

RÖVID DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS

**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**

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 SZERKEZETE ÉS
RÉSZPOPULÁCIÓINAK ÉRTÉKMÉRŐ TULAJDONSÁGAI**

**KÉSZÍTETTE:
MÁRTON JUDIT
MOSONMAGYARÓVÁR**

2025.

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

Írta:

Márton Judit

**Készült a Széchenyi István Egyetem Wittmann Antal Növény-, Állat- és Élelmiszer-
tudományi Multidiszciplináris Doktori Iskola
Ujhelyi Imre Állattudományi Doktori Programja keretében**

Témavezető: Dr. Szabó Ferenc, DSc, egyetemi tanár

Dr. Anton István, DSc, professor emeritus

Elfogadásra javaslom (igen / nem)

(aláírás)

A jelölt a doktori komplex vizsgán megfelelt.

Mosonmagyaróvár,

**.....
a Komplex Vizsga Bizottság elnöke**

Az értekezést bírálóként elfogadásra javaslom (igen/nem)

Első bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

Második bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

Esetleg harmadik bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

A jelölt az értekezés nyilvános vitáján%-ot ért el.

Mosonmagyaróvár,

A Bírálóbizottság elnöke

Doktori (PhD) oklevél minősítése.....

Az EDT elnöke

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:

- ANIMAL BIOSCIENCE, vol. 37, no. 2, pp. 184–192, 2024. (Q1, IF.:2,4) 4 pont
- ANIMALS, vol. 14, no. 24, 2024. 13 p. (Q1, IF.:2,94) 4 pont
- ARCHIVES ANIMAL BREEDING, vol. 68, 279–286, 2025 (Q2, IF.:1,75) 2 pont

Összesen:

10 pont

RÖVIDÍTÉSEK, BETŰMOZAIKOK JEGYZÉKE

AFC:	Első elléskori életkor
AFC ^{TÉ} :	Átlagos tenyésztérték első elléskori életkor
AGE:	Selejtezési kor
BLUP:	Best Linear Unbiased Prediction/ Legjobb lineáris torzítatlan becslés
BW:	Születési súly
CV:	Coefficient of variation/ Variációs koefficiens
DNS:	Dezoxiribonukleinsav
F _{is} :	Inbreeding coefficient/beltenyésztettségi együttható
GAA _d :	BLUP egyedmodellt alkalmazó összes állat direkt tenyésztértékének genetikai trendje
GAA _m :	Összes állat anyai tenyésztértékének genetikai tendenciája BLUP egyedmodellel
GAS _d :	Apák direkt tenyésztértékének genetikai trendje, BLUP egyedmodellel
GAS _m :	Genetikai trend az anyai tenyésztértékben BLUP egyedmodellel
GGs:	Az apák tenyésztértékének genetikai trendje a GLM módszert alkalmazásával
GLM:	General Linear Model/ Általánosított lineáris modell
H _e :	Expected heterozygosity values/várható heterozigotizáció
H _o :	Observed heterozygosity values/megfigyelt heterozigotizáció
IBS:	Identical By State/ Állapot szerinti genetikai azonosság
LP:	Hasznos élettartam
MHAGTE:	Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete
NCB:	Élve született borjak száma
N _e :	Effective number of alleles/effektív allélszám
Pop. kód:	Populáció kód
SD:	Standard deviation/szórás
SE:	± Standard error/standard hiba
TÉ:	Tenyésztérték
TÉ _{AMD} :	BLUP egyedmodellel becsült direkt tenyésztérték
TÉ _{AMM} :	BLUP egyedmodellel becsült anyai tenyésztérték
TÉ _{GLM} :	GLM módszerrel becsült tenyésztérték
UPGMA:	Unweighted Pair Group Method of Average/Csoportátlag módszer
WW:	205 napra korrigált súly

KIVONAT

A kutatás célja a magyarországi angus húsmarhaállomány genetikai szerkezetének és a genetikai csoportokhoz kapcsolódó értékmérő tulajdonságok közötti összefüggések feltárása, a szaporodási és termelési jellemzőinek, valamint az első elléskori életkor (AFC) genetikai meghatározottságának komplex vizsgálata volt. A kutatás három pilléren alapult: (1) a populáció genetikai diverzitásának és szerkezetének feltárása mikroszatellit markerek segítségével; (2) a különböző genetikai háttérrel rendelkező állományok szaporodási és termelési mutatóinak összehasonlítása; valamint (3) az AFC örökölhetőségének és genetikai trendjeinek meghatározása.

A 12 mikroszatellit marker alapján végzett elemzés négy jól elkülöníthető genetikai csoportot azonosított, amelyekhez jelentős teljesítménykülönbségek társultak. A kék csoport egyedei mutatták a leggyengébb eredményeket az élve született borjak száma, hasznos élettartam, selejtezési kor, születési és választási súly tekintetében. A sárga csoport az anyai termékenység, a növekedési erély és az élettartam szempontjából kiemelkedett. A populáció genetikai diverzitása közepesnek bizonyult ($N_e = 3,201$; $H_o = 0,710$), az IBS hálózatelemzés alapján a vörös, kanadai-amerikai eredetű A tenyészet egyedei központi szerepet töltek be a genetikai kapcsolatrendszerben.

Az AFC örökölhetősége GLM modell alapján 0,51, BLUP modell alapján 0,38 volt, ami jelentősen magasabb a szakirodalmi adatokhoz képest. Az elmúlt 23 év során sem fenotípusos, sem genetikai előrehaladás nem volt kimutatható az első elléskori életkor tekintetében. Az AFC-t döntően környezeti tényezők (születési év, évszak, tenyészet) befolyásolták, de az apai hatás is szignifikáns szerepet játszott.

A hat vizsgált értékmérő tulajdonság (AFC, NCB, LP, AGE, BW, WW) mindegyikében szignifikáns különbségek mutatkoztak a genetikai csoportok között. A nagyobb testű vörös angus állományok nagymértékben elmaradtak a hagyományos, kisebb brit típusú fekete és vörös angus populációk teljesítményétől a vizsgált tulajdonságokban.

A tanulmány eredményei beépíthetők a Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete (MHAGTE) nemesítési programjába. A genetikai csoportok ismerete, az AFC mint szelekciós kritérium alkalmazása hozzájárulhat a fajta hatékonyabb és fenntarthatóbb tenyésztési stratégiájához.

ABSTRACT

The aim of this study was to investigate the genetic structure of the Hungarian Angus beef cattle population and the associations between genetic groups and economically important traits, including reproductive and production traits and the genetic background of age at first calving (AFC). The research was based on three pillars: (1) analysis of genetic diversity and structure using microsatellite markers; (2) comparison of key traits across groups with different genetic backgrounds; and (3) estimation of AFC heritability and genetic trends. Twelve microsatellite markers revealed four distinct genetic clusters with significant performance differences. The blue group showed the worst results in terms of fertility, longevity, and growth, while the yellow group excelled in maternal traits and longevity. The population had moderate genetic diversity ($N_e = 3.201$; $H_o = 0.710$), and red Canadian-American type animals played a central role in the genetic network. Heritability of AFC was high (0.51 with GLM; 0.38 with BLUP), though no phenotypic or genetic progress was observed over the past 23 years. Significant differences were found among genetic groups for all six studied traits (AFC, NCB, LP, AGE, BW, WW). Larger-framed red Angus types performed considerably worse than traditional British-type Angus populations. The results can be incorporated into the breeding strategy of the Hungarian Hereford, Angus and Galloway Association (MHAGTE) to support more effective and sustainable selection, particularly through the targeted use of genetic group information and AFC as a selection criterion.

Tartalomjegyzék

1. A KITŰZÖTT KUTATÁSI FELADAT RÖVID ÖSSZEFOGLALÁSA	3
1.1. Bevezetés.....	3
1.1. Rövid szakirodalmi áttekintés	3
1.1.1. Populációgenetikai vizsgálat, aberdeen angus fajta	3
1.1.2. Első elléskori életkor.....	4
1.1.3. Értékmérő tulajdonságok.....	5
1.2. A vizsgálat célja	7
2. ANYAG ÉS MÓDSZER.....	7
2.1. A magyarországi angus állományok populációgenetikai vizsgálata, értékmérő tulajdonságaik elemzése	8
2.2. A Magyarországon tenyésztett angus tehének első elléskori életkorának, populációgenetikai jellemzőinek vizsgálata, a tenyész bikák tenyészértékbecslése	10
2.3. Értékmérő tulajdonságok elemzése az eltérő genetikai angus csoportok között.....	11
3. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK	12
3.1. A magyarországi angus állományok populációgenetikai sajátosságai.....	12
3.2. A hazai angus tehének első elléskori életkorának (AFC) populációgenetikai jellemzői ..	18
3.2.1. Különböző tényezők hatása az első elléskori életkorra.....	18
3.2.2. Populációgenetikai paraméterek	21
3.2.3. Az apa hatása az első elléskori életkorra.....	22
3.2.4. Fenotípusos és genetikai trendek az első elléskori életkorban.....	23
3.3. A különböző angus genetikai csoportok vizsgált értékmérő tulajdonságai	25
3.3.1. Első elléskori életkor (AFC)	25
3.3.2. Élve született borjak száma (NCB)	25
3.3.3. Hasznos élettartam (LP)	26
3.3.4. Selejtezési kor (AGE).....	26
3.3.5. Születési súly (BW).....	27
3.3.6. 205 napra korrigált súly (WW)	27

3.3.7. A genetikailag különböző angus részpopulációk értékmérő tulajdonságai vizsgálatának összesítő eredményei.....	28
4. AZ EREDMÉNYEK HASZNOSÍTHATÓSÁGA.....	30
4.1. Rövid összefoglalás	30
4.2. Az eredmények gyakorlati hasznosíthatósága.....	31
5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	32
6. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	33
7. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK.....	33
7.1. Idegen nyelvű lektorált folyóiratban megjelent cikk.....	33
7.2. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent publikáció	34
7.3. Konferenciakiadványban megjelent közlemények idegen nyelven	34
7.4. Könyvfejezetek magyar nyelven	34

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 fokozott 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.

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.

1.1. Rövid szakirodalmi áttekintés

1.1.1. Populációgenetikai vizsgálat, aberdeen angus fajta

Az angus az egyik legősibb és legismertebb húsmarhafajta, amely Északkelet-Skócia Aberdeenshire és Angus megyéiből származik. Az első írásos utalást az Angusban található

szarvatlan húsmarhára 1797-ben James Playfair tiszteletes tette a Bendochy plébánia régi statisztikai számadásában. A Watson-tenyészetből származó, az Angus Törzskönyvbe elsőként bejegyzett törzsalapító tehén, Old Grannie, 1824 és 1859 között élt, összesen 35 év 6 hónapig. Élete során 25 borjút ellett, amelyek közül 11-et regisztráltak a törzskönyvben. 29 éves koráig fertilis volt. (*Macdonald és Sinclair, 1910*). A regisztrált angus szarvasmarhák száma évről évre dinamikusan növekszik. A British Cattle Movement Service (*BCMS, 2023*) adatai alapján 2021–ben az angus lett Nagy–Britannia legnépszerűbb szarvasmarha fajtája. *Kuehn (2010)* vizsgálata alapján a fekete és a vörös angus a genetikai távolságuk alapján szoros rokonfajtának tekinthetők, közöttük viszonylag új keletű genetikai eltérés tapasztalható. A melanocita–stimuláló hormon receptor kulcsszerepet játszik a szarvasmarhák színének meghatározásában. A gén domináns ED alléljának egy polimorfizmusa felelős a fekete színért, míg a homozigóta e/e állatoknál egy kereteltolódásos mutáció vörös színt eredményez (*Klungland és mtsai, 1995*). *Wolfger és mtsai (2016)* a fekete és vörös angus szarvasmarhák táplálkozását tanulmányozva megfigyelték, hogy a fekete egyedek takarmányfelvétele nagyobb volt, mint a vöröseké, ami nagyobb testsúlygyarapodáshoz vezetett. Korábbi kutatások rámutattak, hogy az aberdeen angus húsmarhák esetében jobb a súlygyarapodás, a takarmányhasznosítás és a hasított test minősége, mint a vörös fajtatársaiknál, amit egy speciális melanokortin 1 receptor genotípussal hoztak összefüggésbe (*McLean és Schmutz, 2009*).

A magyarországi angus törzsállományok alapjait 1980-ban fektették le 60 angliai aberdeen angus vemhes üsző, valamint 300 amerikai vörös angus szaporítóanyag importjával. 1994 –ben kanadai vörös angus embrió és szaporítóanyag, valamint német vörös angus importtal újabb törzsalapítások történtek. A Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete (MHAGTE) 1998-ban alakult. Azóta folyamatosan végzi tenyésztési és törzskönyvezési munkáját, valamint a fajta népszerűsítésén és genetikai tulajdonságainak megőrzésén dolgozik. A marker asszisztált szelekciót (MAS) a magyar kutatók 1996 óta alkalmazzák a szarvasmarhatenyésztésben, mint molekuláris genetikai eszközt (*Zsolnai és Fésüs, 1996*).

A részletes szakirodalmi áttekintés és a hivatkozások teljes listája az *ANIMAL BIOSCIENCE*, vol. 37, no. 2, pp. 184–192, 2024. számában található. A fenti annak egy rövidített összefoglalója.

1.1.2. Első elléskori életkor

A húsmarhaállományok jövedelmezőségére és fenntarthatóságára jelentős hatással van a tehének első elléskori életkora. A korábban ellő üszők élettartamuk során átlagosan egy borjúval többet nevelnek fel, mint később ellő társaik. A húsmarha-tenyésztés gazdasági sikerességét alapvetően meghatározza a tehének hasznos élettartama és az első elléskori életkoruk (AFC), mivel ezek közvetlen hatással vannak a borjak számának és a termelési ciklus hosszának alakulására (*Damiran és mtsai, 2018*). Az AFC nem csupán a környezeti adottságoktól, biológiai tényezőktől, genetikai háttértől függ, sok esetben stratégiai döntés, amely figyelembe veszi a gazdasági hatékonyságot és a hosszú távú termelési célokat is. Befolyásolja a tenyésztők azon aggodalma, hogy az alacsonyabb AFC növelheti az ellési nehézségek kockázatát, valamint csökkentheti az újra vemhesülés sikerességét, kedvezőtlen hatással lehet a tehén későbbi élettartamára (*Short és mtsai, 1994; Hickson és mtsai, 2010*). Ha a tehének 24 hónapos vagy annál fiatalabb korban ellenek először, 6,5 éves korukig átlagosan 0,7 borjúval többet választanak le, mint a 36 hónapos korban először ellő társaik (*Day és mtsai, 2013*). Ez hosszú távon jelentős gazdasági előnyt eredményez, különösen olyan rendszerekben, ahol a borjak értékesítése kulcsfontosságú a jövedelmezőség szempontjából. *Moorey és mtsai (2020)* az USDA Agriculture Marketing Service adatai alapján kimutatták, hogy az Egyesült Államokban a 23-27 hónapos korban ellő 1,6 millió üsző késői tenyésztésbe állítása összesen 210 millió dolláros veszteséget eredményezett a marhahúságazat számára. *Hickson és mtsai, (2010)* az üszők AFC-jének 3 éves korról 2 éves korra történő csökkentése nagymértékben növeli a termékenységet, és a 2 éves üszőktől leválasztott borjak számát.

Magyarországon az angus fajta genetikai tulajdonságairól korlátozott mennyiségű információ áll rendelkezésre. Ezért vizsgálatunk célja az AFC-nek, öröklődhetőségének meghatározása volt. Emellett vizsgáltuk a különböző környezeti tényezők hatását az AFC-re, az ezzel kapcsolatos fenotípusos és genetikai trendeket, illetve az angus tenyész bikák tenyészértékét (TÉ). Az MHAGTE tenyésztési célkitűzései között kiemelt szerepet kap a reprodukciós tulajdonságok javítása, mivel ezek meghatározóak a húsmarhatartás fenntarthatósága szempontjából. Az első elléskori életkor kulcsfontosságú, mivel közvetlen hatással van a szaporodási hatékonyságra és az élettartamra.

A részletes szakirodalmi áttekintés és a hivatkozások teljes listája az *ANIMALS* folyóirat 2024-es, 14. évfolyam, 24. számában található. A fenti annak egy rövidített összefoglalója.

1.1.3. Értékmérő tulajdonságok

A húsmarhatenyésztés, beleértve az angus fajtát is, világszerte fontos forrása a minőségi marhahúsnak. A húsmarhatartás jövedelmezőségéhez elengedhetetlen a tehenek szaporodási és élettartammal kapcsolatos tulajdonságainak, valamint borjaik növekedési potenciáljának ismerete. *Szabó és mtsai* (2013) megállapították, hogy ha a borjú 205 napos választási tömegének ökonómiai súlyát 100% – nak tekintjük, akkor egyéb tulajdonságok relatív értékei az alábbiak szerint alakulnak: a tehenek vemhesülési aránya 190–770%, a tehenek hasznos élettartama 50–500%, a borjak 120 napos súlya 70–180%, az elléskori borjúvesztés 6–170%, az üszők vemhesülési aránya pedig 40–160%. A marhahús ágazat legfőbb korlátja a kedvezőtlen reprodukció, a tehén élősúlyonkénti kisebb húskibocsátás, a jelentősen alacsonyabb termelékenység, hosszabb termelési ciklus a többi állatfajhoz képest (*Pulina és mtsai*, 2021). *Boyer és mtsai* (2020) vizsgálata szerint egy anyatehén beruházási költsége átlagosan hat választott borjú után térül meg. A húsmarhatartás gazdasági fenntarthatósága szempontjából meghatározó kérdés a reprodukciós teljesítmény. A hatékonyság növelése, a támogatásoktól való függés csökkentése, a jövedelmezőség javítása, a fenntartható marhahús előállítás társadalmi elvárásnak való megfelelése kulcsfontosságú az ágazat hosszútávú életképessége szempontjából. A tehenek élettartamának növelése közvetlenül javítja a gazdaság jövedelmezőségét, csökkenti a költségeit. A termelésben töltött idő hossza az állatok egészségének, ellenálló képességének és jóllétének közvetett mutatója (*Oliveira és mtsai*, 2020).

A fenntarthatóbb húsmarhatenyésztés érdekében előnyösebbek azok a tehenek, amelyek kisebb kifejlett testtömeggel rendelkeznek, de nagyobb súlyú borjút választanak el. (*Snelling és mtsai*, 2022). Ezen egyedek takarmány- és erőforrásigénye alacsonyabb, környezeti terhelésük kisebb, kedvezőbb szaporodásbiológiai tulajdonságokkal rendelkeznek, hosszabb a termelési élettartamuk, jobban alkalmazkodnak a szélsőséges éghajlati viszonyokhoz. A tehén kifejlettkori súlya jól öröklődő tulajdonság $h^2=0,55-0,85$ (*Phillips*, 2004), szelekcióval könnyen változtatható. Az Amerikai Egyesült Államokban a húsmarhaállományok mérete folyamatosan nőtt. A nagyobb testtömeg fenntartásának többletköltsége azonban nem térül meg a borjak nagyobb súlyában, a selejtezett tehenek értékesítéséből származó bevételben, valamint a környezeti terhelés csökkentésében. Ugyanakkor az üvegházhatású gázok kibocsátása jelentősen növekszik (*Wiseman és mtsai*, 2018). *DeVuyst és mtsai*, (2022) az angus, a red angus és a lowline angus jövedelmezőségi különbségeit vizsgálták. E három változat ugyanabból a genetikai vonalból származik, de eltérő szelekciós nyomások alatt fejlődött. Az angus fajtát

1873-ban importálták Skóciából az Egyesült Államokba, Kansas államba. A red angus vörös színét egy recesszív gén okozza, míg a lowline angus (lassabb növekedési ütemmel) az ausztráliai Trangie Kutatóközpontban végzett szelekció eredménye. A legjobb eredményeket kisebb testtömegű tehének és red angus bikák keresztezésével érték el. Az így született borjaknál a tehén testtömegéhez viszonyítva a legnagyobb választási tömeg, valamint a legalacsonyabb tehéntartási költség volt megfigyelhető.

A részletes szakirodalmi áttekintés és a hivatkozások teljes listája az *ARCHIVES ANIMAL BREEDING*, AAB-2024-117 számában található. A fenti annak egy rövidített összefoglalója.

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 hazai angus populációban.
6. A fenntarthatóságot és jövedelmezőséget nagy mértékben meghatározó tulajdonságok (első elléskori életkor (AFC), élve született borjak száma (NCB), hasznos élettartam (LP), selejtezési kor (AGE), születési súly (BW), 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 ivadécai. Az értékelt populációk földrajzi elhelyezkedésével kapcsolatos részletes információkat, térképet, a főszővegben 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* tartalmazzák.

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 (1. táblázat): 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).

1. táblázat: Angus genetikai csoportok jellemzői

Pop.	Törzsalapítás	Termékenyítő bikák	Szín	Testméret/ típus
A	1996: hereford törzsállomány kanadai típusú vörös angus bikákkal termékenyítve R1, R2, R3, R4	kizárólag kanadai és amerikai vonalaktól származó nagytestű vörös angus	V	MNT
C	1994: kanadai vörös angus embrió, szaporítóanyag, törzsállomány mellett fajtaátalakító keresztezés	kizárólag kanadai és amerikai vonalaktól származó nagytestű vörös angus	V	MNT
M	2011: C tenyészetből vörös angus vemhesűszők	C állományból vörös angus	V	MNT
B	2010: E, G állományokból fekete vemhesűszők	D állományból hagyományos brit típusú fekete angus	F	HBT
D	1980: 60 angliai aberdeen angus vemhesűsző, blonde'd aquitane fajtaátalakító keresztezése vörös angussal	fekete: angliai import szaporítóanyag, vörös: hagyományos típusú vörös angliai, amerikai szaporítóanyag	70%F 30%V	HBT
E	1996: D tenyészetből vemhesűszők	D állományból hagyományos brit típusú fekete angus	80%F 20%V	HBT
G	1998: D, E tenyészetből vemhesűsző	D állományból hagyományos brit típusú fekete angus, ausztriai hagyományos típusú fekete angus	F	HBT
H	2002: D tenyészetből vemhesűszők	D állományból hagyományos brit típusú fekete angus	F	HBT
I	2003: D tenyészetből vemhesűszők	D állományból hagyományos brit típusú fekete angus	F	HBT
F	2011: A, D és más hazai hagyományos típusú vörös angus vemhesűszők	D állományból vörös angus	V	HBT
J	2004: D tenyészet vörös angus vemhesűszők	D, K és más állományból hagyományos brit típusú vörös angus	V	HBT
L	1998: C tenyészetből vörös angus vemhesűszők	D állományból vörös angus	V	MNT, HBT
N	2013: A, P tenyészetből vörös angus üszők	C állományból vörös angus	V	MNT, NA
O	2010: N, P tenyészetből vörös angus vérségű üszők	C, D állományból vörös angus	V	MNT, HBT, NA
P	1996: német importból német vörös angus	német import vörös angus	V	NA
K	1998: D tenyészetből származó vörös angus vemhesűszők, 20% limousin fajtaátalakító keresztezés	D és más állományból hagyományos brit típusú vörös angus	V	HBT

Pop.: populáció kód; Szín: F: fekete, V: vörös; Testméret/típus: MNT: modern, nagytestű, HBT: hagyományos, brit típusú, NA: német angus.

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 (AFC) 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 ivadéka. Az AFC meghatározásakor csak az élve született borjakat vettük figyelembe. A genetikai csoportokat származás, színváltozat, testméret 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 (2. 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:

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

ahol \hat{y}_{ijkl} = 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_l = a születési évszak rögzített hatása; és e_{ijkl} = véletlenszerű hiba.

A populációgenetikai paraméterek meghatározása, a tenyész bikák 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.

2. 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, féltestvérek	–	+
– nagyszülők	–	+
Vizsgált tulajdonság		
Első elléskori életkor	+	+

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

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. A függő változó (Y) az értékelt tulajdonság (AFC átlaga), a független változó (X) a tehén születési éve. Meghatároztuk a regressziós egyenes meredekségét (b), amely mutatja a tulajdonság változásának mértékét, míg előjele az irányát jelzi, valamint 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 vizsgált állományok egyedei angus és magas angus vérhányadú ($\geq 75\%$) tehének és azok ivadékai. A hat vizsgált tulajdonság: első elléskori életkor, hasznos élettartam, élve született borjak száma, selejtezési kor, születési súly, 205 napra korrigált súly. A selejtezési kor meghatározásakor a továbbtartásra értékesített egyedek nem kerültek az adatbázisba. A született borjak számánál és az első elléskori életkor 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 ÉRTÉKELÉSÜK

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 heterozigotizás $H_e=0,659$ (3. táblázat).

3. táblázat: Az angus állományok populációgenetikai jellemzői.

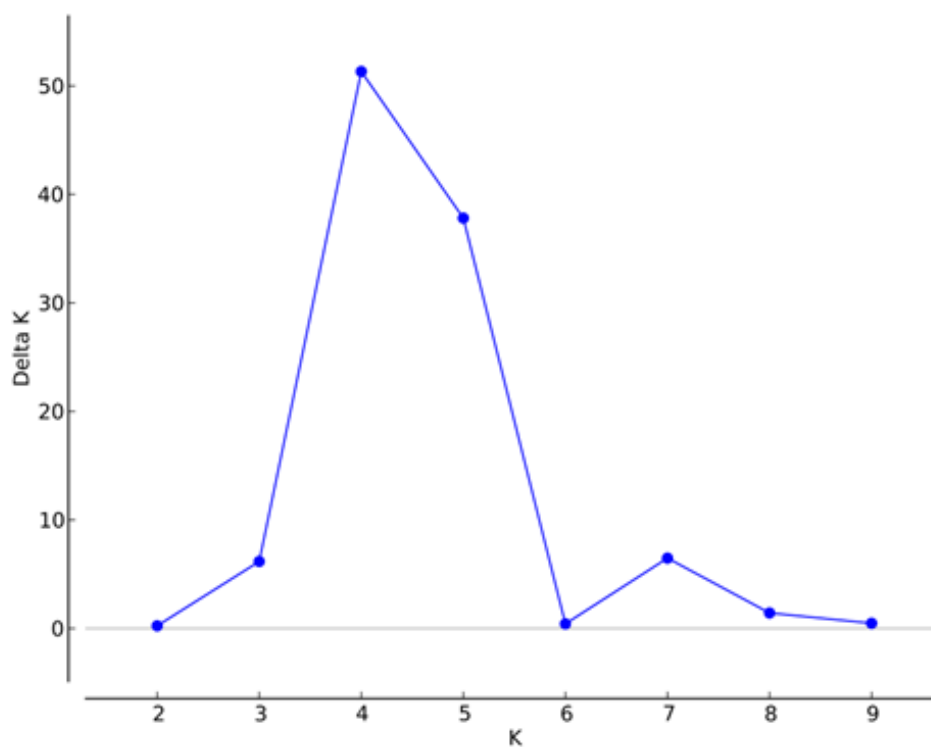
Pop. kód	Mintaszám	N_e	H_o	H_e	F_{is}
A	97	3,149	0,678	0,656	-0,031
B	24	3,239	0,809	0,671	-0,210
C	278	3,276	0,660	0,657	-0,004
D	46	3,356	0,668	0,684	0,023
E	132	3,588	0,742	0,711	-0,046
F	57	3,191	0,683	0,657	-0,044
G	29	3,253	0,695	0,671	-0,030
H	207	2,981	0,685	0,642	-0,068
I	95	3,337	0,739	0,689	-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

Pop kód = vizsgált állomány populációs kódja; N = állatok száma; N_e = effektív allélszám; H_o = megfigyelt heterozigotizás; H_e = várható heterozigotizás; F_{is} = beltenyésztettség együttható.

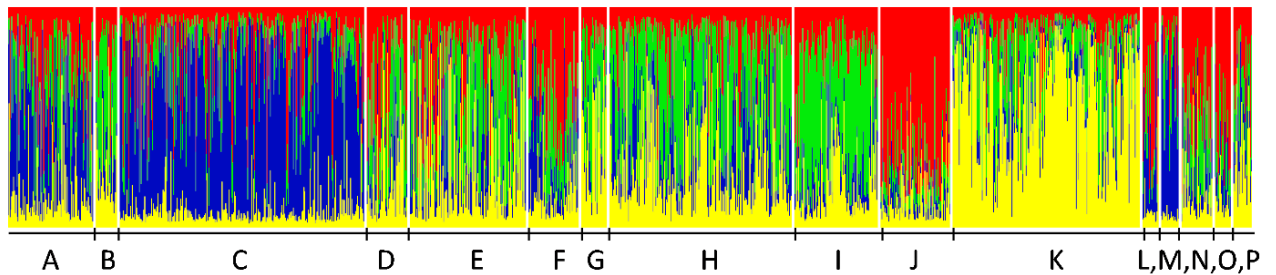
Hasonló eredmények születtek más országokban is. A brit angus állományokban 12 vizsgált mikroszatellittel a $H_o = 0,428$ (Machugh és mtsai, 1994), míg 30 mikroszatellittel $H_o = 0,61$ (Wiener és mtsai, 2004) értéket adott. 30 oroszországi angus szarvasmarha esetén 11 elemzett mikroszatellittel a $H_o = 0,665$ volt (Alsalh és mtsai, 2021). Carruthers és mtsai (2011) munkájában 164 kanadai angus és 22 mikroszatellit esetén a $H_o = 0,63$ értéket mutatott. MorenoSierra és mtsai (2020) a régi és az új típusú kolumbiai angus esetén $H_o = 0,734$ és $H_o = 0,707$ értékeket tapasztaltak. Montoya és mtsai (2010) vizsgálatában 10 vizsgált mikroszatellittel 61 kolumbiai angus esetén a $H_o = 0,6$ volt.

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.

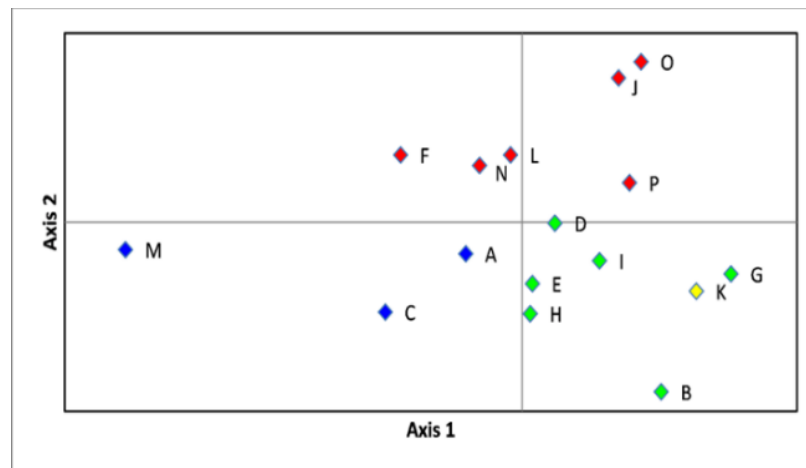
1. ábra: Az angus állományok klaszterszámának (K) meghatározása.



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



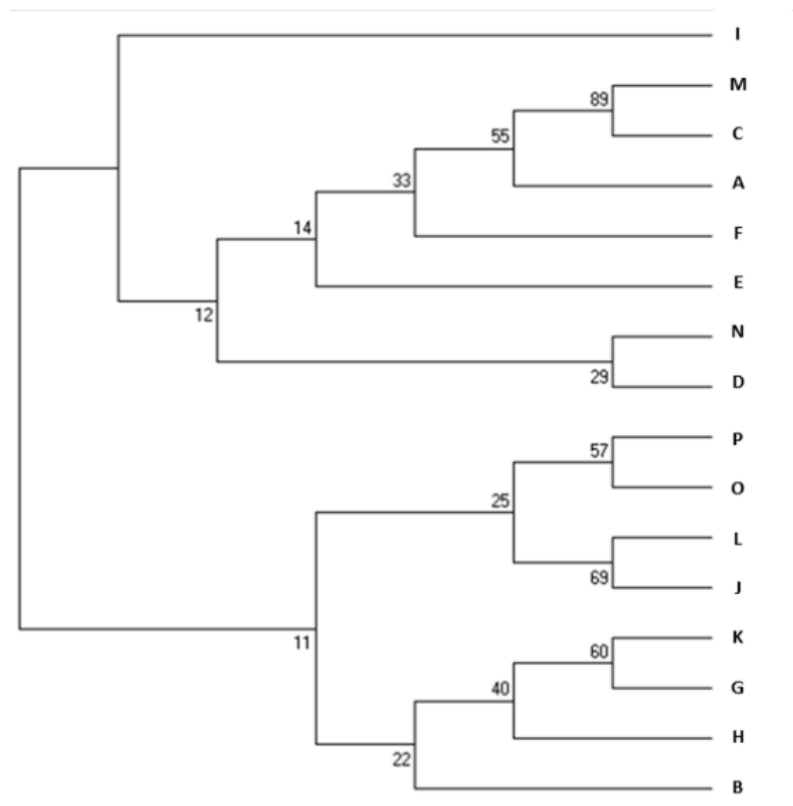
A dendrogram (4. ábra) – Nei-féle genetikai távolsága alapján – a filogenetikai fa ugyanazon ágára helyezte az ACM csoportot, 50-nél nagyobb bootstrap értékekkel, az FJLNOP csoport: JLOP csoport szoros genetikai rokonságot mutat.

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 angus tenyészetekben vizsgált állatok meghatározó központi egyedei az A állományból származtak. Az A törzsállományt alapító, többnyire az angus fajta vörös színváltozatai (több mint 95%), nagy ráamájú, modern típusú, elsősorban kanadai és amerikai vonalakba tartozó egyedek alkotják. 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 részalmazai más egyedekben is megtalálhatóak. A köztes centralitás értékeik 0,488, 0,375, 0,251 és 0,194.

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 (4. táblázat, 6. ábra), azaz részpopulációk, és azok meghatározott termelési- és teljesítmény adatai között összefüggést találtunk. Részletes leírása a genetikai csoportoknak az anyag és módszer fejezetben található.

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

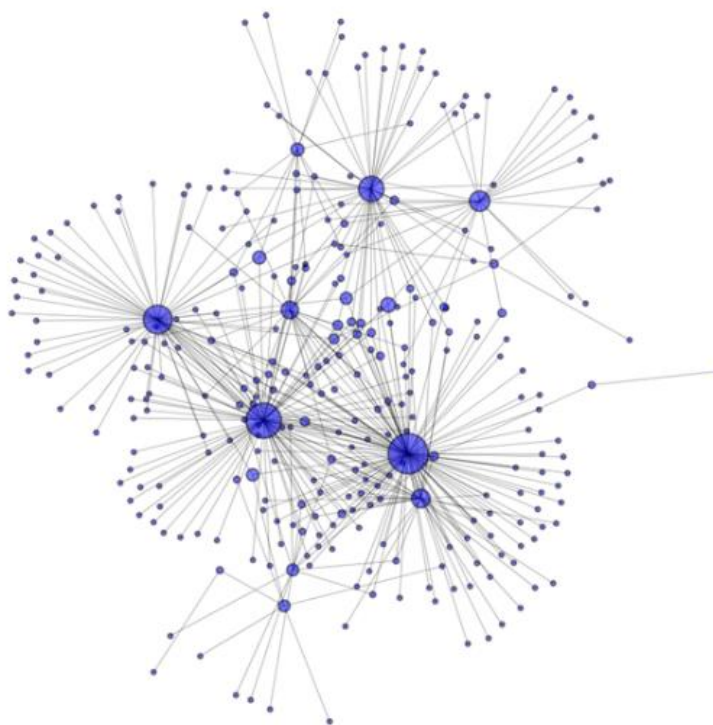


4. táblázat: A vizsgált tulajdonságok alakulása a genetikailag különböző csoportok között.

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 elléskori életkor (nap)	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 (nap)	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.

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



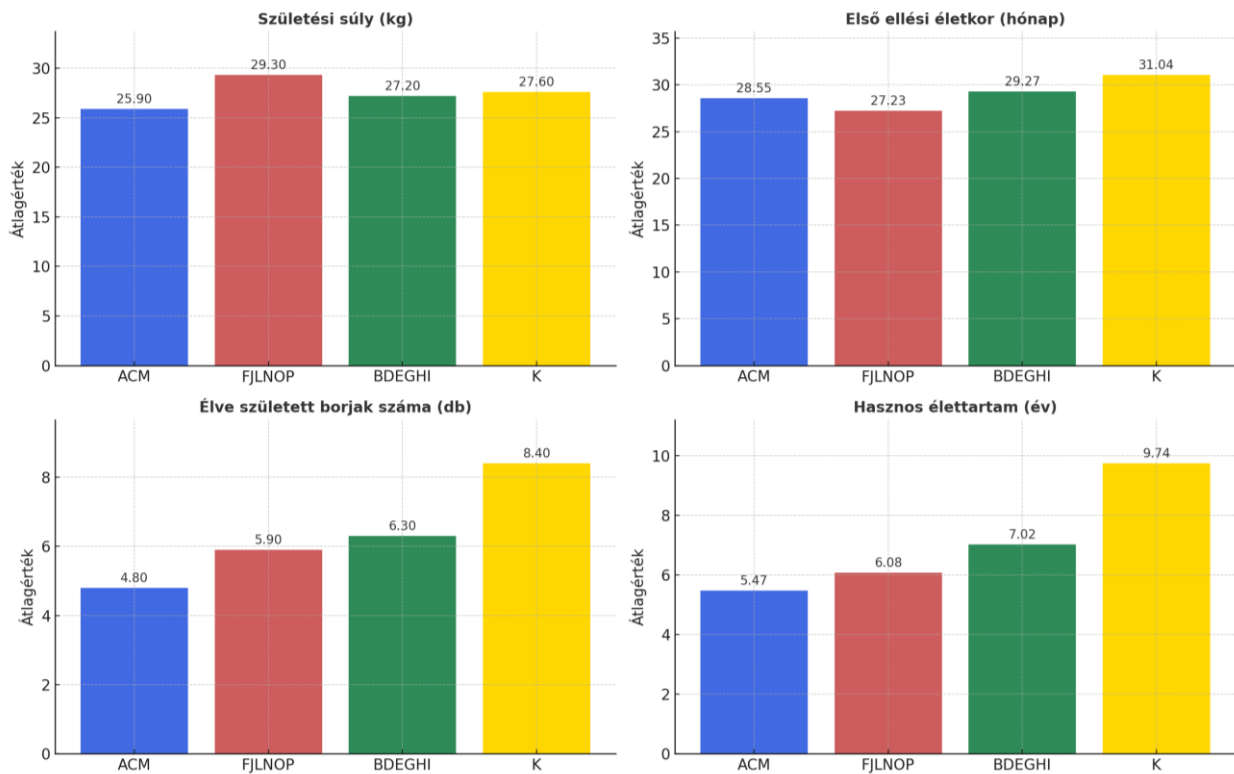
Mivel a genetikai különbségek az állatok eltérő típusaival magyarázhatók, fontosnak tartottuk összehasonlítani a születési súlyt, az első ellési életkort, a született borjak számát, valamint a hasznos élettartamot az elkülönített csoportok között. Az eltérő típusba, genetikai csoportba tartozó angus 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 ± 156 nappal ($27,2 \pm 5,1$ hónap) a legjobb, a sárga csoporté 945 ± 320 nappal ($31,1 \pm 10,5$ hónap) a leggyengébb. Köztük 116 nap, azaz csaknem 4 hónap eltérést tapasztaltunk. Az élve született borjak száma, amely szakirodalmi források *Damiran és mtsai, 2018* alapján az anyatehén beruházási költségeinek visszatérítése érdekében legalább öt vagy hat borjút kell elválasztani, 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.

Részben hasonló eredményekről számoltak be az alábbi közlemények más állományokra vonatkozóan: *Bailey és Mears (1990)* vizsgálatában a kanadai angus borjak átlagos születési

súlya 34 kg volt, és pozitív korrelációt mutatott a választás utáni napi súlygyarapodással. A brit (angus és hereford) apáktól származó borjak súlya (40,5 kg) nagyobb volt, mint a norvég vörös, svéd vörös-fehér és fríz apáktól származó borjaké. *Casas és mtsai* (2012) munkájában az apai fajta hatása a születési súly tekintetében szignifikáns ($p < 0,001$) volt. *Nikolov és mtsai* (2020) vizsgálata alapján az angus üszők átlagos születési súlya 31,6 kg volt Bulgáriában. Új-Zélandon az angus és hereford bikák szaporítóanyagaival termékenyített tejhasznú tehenektől származó borjak átlagosan 36,8 kg születési súllyal rendelkeztek (*Coleman és mtsai*, 2021).

A jelen tanulmányban kapott születési súlyok alacsonyabbak a szakirodalomban közölt adatokhoz képest. Az USA-ban a legtöbb húshasznú vemhes üsző esetében az első ellés 22-24 hónapos korban várható (*Morris*, 1980; *Nunez-Dominguez és mtsai*, 1991).

6. ábra: Értékmérő tulajdonságok a genetikailag különböző angus csoportok között.



A fejezetre vonatkozó hivatkozások teljes listája az *ANIMAL BIOSCIENCE*, vol. 37, no. 2, pp. 184–192, 2024. számában található.

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

3.2.1. Különböző tényezők hatása az első elléskori életkorra

A hazai angus tehenek AFC-jének az összesített átlaga $28,1 \pm 0,1$ hónap (SD =5,3 hónap, CV = 18,9%) (5. táblázat). Az eredmény elmarad a szakirodalmi hivatkozásokban (*Day és Nogueria* (2013), *López-Paredes és mtsai* (2018), *Byrne és mtsai* (2022), *Hickson és mtsai* (2010), *Giess és mtsai* (2022), *Bormann és Wilson* (2010) és *Brzáková és mtsai* (2020) - a hivatkozások teljes listája az *ANIMALS* folyóirat 2024-es, 14. évfolyam, 24. számában található) javasolt 22–24 hónaptól. A vizsgálatban az angus üszök 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 ($p < 0,05$), tehen születési éve ($p < 0,01$), tehen ellési időszaka ($p < 0,01$) hatásai szignifikánsnak bizonyultak az AFC tulajdonságra, a tehen színváltozata alapján elkülönített csoportok között nem mutatkozott szignifikáns különbség (6. táblázat).

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 ($r = -0,063$, $p < 0,01$). Ezek az értékek gyakorlatilag érdemi kapcsolatot nem mutattak.

Az AFC-t meghatározó környezeti tényezők variancia komponenseinek százalékos aránya: tehen születési évszaka 28,99%, tehen születési éve 28,7%, tehen apja 18,32%, állomány 11,77%, maradék variancia 4,12 %. A tehen 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 (6. táblázat).

A környezeti tényezők hatását az első elléskori életkorra a 6. táblázat foglalja össze. 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.

5. táblázat: Az angus tehenek első elléskori életkorának (AFC) alapstatisztikája

Paraméterek	Első elléskori életkor
n	2,955
Átlag (hónap)	28,1
Standard hiba (SE) (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 (p)	0,00

6. táblázat: Különböző tényezők hatása az első elléskori életkorra

Tulajdonság	Adatbázis	Első elléskori életkor	
		Hatás (p)	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

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 tehenek szaporodási képességét. Például a Központi Statisztikai Hivatal (KSH, 2024) 1999. évi és 2012. évi, a legalacsonyabb és legmagasabb első elléskori életkor termelő évekre vonatkozó időjárási adatainak összehasonlítása azt mutatta, hogy az átlaghőmérséklet 10,6, illetve 13,0 °C volt. Hasonlóképpen különbözött a teljes csapadékmennyiség (804 és 384 mm), csakúgy, mint az esős napok száma (145 és 98), a fagyos napok száma (103 és 63) és a hóhullámmal érintett napok száma (1 és 33). 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. *Bene és mtsai* (2021) szerint az évszakok és az első elléskori életkor közötti különbségeknek az egyik lehetséges oka a magyarországi tartástechnológia, amely az állományok májusi legelőre hajtásával és őszi végi behajtásával, a nyári aszályos időszakokkal hozható összefüggésbe. Az ellési/születési időszak egyes szaporodási tulajdonságokra gyakorolt jelentős hatása az éghajlati viszonyok és a takarmányozási módok évszakonkénti változásának tulajdonítható (*Hammoud*

és mtsai, 2010). Az első ellés korát a vemhes üszők ellési időszaka is befolyásolja. (Brzáková és mtsai, 2020).

7. táblázat: A környezeti tényezők hatása az első elléskori életkora

Tulajdonság	n	Első elléskori életkor (hónap)	
Korrigált átlag (±SE)	2,955	28.3 ± 0.3	
Környezeti tényezők		Átlag ± SE	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.

A fejezetre vonatkozó hivatkozások teljes listája az *ANIMALS* folyóirat 2024-es, 14. évfolyam, 24. számában található.

3.2.2. Populációgenetikai paraméterek

Az AFC (GLM $0,51 \pm 0,06$ és BLUP $0,38 \pm 0,05$) h^2 értékei (8. táblázat) magasabbnak bizonyultak a szakirodalmi forrásokhoz képest (0,08 *Bene és mtsai* (2021); 0,08 *Pardo és mtsai* (2020); 0,10 *Boligon és Albuquerque* (2011); 0,14 *Koots és mtsai* (1994); 0,14 *Giess és mtsai* (2022); 0,17 *Brzáková és mtsai* (2020); 0,18 *Zsuppán és mtsai* (2010) vagy mérsékelt (0,235 *Gutiérrez és mtsai* (2002); 0,28 *Bormann és Wilson* (2010); 0,31 *Berry és Evans* (2014); 0,37 *González-Murray és mtsai* (2021); 0,46 *Magaña és Segura* (1997) - a hivatkozások teljes listája az *ANIMALS* folyóirat 2024-es, 14. évfolyam, 24. számában található). 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.

8. 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.

3.2.3. Az apa hatása az első elléskori életkorra

A GLM módszerrel meghatározó különbségeket találtunk a tenyészbikák ivadékcsoportjainak AFC átlagértékei között (9. táblázat). A BLUP egyedmodell alapján becsült, az első elléskori életkorra (AFC) vonatkozó tenyészártékek megbízhatósági együtthatója ($r^2 = 0,9994$) rendkívül magas, ami a teljes körű származási adatoknak, a nagy egyedszámoknak és a környezeti hatások modellbeli kezelésének köszönhető.

9. táblázat: Az apa hatása az angus tehének első elléskori életkorára.

Tulajdonság	n	Első elléskori életkor (hónap)			
		GLM módszer		BLUP egyedmodell	
		Az ivadék csoportok átlaga \pm SE	TÉ _{GLM}	TÉ _{AMD}	TÉ _{AMM}
A tehén apja (Központi lajstromszám)					
A populáció korrigált főátlaga (\pm SE)	2,955	28,3 \pm 0,3			
20495	84	22,4 \pm 1,0	-11,7	-6,2	+0,0
20501	40	29,2 \pm 1,0	+1,8	-0,9	+0,0
20716	41	31,7 \pm 1,0	+6,8	+4,8	-0,0
22666	50	24,1 \pm 1,0	-8,5	-2,7	+0,0
23155	40	27,1 \pm 1,0	-2,3	-2,2	+0,0
24100	39	28,9 \pm 1,0	+1,3	-0,8	+0,0
24608	68	29,5 \pm 1,0	+2,4	+0,8	-0,0
24626	44	30,6 \pm 1,0	+4,6	+3,6	-0,0
24635	42	22,4 \pm 1,1	-11,7	-5,9	+0,0
27934	35	29,4 \pm 1,2	+2,2	+6,0	-0,0
27940	56	28,0 \pm 1,1	-0,7	+3,2	-0,0
27946	56	28,6 \pm 1,1	+0,7	+3,6	-0,0
30947	61	27,2 \pm 1,0	-2,3	-1,6	+0,0
31117	68	28,0 \pm 1,2	-0,6	+1,5	-0,0
34296	35	28,7 \pm 1,2	+0,9	+0,7	-0,0
r _{rank}		TÉ _{GLM} TÉ _{AMD}		+0,86*	-0,86* -0,99*

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

A 20716-os regisztrációs számú tenyészbika ivadékaik átlagosan 31,7 \pm 1,1 hónaposan ellettek (TÉ_{GLM} = +6,8 hónap), a 20495-ös tenyészbika ivadékaik 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. *Bene és mtsai* (2021) limousin egyedek vizsgálatakor hasonló, 15,6 hónapos különbséget tapasztaltak.

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 tenyésztérbecslések pontosságának javítása érdekében érdemes részletesebb genetikai információkat bevonni.

A fejezetre vonatkozó hivatkozások teljes listája az *ANIMALS* folyóirat 2024-es, 14. évfolyam, 24. számában található.

3.2.4. Fenotípusos és genetikai trendek az első elléskori életkorban

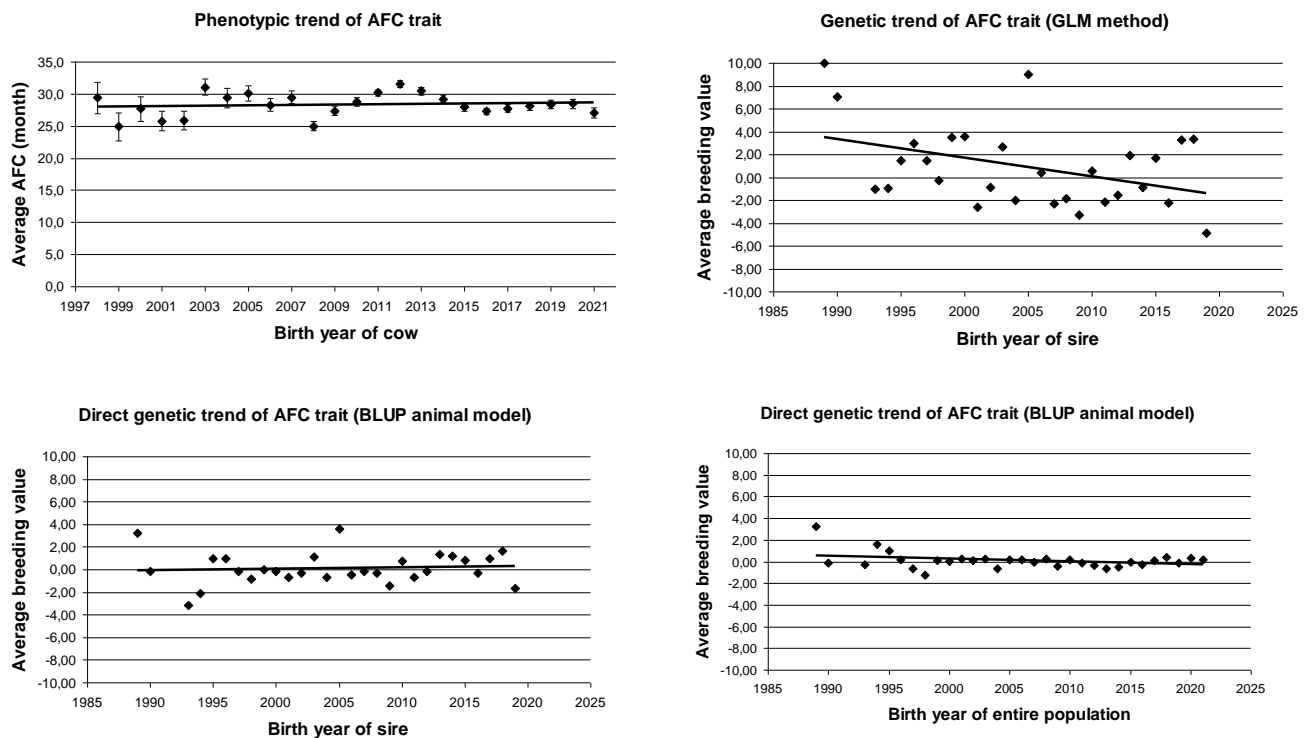
A becsült fenotípusos és genetikai trendek adatai alapján a fenotípusos trend minimális ($b = +0,03 \pm 0,05$) és nem szignifikáns, illeszkedése ($R^2 = 0,02$; $p > 0,05$), jelezve, hogy a környezeti és genetikai hatások és időbeli változások nem befolyásolták jelentősen az első elléskori életkort (10. 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 korábban nagyobb öröklődhetőségi becsléseket kaptunk, arra utal, hogy az angus populációban az első elléskori életkor alapján szelekció lehetséges (6. ábra). A vizsgálatok alapján az angus tehének első elléskori életkorára a tehének ellési időszaka volt a legfőbb hatással. Ez az eredmény felhívja a figyelmet az ellés megfelelő időszakának megválasztásának fontosságára. Az első elléskori életkor stagnáló fenotípusos és genetikai tendenciái részben azzal is magyarázhatók, hogy potenciálisan laza genetikai korrelációt mutat a jelenleg közvetlen genetikai javulás alatt álló tulajdonságokkal, ami korlátozza a szelekcióra adott közvetett válaszok mértékét. A tenyésztőknek a jövőben nagyobb figyelmet kell fordítaniuk erre a tulajdonságra, figyelembe véve annak gazdasági relevanciáját és a reprodukciós hatékonyságra gyakorolt lehetséges hatását. Az állományok közötti különbségek és az első elléskori életkor viszonylag jó öröklődhetősége lehetőséget ad ennek a tulajdonságnak a genetikai alapon történő javítására célzott tenyésztési programok kidolgozásával. Ennek elérése érdekében az első elléskori életkort speciális kiválasztási kritériumként lehetne kezelni a tenyésztési programokban, gondosan mérlegelve a többi tulajdonság melletti beépítését.

10. táblázat: Az első ellési életkor populációgenetikai paramétereit

Trend	Merekség			Tengelymetszet				Illeszkedés	
	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 ^{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= regressziós együttható; SE = standard hiba; p = szignifikancia szint; Y = függő változó; a = konstans; R² = Determinációs együttható ; P = fenotípusos trend; GGS = Az apák tenyészértékének genetikai trendje a GLM módszert alkalmazásával; GAS_d = az apák direkt 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. 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 ($p < 0,01$).

Byrne és mtsai (2022) kutatásai szerint a 36 hónapos korban ellő üszők takarmányfogyasztása jelentősen meghaladja a 24 hónapos korban ellő társaikét: fű esetében 65%-kal, sziláznál 96%-kal, abraktakarmányból 33%-kal többet igényelnek. Az első elléskori életkor optimális időpontja 23–25 hónapos kor, maximalizálja a termelési teljesítményt, lerövidíti a nem produktív időszakot, elősegíti a szezonális ellési rendszer fenntartását (*Wathes és mtsai*, 2014). Az alacsony első elléskori életkor növeli a termelékenységet, mérsékli a selejtezési arányt, ezáltal hosszabb hasznos élettartamot és javuló gazdasági hatékonyságot eredményez (*López-Paredes et al.*, 2018). A tehén–borjú rendszer jövedelmezősége és hosszú távú fenntarthatósága szorosan összefügg a tenyészállatok hasznos élettartamával és az első ellés időpontjával (*Damiran et al.*, 2018a). *Cushman és mtsai* (2013) megállapították, hogy azok az üszők, amelyek a tenyésztési idény első harmadában ellenek, hosszabb ideig maradnak az állományban, és borjaik választási súlya meghaladja a szezon későbbi szakaszában ellő egyedek ivadékainak a súlyát.

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.

A borjak száma közvetlenül befolyásolja a jövedelmezőséget és a fenntarthatóságot, és ennek javítása befolyásolja a gazdasági versenyképességet (*Stewart és munkatársai*, 1983). *Melton* (1995) szerint a szaporodásbiológiai tulajdonságok gazdasági és fenntarthatósági hatása három- és kilencszeresen meghaladhatja a termelési paramétereit. *Kertz és mtsai* (2023) megállapítása alapján öt-hat borjú sikeres választása tekinthető a tehén–borjú tartás gazdasági

megtérülésének alapfeltétele. A borjak számának növelése és az anyai termelőképesség maximalizálása továbbra is állandó kihívást jelent a húsmarha-tenyésztők számára (*Walmsley et al.*, 2018). *Boyer és munkatársai* (2020) az anyatehén befektetésének megtérülését hat borjújában határozták meg. A tehénnek legalább öt egymást követő választott borjút kell adnia, hogy megtérüljön a befektetése, amit csak a korán ellő tehének érhetnek el (*Damiran és mtsai*, 2018). A vizsgált tulajdonság esetében a kék csoport egyedei jelentős javításra szorulnak.

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 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.

Az aberdeen angus tehének hasznos élettartamát *Dákay és mtsai* (2006) 8,28 évben, míg *Szabó és mtsai* (2009) 8,14 évnek találta. Ezzel szemben *Tanida és mtsai* (1988) $4,49 \pm 0,13$ éves átlagos értékről számoltak be. A mérsékelt genetikai variancia következtében a tulajdonság genetikai úton történő javítása csak korlátozott mértékben lehetséges. A borjak választási súlya szignifikáns összefüggést mutatott az anyaállatok életkorával ($p < 0,01$): a választási súly a 2–4 éves tehének esetében fokozatosan emelkedik, a legnagyobb értékeket pedig a 6–8 éves egyedek ivadékai érik el (*Wellnitz és mtsai*, 2022). A jelen vizsgálatban szereplő genetikai csoportok átlagos hasznos élettartama (6,85 év) 1,29–1,43 évvel marad el a korábban közölt szakirodalmi értékektől. Az ötéves kor előtt selejtezett tehének nem képesek biológiai potenciáljukat kiteljesíteni, mivel az általuk választott borjak még nem érik el a választási súly emelkedésének csúcspontját, továbbá a csereüszők beállítása is jelentős költséggel jár.

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. Az AGE genetikai csoportok közti különbségei azt mutatják, hogy a különböző genetikai háttérrel rendelkező egyedek eltérő élettartamot és állományban maradási időt érhetnek el. Az AGE

különbségei összefügghetnek reprodukciós (első elléskori életkor, ellések közötti idő), produktív (borjúnevelő képesség, választási súly) és adaptációs tulajdonságokkal, valamint a selejtezési és tartástechnológiai gyakorlattal. Mivel az AGE értékek szignifikánsan eltértek a genetikai csoportok között ($p < 0,01$), valószínű, hogy bizonyos genetikai háttér hosszabb hasznos élettartamot biztosíthat, ami közvetlen gazdasági jelentőségű. Az eredmények alapján a genetikai tényezők figyelembevétele a szelekciós döntések optimalizálásában kulcsfontosságú lehet.

E tulajdonságban *Dákay és mtsai* (2006) az aberdeen angus tehének esetében 11,03 éves AGE értéket állapítottak meg. *Tanida és mtsai* (1988) egy 23 évet átfogó elemzés alapján 6,68 éves, míg *Stewart és mtsai* (1983) 113 angus tehén 12 évnnyi adatai alapján $7,4 \pm 0,4$ éves AGE értékről számoltak be. *Wellnitz és mtsai* (2022) vizsgálata alapján az állományban maradás valószínűsége 5 éves korban átlagosan 69,41% ($p = 0,05$). A nyolcéves vagy annál idősebb tehénktől választott borjak összsúlya meghaladta a hároméves anyák ivadékainak súlyát. Emellett a 8 éves és idősebb egyedek vemhesülési aránya is kedvezőbbnek bizonyult.

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.

A korábbi szakirodalom a fentikehez hasonló eredményekről számol be. *Bene és mtsai* (2013) vizsgálatai szerint az aberdeen angus borjak választási súlya 217–224 kg, míg a red angus borjaké 210–213 kg volt. A jelen vizsgálat során mért értékek ezzel szemben alacsonyabbnak bizonyultak, amely magyarázható azzal, hogy míg a jelen elemzés több magyarországi angus

állományra terjed ki, addig *Bene és mtsai* eredményei egyetlen kísérleti telep adataira épültek. *DeVuyt és mtsai* (2022) szerint a nagyobb születési súlyú borjak választási súlya átlagosan 2,3 kg-mal magasabb.

10. táblázat: A genetikailag különböző angus csoportok értékmérő tulajdonságai

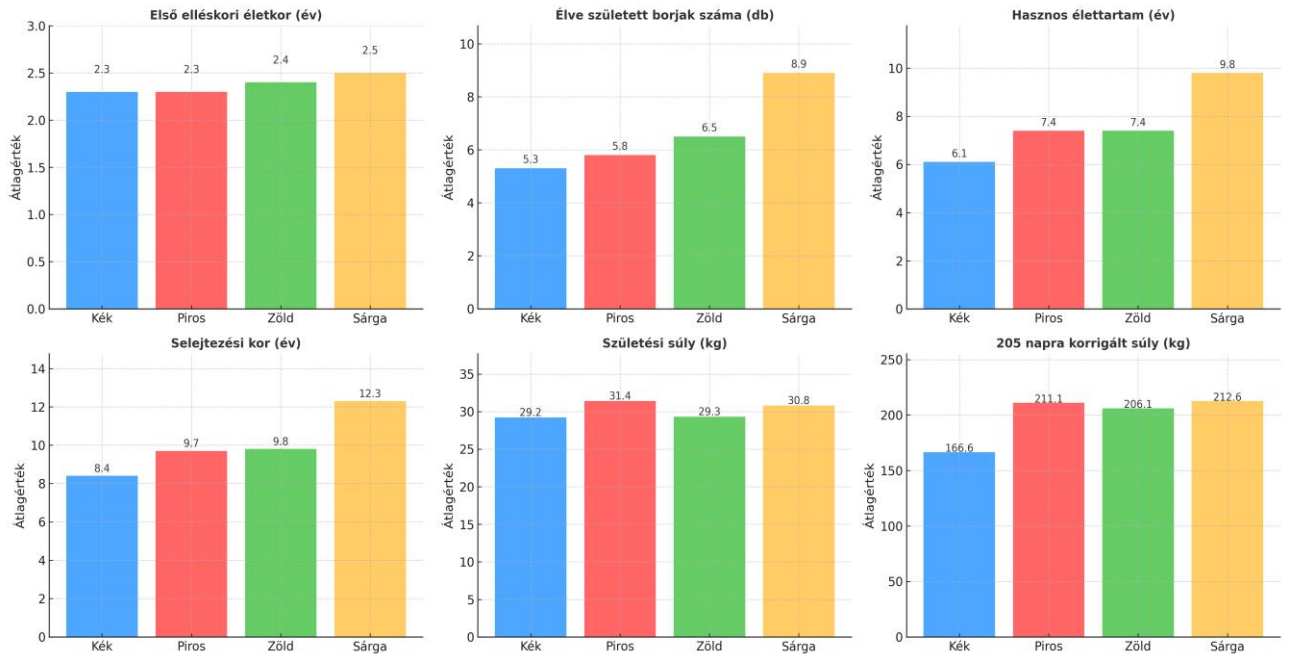
Tulajdonság	Kék csoport	Piros csoport	Zöld csoport	Sárga csoport	Összesen
AFC	2,3 _{ac} ±0,5	2,3 _a ±0,5	2,4 _{bd} ±0,6	2,5 _{cd} ±0,7	2,3±0,5
NCF	5,3 _a ±3,6	5,8 _b ±3,3	6,5 _c ±3,7	8,9 _d ±4,1	5,9±3,7
LP	6,1 _a ±4,1	7,4 _b ±4,6	7,4 _b ±4,1	9,8 _c ±4,6	6,9±4,3
AGE	8,4 _a ±4,1	9,7 _{bc} ±4,6	9,8 _{bc}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

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 (10.táblázat). A hat vizsgált tulajdonság átlaga AFC 2,35±0,54 év, NCB 5,89±3,69 egyed, LP 6,85±4,13 év, AGE 9,2±4,26 év, BW 29,4±4,28 kg és WW 176,9±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. Jelentős különbségek vannak a reprodukciós és hasznos élettartam tekintetében a mikroszatellit marker genotipizálási eredményeinek felhasználásával végzett magyarországi angus populációk különböző genetikai csoportjai között (11. táblázat, 7. ábra). Így a fiatal borjak származásellenőrzéséhez rutinszerűen használt vizsgálataik hozzájárulhatnak a különböző genetikai csoportokból származó állatok korai kiválasztásához.

7. ábra: Értékmérő tulajdonságok a genetikailag különböző angus csoportok között.



11.táblázat: A genetikailag különböző angus részpopulációk értékmérő tulajdonságainak rangsora

Tulajdonság	1.	2.	3.	4.	Első csoport jellemzői	Utolsó csoport jellemzői
AFC	Piros	Kék	Zöld	Sárga	UK, Németország – K vörös	UK – K vegyes
NCB	Sárga	Zöld	Piros	Kék	UK – K vegyes	Kanada, USA – M, NT
LP	Sárga	Piros	Zöld	Kék	UK – K vegyes	Kanada, USA – M, NT
AGE	Sárga	Zöld	Piros	Kék	UK – K vegyes	Kanada, USA – M, NT
BW	Piros	Sárga	Zöld	Kék	UK, Németország – K vörös	Kanada, USA – M, NT
WW	Sárga	Piros	Zöld	Kék	UK – K vegyes	Kanada, USA – M, NT

Első elléskori életkor (AFC), élve született borjak száma (NCB), hasznos élettartam (LP), selejtezési életkor (AGE), születési súly (BW), 205 napos választási súly (WW), kompakt (K), modern (M), nagytestű (NT)

A fejezetre vonatkozó hivatkozások teljes listája az *ARCHIVES ANIMAL BREEDING*, AAB-2024-117 számában található.

4. AZ EREDMÉNYEK HASZNOSÍTHATÓSÁGA

4.1. Rövid összegzés

Korábban a magyarországi angus állományok genetikai szerkezetére és jellemzőire vonatkozóan nem, vagy csak részben készültek vizsgálatok. A genetikai csoportok meghatározott termelési- és teljesítmény adatainak vizsgálata során, a klaszteranalízissel kapott genetikai csoportok között különbségeket találtunk. A négy genetikai csoportba különböző típusú angus egyedek voltak sorolhatók (Kék: modern nagy testű kanadai/amerikai típusú vörös színváltozat; Vörös: brit típusú hagyományos vörös színváltozat; Zöld: hagyományos brit típusú jellemzően fekete színű és Sárga: hagyományos brit típusú vörös és fekete egyedek). Az analízis alapján a kék csoport egyedei jelentősen elmaradtak az élve született borjak száma és a hasznos élettartam tekintetében, melyekben a sárga csoport egyedei kiemelkedően teljesítettek. A genetikai különbségek az állatok eltérő típusaival magyarázhatók, a születési súly, az első elléskori életkor, a született borjak száma, valamint a hasznos élettartam adatainak összehasonlítása során jelentős eltéréseket találtunk a kialakult csoportok között.

A vizsgálat eredményei alapján további tulajdonságokat, tágabb időintervallumot, több tenyészet adatait elemeztük és hasonlítottuk össze. A kapott adatok megerősítették és alátámasztották az első vizsgálatunk eredményeit. Mind a hat vizsgált tulajdonság tekintetében: első elléskori életkor, az élve született borjak száma, a hasznos élettartam, a selejtezési kor, a születési súly és a 205 napra korrigált súly szignifikáns különbségeket találtunk a genetikai csoportok között. A leggyengébb teljesítményt a kék csoport mutatta az élve született borjak számában, a hasznos élettartam, a selejtezési kor, a születési súly és a 205 napra korrigált súly tekintetében is. A nagyobb testű, modern típusú vörös angus állományok a vizsgált tulajdonságok számottevő részében nagymértékben elmaradtak a hagyományos, kisebb brit típusú fekete és vörös angus populációk teljesítményétől.

Az anyai vonalba tartozó angus fajta reprodukciós tulajdonságai közül első elléskori életkor populációgenetikai jellemzőit vizsgáltuk. Ez a tulajdonság kulcsfontosságú a húsmarhatartás gazdasági fenntarthatósága szempontjából, mivel szoros kapcsolatban áll a hatékonysággal és a jövedelmezőséggel. A tanulmány eredményei alapján a tehén születési éve és évszaka, valamint az apai hatás jelentős mértékben befolyásolja az ivadékok első elléskori életkorát.

4.2. Az eredmények gyakorlati hasznosíthatósága

A kapott eredményeket az MHAGTE beépítheti a fajta genetikai sokféleségének védelmét és megőrzését célzó, folyamatban lévő és jövőbeni tenyésztési programjába. Az azonosított genetikai csoportok tulajdonságai közötti különbségek ismerete megnyithatja az utat egy jövőbeli genomikai szelekció célzott és hatékony felhasználásához, melynek hatékony alkalmazásával javíthatók a szaporasági, húsminőségi és egyéb gazdasági szempontból fontos tulajdonságok. Az eredmények segíthetik új tenyésztési stratégiák kidolgozását, melyek figyelembe veszik a különböző genetikai csoportok teljesítménybeli különbségeit. A genetikai csoportok és más gazdaságilag fontos tulajdonságok közötti összefüggések további vizsgálata hozzájárulhat a fajta hosszú távú genetikai diverzitásának megőrzéséhez, valamint a gazdasági teljesítmény további javításához. Érdeemes lenne vizsgálni, hogy az eltérő genetikai csoportba tartozó egyedek célpárosítása miképp befolyásolja adott tulajdonságok alakulását. Esetlegesen megfontolandó több, a fajta szempontjából lényeges tulajdonságok elemzése is.

Az első elléskori életkor tulajdonság 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 tenyésztőknek a jövőben érdemes nagyobb figyelmet fordítaniuk erre a tulajdonságra, figyelembe véve annak gazdasági relevanciáját és a reprodukciós hatékonyságra gyakorolt lehetséges hatását. Az állományok közötti különbségek és az első elléskori életkor viszonylag jó örökölhetősége lehetőséget ad a tulajdonság genetikai alapon történő javítására célzott tenyésztési programok kidolgozásával. Ennek elérése érdekében az első elléskori életkort speciális kiválasztási kritériumként lehetne kezelni a tenyésztési programokban. Az első elléskori életkorral szorosabb genetikai korrelációt mutató tulajdonságokat, mint a reprodukciós hatékonyság vagy a hosszú élettartam, kiemelten lehetne kezelni a több tulajdonságú szelekciós indexekben. Ezzel szemben az első elléskori életkorral laza vagy negatív genetikai korrelációt mutató tulajdonságok külön figyelmet igényelhetnek, hogy elkerüljük más kulcsfontosságú tulajdonságok romlásának a lehetőségét. Hazai kutatások nem állnak rendelkezésre az első elléskori életkor költség-haszon elemzéséről, de a jelen eredmények rávilágítanak annak lehetséges gazdasági hatásaira. Az első elléskori életkor mérséklése csökkentheti a felnevelési költségeket, növelheti az élettartamra jutó borjak számát, és javíthatja az általános jövedelmezőséget. Az optimális első elléskori életkor elérése érdekében hasznos a célzott genetikai szelekció, a magyarországi termelési rendszerekhez igazított, továbbfejlesztett állománykezelési gyakorlat. A jövőbeli kutatásoknak a részletes költség-haszon elemzésekre,

az első elléskori életkor csökkentésének környezeti hatásaira és az ezzel kapcsolatos tulajdonságok tenyésztési programokba történő integrálására célszerű összpontosítani a hosszútávú fenntarthatóság támogatása érdekében. 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 beltenyésztettségi együttható $F_{is} = -0,079$.
2. Hálózatelemzés alapján kimutattam, hogy az az IBS (Identical By State) érték, amelyenél 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, tenyésztetési 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 tenyésztési érték 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. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Szeretném megköszönni a **Széchenyi István Egyetem Wittmann Antal Növény-, Állat- és Élelmiszer- tudományi Multidiszciplináris Doktori Iskola** oktatóinak és munkatársainak támogatását.

Külön köszönettel tartozom **Dr. Szabó Ferenc**, DSC, egyetemi tanár úrnak a szakmai iránymutatásért, alaposágáért, végtelen türelméért és segítségéért.

Köszönetemet szeretném kifejezni **Dr. Bene Szabolcs** egyetemi docens úrnak, **Dr. Anton István**, DSC, professor emeritusnak, **Dr. Zsolnai Attila** egyetemi docens úrnak.

Köszönöm az **MHAGTE dolgozóinak és tagjainak** támogatását.

Hálás vagyok a **családomnak, édesapámnak**, aki megismertetett a húsmarha-tenyésztés világával.

Köszönöm **barátaimnak és szeretteimnek** a biztatást és a támogatást, amelyet a teljes folyamat során kaptam tőlük.

7. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK

7.1. 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.**, 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>

7.2. 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 tehének 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.

7.3. 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.

7.4. 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 tenészkiválasztás,” Versenyképes húsmarhatartás - A jövedelmezőség kulcstényezői a telepi gyakorlatban, 2012, pp. 50–52.



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

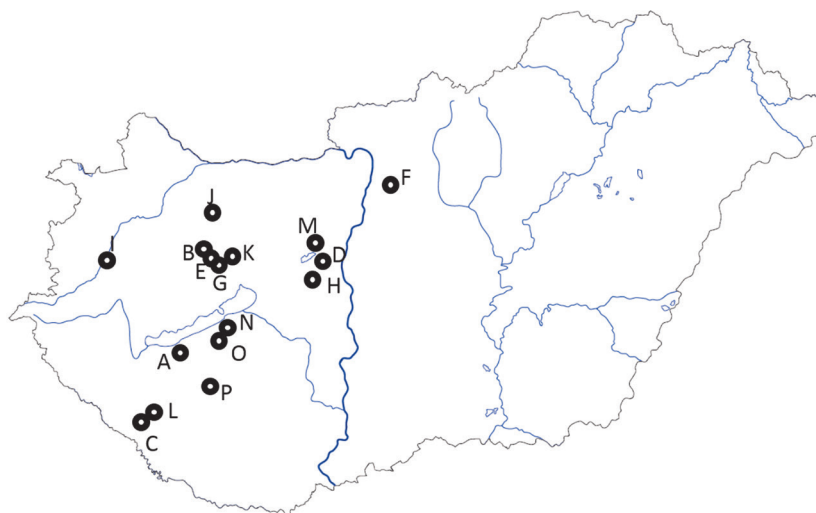


Figure 1. Sampling locations of 16 Angus herds in Hungary. Nearest settlement names and the coordinates are given in the Supplementary Table 1. Grey lines within the border represent the main body of rivers. Dark grey line is the Danube. The closed area, north from farms A, O, and N, south from farm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

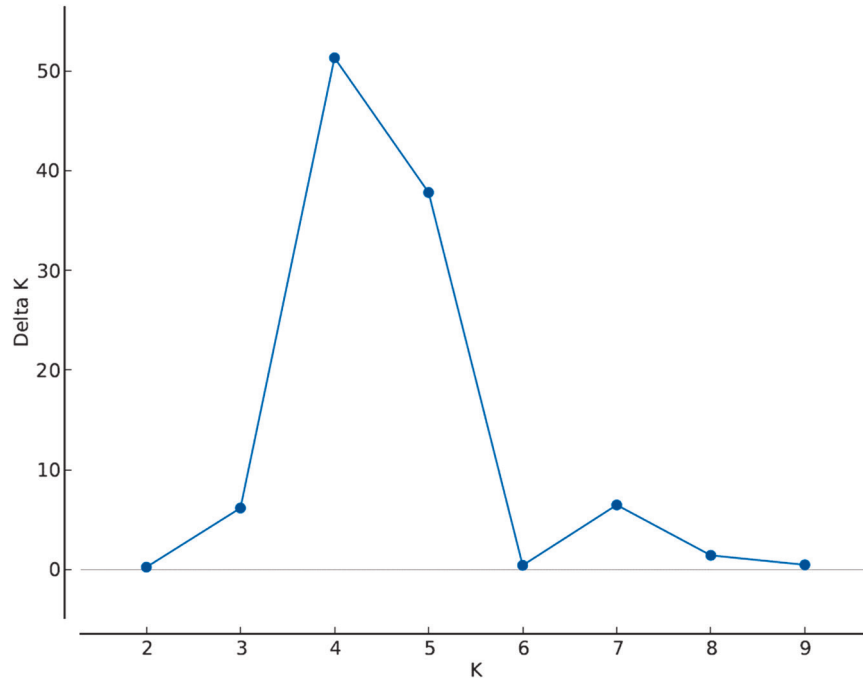


Figure 2. Determination of the most probable cluster number (K) of 16 Angus herds using ΔK approach on Structure $\ln P(D)$ values. The highest ΔK value is at K = 4.

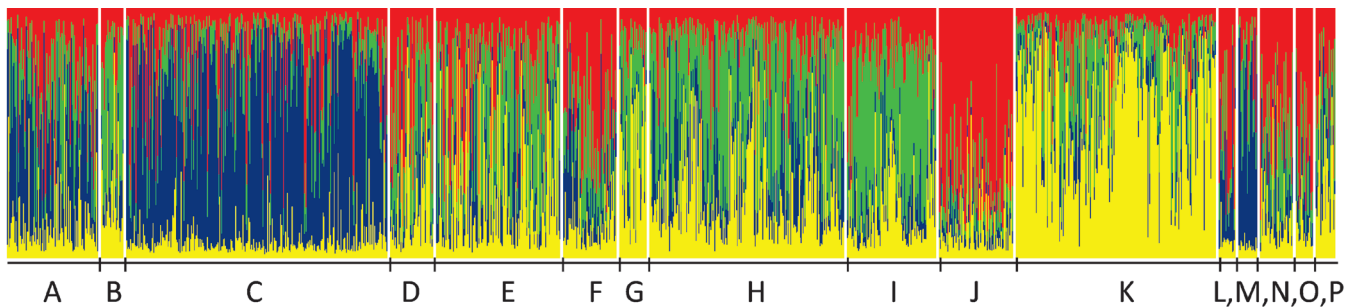


Figure 3. Structure plot of the herds from A to P at K= 4. Animals are represented by vertical lines, and their ratios from the identified groups are represented by different colours. Herds where the blue colour is dominant, are A-C-M. The high portion of red is given by populations F-J-L-N-O-P, and 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)

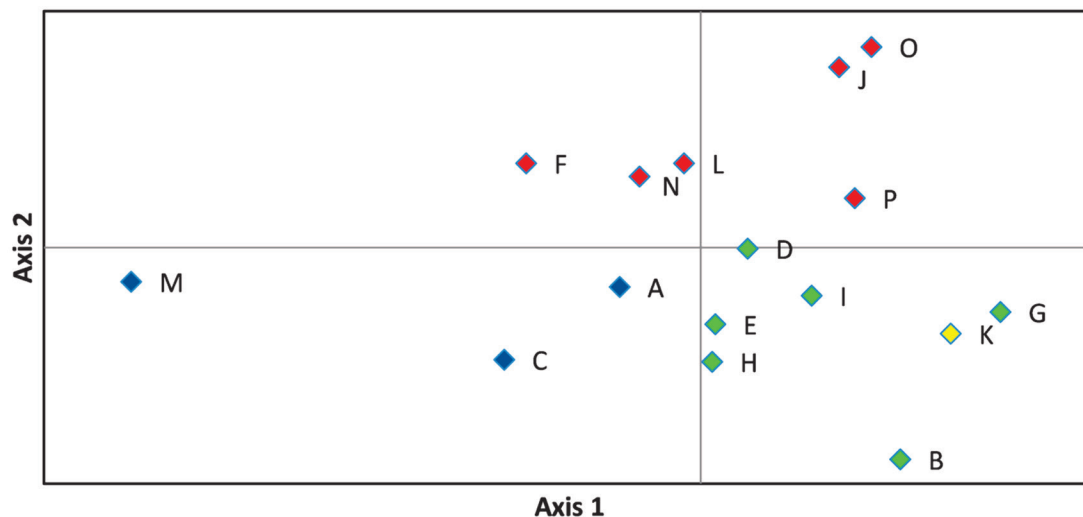


Figure 4. Representation of principal component analysis of estimated pairwise genetic distance values obtained by Genalex software, where axes 1 and 2 describe 33.68% and 17.88% of the total variance, respectively. Herd groups are marked by their dominant colour as given in Figure 3. Blue colour is 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.

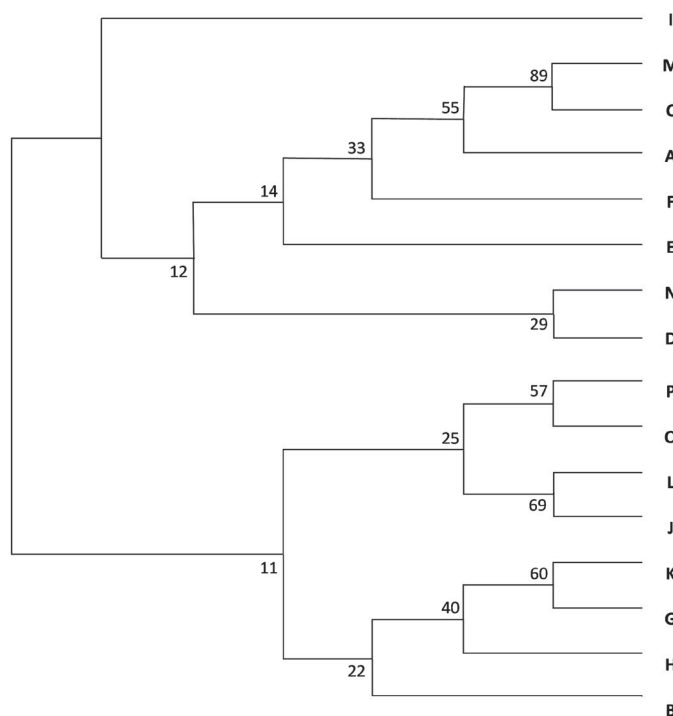


Figure 5. Neighbour-joining tree of herds from A to P. Numbers indicate the bootstrap values. The A, C, and M herds are on the same branch, with bootstrap values higher than 50. Among the STRUCTURE identified F-J-L-N-O-P group J, L, O, and P herds were also grouped together.

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-

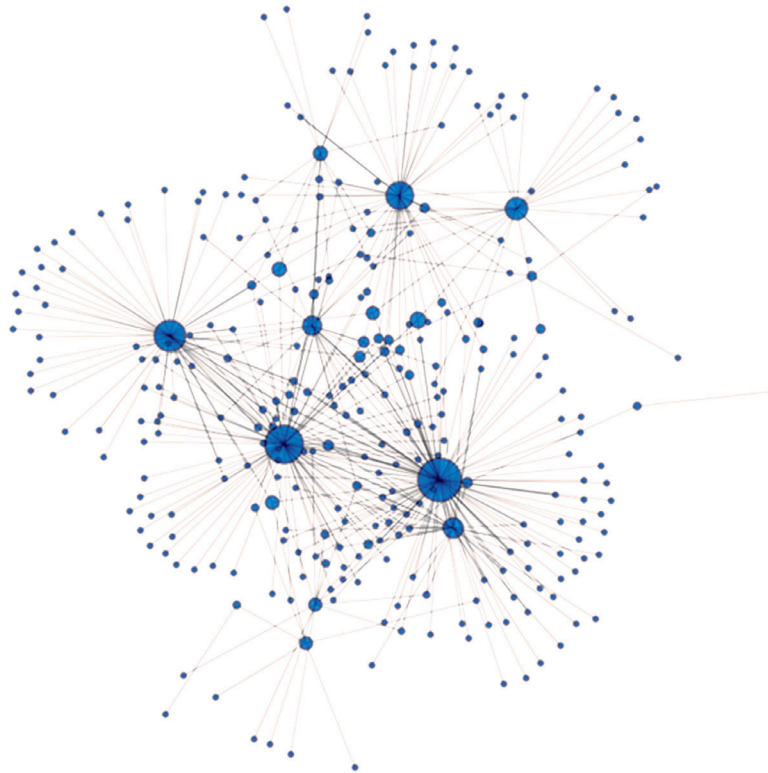


Figure 6. Genetic net based on identical by state values (IBS). IBS values above 0.624 are presented in the figure. Nodes/circles are the animals from herd A, and connections/edges are the pairwise IBS values between the nodes. The diameter of the nodes/animals is proportional to their betweenness centrality.

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>

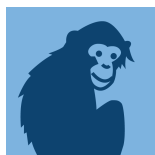
Supplementary Table S1. Codes of Angus herds used in the main text, settlement names and GPS positions

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 használatelőkészítésére 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/cjas.90-019>
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>



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



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 ³

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

² Georgikon Campus, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Deák Ferenc U. 16, H-8360 Keszthely, Hungary

³ 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 Kolmogorov–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
Kolmogorov–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	Age at First Calving (Month)					
	Sire of Cow (Registration Number) #	n	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.

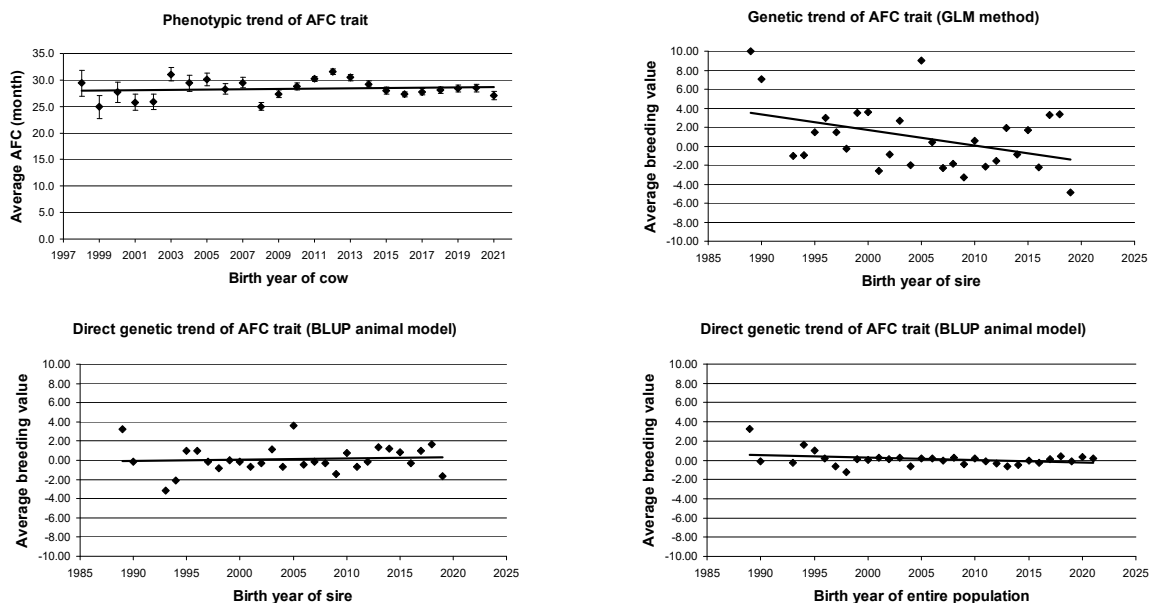


Figure 1. Phenotypic and genetic trends of AFC trait of Angus cows.

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

- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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).
- 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]
- 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]
- 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]
- 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.
- 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]
- 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]
- 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]
- 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)
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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]
- 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).
- 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.



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

Judit Márton¹, Szabolcs Bene², István Anton³, Attila Zsolnai³, and Ferenc Szabó⁴

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

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

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

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

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

Received: 28 August 2024 – Revised: 19 February 2025 – Accepted: 27 February 2025 – Published: 12 May 2025

Abstract. The Angus cattle population of Hungary was categorized into four groups using 12 microsatellite markers exhibiting notable genetic variations. Moreover, some traits influencing the profitability and sustainability of beef cattle farming were compared between groups. Data were obtained from 5075 cows (born between 1990–2020) and 19 142 calves (born between 1997–2023), including 10 629 bull calves and 8513 heifer calves of different genetic backgrounds. Genetic groups were distinguished by origin, color, size, and type: blue group (BG), red group (RG), green group (GG), and yellow group (YG). The six investigated traits were age at first calving (AFC), productive lifespan (PL), number of calves born (NCB), culling age (AGE), birth weight (BW), and the 205 d adjusted weaning weight (WW). The averages of the six tested traits were as follows: AFC – 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 kg. YG excelled in terms of NCB, PL, AGE, and WW traits, while RG performed best in terms of AFC and BW. BG displayed the lowest performance across NCB, PL, AGE, BW, and WW. The heavier Red Angus individuals were largely behind the performance of the traditional-type, smaller British-type Black and Red Angus individuals in the tested traits affecting sustainability and profitability. Significant reproduction and longevity trait differences exist among different genetic groups of Angus beef cattle genotyped by DNA microsatellite information. The results indicated significant differences in terms of the performance of different Angus types with regard to the tested traits. These findings could be useful in developing breeding concepts and making selection decisions, contributing to more efficient and sustainable breeding strategies.

1 Introduction and literature review

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

Szabó et al. (2013) have found in their studies that, if the economic weight of the 205 d weaning weight is considered

to be 100 %, the relative values of some other traits are as follows: the conception rate of cows equates to 190 % to 770 %, the productive lifetime of cows equates to 50 % to 500 %, calf weight at 120 d of age equates to 70 % to 180 %, the loss of calves at birth equates to 6 % to 170 %, and the conception rate of heifers equates to 40 % to 160 %. Pulina et al. (2021) have indicated that the main limitations of the beef sector are unfavorable reproduction, narrower meat output per live weight, significantly lower productivity, and a longer produc-

tion cycle compared to other animal species. According to Boyer et al. (2020), six weaned calves were needed to recoup the investment cost of a beef cow. When the economic sustainability of beef cattle farming is considered, reproductive performance is a decisive issue. Increasing efficiency, reducing dependence on subsidies, improving profitability, and meeting social expectations of sustainable beef production are key to the long-term viability of the sector.

The sustainability of the cow–calf operation depends largely on the longevity and the first calving age of cows (Damiran et al., 2018a). Increasing the lifespan directly improves profitability and reduces costs. The length of time spent in production indirectly indicates animal health, resilience, and well-being (Oliveira et al., 2020). The most sustainable beef cattle are cows with lower mature body weight and weaned calves with relatively higher weight (Snelling et al., 2022). The brood cows' demand for feed and resources is lower, their environmental burden is lower, they have more favorable reproductive characteristics, their productive lifespan is longer, and they are better adapted to extreme climatic conditions. The effectiveness of beef cattle farming and breeding depends, to a large extent, on the productive life of cows (Cundiff et al., 1992).

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

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

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

American, Canadian, and British lines were primarily used for breeding.

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

2 Materials and methods

2.1 Source of data and the investigated cattle herds

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

The studied population consisted of 5075 cows (born between 1990 and 2020) and 19 142 calves (born between 1997 and 2023; 10 629 bull calves and 8513 heifer calves).

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

For the PL, the period from the birth of the first calf born alive to the culling of the cow was considered. For the AGE, individuals that were sold for further maintenance and removed from the association's database were not considered. When determining the NCB and the date of the first calving, only live calves were taken into account. Abortions and still-births were ignored. The BW is measured within 24 h of calving, and the weaning weight is measured individually when the calves are 6 to 9 months old. The WW was calculated as follows:

$$WW = \left(\frac{CW - BW}{WD} \right) \times 205 + BW, \quad (1)$$

where WW denotes calf adjusted 205 d weaning weight (kg), CW denotes calf weaning weight (kg), BW denotes calf birth weight (kg), and WD denotes calf weaning day (day).

2.2 The genetic groups

The genetic structure and characteristics of the Hungarian Angus cattle population (Tables 1, 2) were studied using 12 microsatellite markers (BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, TGLA122, TGLA126, BM1818, MGTG4B, CSSM66, and CSRM60) detected by

an automated ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). Principal coordinate analysis, assignment tests, and dendrograms all suggest that there are mainly four different groups among Hungarian Angus herds. Structure analysis has yielded $K = 4$ as the most probable number of clusters. The collection of blood samples was an integral part of the regularly executed routine parentage testing performed by trained veterinarians. The genetic grouping of the studied Angus population was based on DNA microsatellite-based identification (Márton et al., 2024).

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

In the blue group (BG), herd A was made up of Canadian and American lines of large-framed Red Angus, crossbred with Canadian-type Red Angus from 1996 (R1, R2, R3, R4 genotype); herd C was made up of embryos from Canadian Red Angus, used as genetic material since 1994, alongside upgrading; and herd M was made up of pregnant Red Angus heifers from herd C in 2011.

In the green group (GG), herd B was made up of pregnant Black Angus heifers derived from E and G lines in 2010 as founder animals, crossed with traditional British-type Black Angus from the D line; herd D was initiated in 1980 with 60 pregnant Aberdeen Angus heifers imported from England, crossbred with traditional-type bulls from Blonde d'Aquitaine and Red Angus imported from England and America; herd E was made up of pregnant heifers from herd D in 1996; herd G was made up of pregnant heifers from herds D and E in 1998; herd H was made up of pregnant heifers from herd D in 2002; and herd I was made up of pregnant heifers from herd D in 2003.

In the red group (RG), herd F was made up of pregnant Red Angus heifers from herds A and D and other Hungarian traditional-type herds in 2011; herd J was made up of pregnant Red Angus heifers from herd D in 2004, Red Angus bulls from herd D and other traditional herds, and Red Angus bulls from herd K; herd L was made up of pregnant Red Angus heifers from herds C and D in 1998; herd N was made up of Red Angus heifers from herds A and P in 2013; herd O was made up of Red-Angus-sired heifers from herds N and P in 2010; and herd P was made up of German Red Angus imported in 1996.

Finally, in the yellow group (YG), herd K was made up of pregnant Red Angus heifers from herd D in 1998, with less than 5% Limousin blood proportion.

2.3 Statistical analysis

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

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

The study was performed with SPSS 27.0 (2020) software (IBM Corporation, 2020).

3 Results and discussion

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

3.1 Age at first calving (AFC)

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

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

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

3.2 Number of calves born (NCB)

The NCB differed significantly among the examined groups (Table 3). The average NCB of the four genetic groups is 5.9 ± 3.7 heads. The differences between the genetic groups based on NCB were significant ($p < 0.01$). The lowest NCB (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 lowest and the highest value is 3.6 calves. The number of calves directly affects profitability and sustainability, and improving it affects economic competitiveness.

Stewart and Martin (1983) have obtained an NCB of 6.4 ± 0.3 heads based on 12 years of data from 113 Angus cows. The defining element of sustainable beef cattle breeding is the reproductive performance of breeding females. Reproductive traits have 3 to 9 times more influence on profitability and sustainability than other production parameters (Melton, 1995). Boyer et al. (2020) determined the return on investment of the beef cow to be six calves. A cow needs to

wean at least five consecutive calves to recoup its investment, which is only achieved by cows that calve early (Damiran et al., 2018b). In order to refund the investment costs of the cow-calf operation, it is necessary to wean at least five or six calves (Kertz et al., 2023). Maximizing the number of calves born and weaned and maternal productivity is a constant challenge for beef farmers (Walmsley et al., 2018).

3.3 Productive lifespan (PL)

The PL differed greatly among the studied groups (Table 3). The average PL of the four genetic groups was 6.9 ± 4.3 years. The differences between the genetic groups were significant ($p < 0.01$). The lowest PL was found in the BG (6.1 ± 4.1 years), 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 years, a difference of at least three calves, which was confirmed by the NCB data. Dákay et al. (2006) have reported that the PL of

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

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

Aberdeen Angus cows is 8.28 years. Szabó and Dákay (2009) have determined the longevity to be 8.14 years. Tanida et al. (1988) have found that the average PL of Angus cows was 4.49 ± 0.13 years, and the possibility of genetic improvement of the trait is moderate due to the moderate genetic variance. Calf weaning weight shows a significant positive correlation ($p < 0.01$) with the age of the cow; increasing the productive lifespan of cows might increase the weaning weight of calves. The weaning weight of calves increases continuously for dams aged 2 to 4 years; however, 6- to 8-year-old cows had the largest weaned calves (Wellnitz et al., 2022). These results correspond to the findings of Dákay et al. (2006) and

Szabó and Dákay (2009), and there was a regression of 1.43 to 1.29 years in the average of the examined genetic groups (6.9 years).

Cows culled before the age of 5 years cannot fulfill their biological potential. Their weaned calves do not reach the peak weight; moreover, the cost of a replacement heifer is high. Based on the literature, a minimum of five or six weaned calves is needed for the economic return of a cow from the point of view of cost-effective production and economic sustainability (Boyer et al., 2020). Increasing the lifespan directly improves profitability and reduces costs.

3.4 Culling age (AGE)

Regarding the examined genetic groups, the AGE (period from birth to culling) differed moderately (Table 3). The average 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 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 difference corresponds to the differences between PL and AFC. The differences between the genetic group AGE values are significant ($p < 0.01$).

Dákay et al. (2006) have compared this trait for different beef cattle breeds. The AGE of Aberdeen Angus cows was 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 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. (1988), Stewart and Martin (1983) calculated an AGE of 7.4 ± 0.4 based on 12 years of data from 113 Angus cows. The duration for which cows are kept in the herd does not reflect well the genetic and biological characteristics of the herd in all cases; in many cases, this is the decision of the manager and breeder and is influenced by the management and the calf production goals. The probability of remaining in the herd ($p = 0.05$) at 5 years was averaged at 69.41%, and calves weaned from cows aged 8 years or older had a higher total weight than those from 3-year-old dams (Wellnitz et al., 2022). In addition, the pregnancy rate of cows improved for 8-year-old and older animals, which is one of the most important parameters for staying in the herd. Based on these results, the association between genetic groups and AGE reflects the factors influencing the performance of breeding animals and staying in the herd.

3.5 Birth weight (BW)

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 differences between genetic groups based on BW were significant ($p < 0.01$). The lowest BW was found in the BG (29.2 ± 4.2 kg), and the highest was found in the RG (31.4 ± 5.8 kg). The difference between the lowest and high-

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

Traits	BG	RG	GG	YG	Total	<i>p</i>
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

BG denotes blue group, RG denotes red group, GG denotes green group, and YG denotes yellow group; treatments without the same superscript differ significantly ($p < 0.05$).

est BW was 2.2 kg. In Canada, the BW of Angus calves was averaged at 34 kg and was positively correlated with post-weaning daily weight gain (Bailey and Mears, 1990). The average birth weight of Angus heifer calves in Bulgaria is 31.6 kg (Nikolov and Karamfilov, 2020), and an average birth weight of 38.38 kg has been reported for five farms in the Czech Republic (Tomas, 2016). The BW in our study is slightly lower than that reported in the literature references.

3.6 Calf adjusted 205 d weaning weight (WW)

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

4 Conclusions

The results of this study – according to which there are significant differences in terms of the most important reproduction and longevity traits among different genetic groups of Angus beef cattle genotyped by DNA microsatellite information – call attention to a selection possibility. These findings could be useful in the development of breeding pro-

grams and may help in making selection decisions, contributing to more efficient and sustainable breeding strategies for the breed. Understanding the relationship between the six traits that significantly influence sustainability and profitability and the different types within the Angus breed can help breeders make more informed decisions. By integrating this knowledge, breeders can prioritize those Angus types with the most positive impact on productivity, profitability, environmental footprint, and sustainability. Further research is needed to explore the interactions between these types.

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

Author contributions. JM conceived the idea of this research, supervised the study, and wrote the article. JM and SB collected the data and compiled the starting database. IA, AZ, SB, and FS designed and performed the mathematical evaluations. JM and FS edited and translated the article.

Competing interests. The contact author has declared that none of the authors has any competing interests.

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

Disclaimer. Publisher's note: Copernicus Publications remains neutral with regard to jurisdictional claims made in the text, published maps, institutional affiliations, or any other geographical representation in this paper. While Copernicus Publications makes every effort to include appropriate place names, the final responsibility lies with the authors.

Acknowledgements. The authors would like to express their gratitude to the Hungarian Hereford, Angus, and Galloway Breed-

ers Association and the association's staff for making the starting databases available.

Review statement. This paper was edited by Steffen Maak and reviewed by András Gáspárdy and Janos Posta.

References

- Bailey, C. B. and Mears, G. J.: Birth weight in calves and its relation to growth rates from birth to weaning and weaning to slaughter, *Can. J. Anim. Sci.*, 70, 167–73, <https://doi.org/10.4141/cjas90-019>, 1990.
- Bene, Sz., Giczi, A., Rádlí, A., Polgár, J. P., and Szabó, F.: Multi-breed breeding value estimation based on weaning results in a beef herd in Hungary, *Hung. J. Anim. Prod.*, 62, 218–233, 2013 (in Hungarian).
- Boyer, C. N., Griffith, A. P., and DeLong, K. L.: Reproductive failure and long-term profitability of spring and fall calving beef cows, *J. Agric. Res. Econ.*, 45, 78–91, <https://doi.org/10.22004/ag.econ.298435>, 2020.
- Brzákóvá, M., Čítek, J., Svitáková, A., Veselá, Z., and Vostrý, L.: Genetic parameters for age at first calving and first calving interval of beef cattle, *Animals*, 10, 2122, <https://doi.org/10.3390/ani10112122>, 2020.
- Byrne, C. J., McGee, M., Harrington, M., Kelly, A., and Kenny, D. A.: Calving at two years of age. Teagasc, Grange Animal & Grass-land Research and Innovation Centre, Dunsany, Co. Meat, <https://www.teagasc.ie/animals/beef/grange/beef2022-open-day/calving-at-two-years-of-age/> (last access: 8 May 2025), 2022.
- Cundiff, L. V., Nunez-Dominguez, R., Dickerson, G. E., Gregory, K. E., and Koch, R. M.: Heterosis for lifetime production in Hereford, Angus, Shorthorn and crossbred cows, *J. Anim. Sci.*, 70, 2397–410, <https://doi.org/10.2527/1992.7082397x>, 1992.
- Cushman, R. A., Kill, L. K., Funston, R. N., Mousel, E. M., and Perry, G. A.: Heifer calving date positively influences calf weaning weights through six parturitions, *J. Anim. Sci.*, 91, 4486–4491, <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6465>, 2013.
- Dákay, I., Márton, D., Keller, K., Fördős, A., Török, M., and Szabó, F.: Study on the age at first calving and the longevity of beef cows, *J. Cent. Eur. Agric.*, 7, 377–388, 2006.
- Damiran, D., Larson, K. A., Pearce, L. T., Erickson, N. E., and Lardner, B. H. A.: Effect of calving period on beef cow longevity and lifetime productivity in western Canada, *Transl. Anim. Sci.*, 2, S61–S65, <https://doi.org/10.1093/tas/txy020>, 2018a.
- Damiran, D., Larson, K., Pearce, L., Erickson, N., and Lardner, H. A.: Effects of heifer calving date on longevity and lifetime productivity in Western Canada, *Sus. Agric. Res.*, 7, 11–17, <https://doi.org/10.5539/sar.v7n4p11>, 2018b.
- DeVuyst, E. A., Munson, M., Brorsen, B. W., Lalman, D., Hanna, L. L. H., Swanson, K., and Ringwall, K.: Economics of smaller Aberdeen-derived beef cows, *J. Agric. Appl. Econ. Assoc.*, 54, 697–712, <https://doi.org/10.1017/aae.2022.35>, 2022.
- Gates, M. C.: Evaluating the reproductive performance of British beef and dairy herds using national cattle movement records, *Vet. Rec.*, 173, 499–499, <https://doi.org/10.1136/vr.101488>, 2013.
- IBM Corporation: IBM SPSS Statistics for Windows, Version 27.0, Armonk, NY, USA, https://www.ibm.com/docs/en/SSLVMB_27.0.0/pdf/en/IBM_SPSS_Statistics_Brief_Guide.pdf (last access: 8 May 2025), 2020.
- Kertz, N. C., Banerjee, P., Dyce, P. W., and Diniz, W. J. S.: Harnessing genomics and transcriptomics approaches to improve female fertility in beef cattle – A Review, *Animals*, 13, 3284, <https://doi.org/10.3390/ani13203284>, 2023.
- Kuehn, L.: Relationships of beef breeds using the 50k chip, USDA–ARS, US Meat Animal Research Center, Clay Center, NE, USA, <https://www.nbceec.org/topics/BeefBreeds.pdf> (last access: 10 August 2024), 2010.
- López-Paredes, J., Pérez-Cabal, M. A., Jiménez-Montero, J. A., and 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.*, 96, 4015–4027, <https://doi.org/10.1093/jas/sky271>, 2018.
- 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, *Anim. Biosci.*, 37, 184–192, <https://doi.org/10.5713/ab.23.0157>, 2024.
- Melton, B. E.: Conception to consumption: the economics of genetic improvement, 27th Proc. Beef Improv. Fed., Res. Symp. Annu. Meet, Sheridan, Wyoming, USA, 31 May–3 June 1995, 40–47, <https://beefimprovement.org/wp-content/uploads/2024/07/1995-BIF-Proceedings.pdf> (last access: 8 May 2025), 1995.
- Nikolov, V. and Karamfilov, S.: Growth of female calves of the Aberdeen Angus cattle breed reared in an organic farm, *Sci. Papers Ser. D, Anim. Sci.*, 63, 60–66, 2020.
- Oliveira, H. R., Brito, L. F., Miller, S. P., and Schenkel, F. S.: Using random regression models to genetically evaluate functional longevity traits in North American Angus cattle, *Animals*, 10, 2410, <https://doi.org/10.3390/ani10122410>, 2020.
- Phillips, A. and Coventry, J.: Genetic effects on the mature weight of cattle, Northern Territory Government, Department of Primary Industry, Fisheries and Mines, https://industry.nt.gov.au/_data/assets/pdf_file/0013/233041/793.pdf (last access: 10 August 2024), 2004.
- Pulina, G., Acciaro, M., Atzori, A. S., Battaccone, G., Crovetto, G. M., Mele, M., Pirlo, G., and Rattu, S. P. G.: Animal board invited review – Beef for future: technologies for a sustainable and profitable beef industry, *Animal*, 15, 100358, <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100358>, 2021.
- Snelling, W. M., Thallman, R. M., Spangler, M. L., and Kuehn, L. A.: Breeding sustainable beef cows: reducing weight and increasing productivity, *Animals*, 12, 1745, <https://doi.org/10.3390/ani12141745>, 2022.
- Stewart, T. S. and Martin, T. G.: Optimal mature size of Angus cows for maximum cow productivity, *Anim. Sci.*, 37, 179–182, <https://doi.org/10.1017/S0003356100001707>, 1983.
- Szabó, F. and Dákay, I.: Estimation of some productive and reproductive effects on longevity of beef cows using survival analysis, *Liv. Sci.*, 122, 271–275, <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.09.024>, 2009.
- Szabó, F., Keller, K., Kovács, Á., Fekete, Zs., and Márton, J.: Economic modeling of beef cattle farming. 3rd Paper: The effect of longevity of cows on profitability and on the marginal and relative economic weight of some traits, *Hung. J. Anim. Prod.*, 62, 114–123, 2013 (in Hungarian).

- Tanida, H., Hohenboken, W. D., and DeNise, S. K.: Genetic aspects of longevity in Angus and Hereford cows, *J. Anim. Sci.*, 66, 640–647, <https://doi.org/10.2527/jas1988.663640x>, 1988.
- Tomas, J.: The Growth Intensity of Aberdeen Angus in Organic Farming, Proceedings of International PhD Students Conference, Brno, Czech Republic, 9–10 November 2016, 216–219, https://mnet.mendelu.cz/mendelnet2016/mnet_2016_full.pdf (last access: 5 August 2024), 2016.
- Walmsley, B. J., Lee, S. J., Parnell, P. F., and Pitchford, W. S.: A review of factors influencing key biological components of maternal productivity in temperate beef cattle, *Anim. Prod. Sci.*, 58, 1–19, <https://doi.org/10.1071/AN12428>, 2018.
- Wathes, D. C., Pollott, G. E., Johnson, K. F., Richardson, H., and Cooke, J. S.: Heifer fertility and carry over consequences for life time production in dairy and beef cattle, *Animal*, 8, 91–104, <https://doi.org/10.1017/S1751731114000755>, 2014.
- Wellnitz, K. R., Parsons, C. T., Dafoe, J. M., Boss, D. L., Wyffels, S. A., DelCurto, T., and Van Emon, M. L.: Impacts of dam age on life-time productivity of Angus replacement beef females, *Animals*, 12, 2768, <https://doi.org/10.3390/ani12202768>, 2022.
- Wiseman, A., Lalman, D., and DeVuyst, E.: Mature cow size considerations. Oklahoma Cooperative Extension Service, ANSI-3301, <https://extension.okstate.edu/fact-sheets/print-publications/afs/mature-cow-size-considerations-afs-3301.pdf> (last access: 8 May 2025), 2018.