a 20495-ös tenyészbika ivadékai  $22,4 \pm 1,0$  hónapos korukban ( $TÉ_{GLM} = -11,7$  hónap), az eltérés 9,3 hónap. Az ivadékcsoportok közötti különbség és az apák AFC-jének TÉ-je között is nagy differenciát tapasztaltunk. A BLUP egyedmodell használatával a TÉ 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 nagyfokú 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 tenyészértékbecslések pontosságának javítása érdekében érdemes részletesebb genetikai információkat bevonni.

### **3.2.4. Fenotípusos és genetikai trendek az első elléskori 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 elléskori életkort.

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 tenyészték 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 nagyobb öröklődhetőségi becsléseket kaptunk, arra utal, hogy az angus populációban az első elléskori életkor alapján szelekció lehetséges.

## **3.3. A különböző angus genetikai csoportok vizsgált értékmérő tulajdonságai**

### **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. A genetikai csoportok közötti AFC-különbségek statisztikailag szignifikánsak ( $p < 0,01$ ).

### **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:  $5,3 \pm 3,6$  a kék csoportnál, 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 eltérés szignifikánsak ( $p < 0,01$ ). 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 közötti AGE-különbségek statisztikailag szignifikánsak ( $p < 0,01$ ). Az AGE genetikai csoportok közti különbségei azt mutatják, hogy a különböző genetikai háttérrel rendelkező egyedek eltérő élettartamot és állományban maradási időt érhetnek el.

#### **3.3.5. Születési súly (BW)**

A BW értéke kismértékben eltért a vizsgált csoportokban. A négy genetikai csoport átlagos születési súlya  $29,4 \pm 4,28$  kg volt. A genetikai csoportok közötti különbségek a BW tekintetében 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 csoportok közötti legalacsonyabb és a legmagasabb születési súly értékének 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 közötti különbségek a WW tulajdonság tekintetében 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 csoportok közötti legkisebb és a legnagyobb 205 napra korrigált választási súly értéke közötti különbség  $45,99$  kg.

### **3.3.7. A genetikailag különböző angus részpopulációk értékmérő tulajdonságai vizsgálatának összesítő eredményei**

Az eredmények alapján tehát jelentős különbségek vannak a legfontosabb reprodukciós és élettartam tulajdonságok tekintetében a DNS mikroszatellit információk által meghatározott angus állományok genetikai csoportjai között. 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 csoport mutatta a leggyengébb teljesítményt az NCB, LP, AGE, BW és WW között. A nagyobb testű, modern típusú vörös angus állományok nagymértékben elmaradtak a hagyományos, kisebb brit típusú fekete és vörös angus populációk teljesítményétől a fenntarthatóságot és jövedelmezőséget befolyásoló vizsgált tulajdonságokban.

## **4. 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 beltenyésztettségi 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. Megállapítottam, hogy szignifikáns különbségek vannak a hat vizsgált tulajdonságban (első elléskori életkor, élve született borjak száma, hasznos élettartam, selejtezési kor, születési súly és 205 napra korrigált súly) a DNS mikroszatellit információk által elkülönített angus genetikai csoportok között.
4. Rámutattam, hogy a legelőn tartott angus tehének első elléskori 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.

5. Lineáris regressziós trend elemzéssel megállapítottam, hogy a hazai angus tehénállomány átlagos első elléskori 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,  $b = -0,00 \text{--} +0,01$ ;  $SE = 0,00 - 0,03$ ;  $p > 0,05$ ,  $R^2 = 0,00$ ) nem változott a vizsgált 23 éves időszakban.

## 5. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK

### 5.1. Idegen nyelvű lektorált folyóiratban megjelent cikk

- **Márton J.**, Bene Sz., Anton I., Zsolnai A., Szabó F.: Comparison of some economic traits by genetic cluster of Aberdeen Angus cattle. Archives Animal Breeding, vol. 68, issue 2, AAB, 68, 279–286, 2025 (Q2, IF: 1,75). <https://doi.org/10.5194/aab-68-279-2025>
- **Márton J.**, Bene Sz., 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). <https://doi.org/10.3390/ani14243715>
- **Márton J.**, Szabó F., Zsolnai A., 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). <https://doi.org/10.5713/ab.23.0157>
- **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). <https://doi.org/10.3303/CET23107041>

### 5.2. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent publikáció

- **Márton J.**, Bene Sz., Szabó F., “Néhány tényező hatása a Magyarországon tenyésztett angus tehének első elléskori életkorára.,” ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS vol. 74, no. 1, pp. 45–61, 2025.

- **Márton J.**, Bene Sz., 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., Anton I., “A magyarországi angus állományok populációgenetikai vizsgálata, értékmérő tulajdonságaik elemzése.” *ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS TAKARMÁNYOZÁS*, vol. 73, no. 2 pp. 219–232, 2024.
- Szabó F., **Márton J.**, Szabó E., Bene Sz., “Húshasznosítású tehenek korai kiesésének, hasznos élettartamának néhány kockázati tényezője,” *MAGYAR ÁLLATORVOSOK LAPJA*, vol. 143, no. 1, pp. 17–24, 2021.
- **Márton J.**, Márton D., 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.

### 5.3. Konferenciakiadványban megjelent közlemények idegen nyelven

- Szabó F., **Márton J.**, Bene Sz., “Weaning results of Angus calves in Hungary,” in 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 2007, p. 369.

### 5.4. Könyvfejezetek magyar nyelven

- Kádár L., **Márton J.**, A jövedelmező húsmarhatartás alapjai. Budapest: Vidékfejlesztési Minisztérium, 2013.
- **Márton J.**, “Húsmarha kalendárium,” Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban, 2013, pp. 145–160.
- **Márton J.**, “Alkalmazott tenyészték-becslési eljárás,” Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban, 2013, pp. 41–55.
- **Márton J.**, “Húsmarha kalendárium,” Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban, 2012, pp. 201–217.
- **Márton J.**, “Alkalmazott tenyészték becslési eljárás,” Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban, 2012, pp. 53–72.
- **Márton J.**, “A fenotípusos teljesítmény alapján történő tenyész kiválasztás,” Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban, 2012, pp. 50–52.