

A magyarországi angus állományok populáció genetikai vizsgálata, értékmérő tulajdonságaik elemzése

Examination of population genetic and genomic aspects of different traits in Angus herds

MÁRTON Judit – SZABÓ Ferenc – ZSOLNAI Attila – ANTON István

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők célja a magyarországi angus szarvasmarha populáció genetikai szerkezetének és jellemzőinek vizsgálata volt. A Magyar Hereford Angus Galloway Tenyésztők Egyesülete (MHAGTE) adatbázisa alapján 16 magyarországi angus törzstenyészetből származó 1369 egyed genetikai paramétereit elemezték 12 mikroszatellit marker genotipizálási eredményeinek felhasználásával. A 12 vizsgált lókuszban megfigyelt allélszámok 11 és 18 között változtak. Az átlagos effektív allélszám $N_e = 3,201$, az átlagos várható heterozigotizás $H_e = 0,659$, az átlagos megfigyelt heterozigotizás $H_o = 0,710$. A 16 törzstenyészetet az elemzés alapján 4 genetikailag különböző csoportba sorolták. A vizsgált tulajdonságokban rendelkezésre álló termelési adatok: születési súly, első elléskori életnap, a megszületett borjak száma, a hasznos élettartam adatainak összehasonlítása a kapott csoportok között szignifikáns különbséget ($p < 0,05$) mutatott. Az eredmények segíthetik új tenyésztési stratégiák kidolgozását. A genomikai szelekció hatékony alkalmazásával javíthatók a szaporasági, húsmínőségi és egyéb gazdasági szempontból fontos tulajdonságok, amelyek elősegítik a termelés fenntarthatóságát és növelik az ágazat jövedelmezőségét. A genetikai csoportok és további gazdaságilag fontos tulajdonságok közötti összefüggések további vizsgálata hozzájárulhat a fajta hosszú távú genetikai diverzitásának megőrzéséhez, valamint a gazdasági teljesítmény további javításához.

Kulcsszavak: angus, értékmérő tulajdonságok, genomika, populáció, genetika, mikroszatellit

SUMMARY

Objective: The aim of this study was to investigate the genetic structure and different traits of the Angus cattle population in Hungary.

Methods: Genetic parameters of 1369 animals from 16 Angus herds were analysed 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.

Conclusions: Thus, that significant differences were found in the measured traits occurred among the identified groups paves the way to further enhancement of breeding efficiency. The findings in this study have the potential to aid the development of new breeding strategies and help breeders keep the Angus populations in Hungary under genetic supervision.

Keywords: Angus, traits, genomic, population genetic, microsatellites

1. Bevezetés és irodalmi áttekintés

Az angus az egyik legrégebbi - és valószínűleg a legikonikusabb - húsmarhafajta a világon, mely az Északkelet-skóciai Aberdeenshire és Angus megyékből származik. Az első írásos utalást az Angusban található szarvatlan húsmarhára 1797-ben *James Playfair* tiszteletes tette a Bendochy plébánia régi statisztikai számadásában. A Watson tenyészetéből származó, az Angus Törzskönyvbe elsőként bejegyzett törzsalapító Old Grannie tehén 1824-1859 között 35 év 6 hónapot élt, 25 borjút ellett, melyből 11 került a törzskönyvbe. 29 éves koráig fertilis volt. (*Macdonald és Sinclair, 1910*).

A fajta történetében fontos eseménynek számított 1862-ben a törzskönyv elindítása. 1879-ben *Sir George Macpherson Grant* létrehozta a Szarvatlan Szarvasmarhák Egyesületét, amely a mai Aberdeen Angus Egyesület elődje, ő használta először az aberdeen angus nevet a fajtára (*Macdonald és Sinclair, 1910*).

A 19. században a fajta gyorsan elterjedt az Egyesült Királyság egész területén, és más országokban, mint például az Amerikai Egyesült Államok, Argentína, Ausztrália, Brazília, Kanada, vagy Uruguay. A fenntartható termeléshez szükséges kulcsfontosságú szaporasági tulajdonságai, kiváló húsminősége, márványozott húsa, közepes testméretei miatt jelenleg az egyik legnépszerűbb fajta világszerte. A regisztrált angus szarvasmarhák száma évről évre dinamikusán növekszik. A British Cattle Movement Service (BCMS, 2023) adatai alapján 2021-ben az angus lett Nagy-Britannia legnépszerűbb szarvasmarha fajtája volt.

1862-ben Skóciában az első kiadott törzskönyvbe regisztrálták a fekete és a vörös egyedeket is. Ma is ezt a gyakorlatot alkalmazzák a világ fő húsmarhatermelő régióiban, az USA-t kivéve, ahol külön fajtaként tartják nyilván a fekete és vörös egyedeket. 1954-ben alapították meg a Red Angus Association of America szövetséget. *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 kulcsfontosságú a szarvasmarhák színének meghatározásában. A gén domináns E^D alléljának egy polimorfizmusa felelős a fekete színért, míg a homozigóta e/e állatoknál egy kereteltolódásos mutáció vörös színt eredményez (*Klungland és mtsai, 1995*).

A közelmúltban végzett kutatások az egészségügyi problémák alacsonyabb arányát, kisebb elhullást, nagyobb testtömeg-gyarapodást és rövidebb hízalási időt állapítottak meg az aberdeen angus esetében (*Laudert, 2010*). *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*). Kilenc húsmarhafajta (magyar tarka, hereford, aberdeen és vörös angus, lincoln red, limousin, charolais, blonde d'Aquitaine és shaver) reprodukciós teljesítményét összehasonlítva *Bene és mtsai* (2013) megállapították, hogy az egy tehénre, valamint a 100 kg tehén élősúlyra vetített

205-napos borjú súly tekintetében a legjobb eredményt a vörös angus (143,9 kg, 23,9 kg/100kg) tehének érték el.

Lozada-Soto és mtsai (2021) megvizsgálták a genomikai szelekció hatásait az amerikai angus szarvasmarhák genetikai sokféleségére. A kutatók jelentős beltenyésztési depresszió hatásait találták a gazdaságilag fontos növekedési tulajdonság esetében.

Karamfilov (2022) temperamentum vizsgálatának eredményei arra utalnak, hogy az angus tehének 4 éves koruk után kezelhetőbbek, a betegségekkel szemben ellenállóbbak, stabilabb immunrendszerrel rendelkeznek, alacsonyabbak a kezelési- és állategészségügyi költségeik (*Hine és mtsai*, 2019).

Magyarországra először kísérleti jelleggel, 1955-ben importáltak angliai angus szaporítóanyagot. Ennek célja különböző keresztezési programok kidolgozása volt (*Horn és mtsai*, 1959). Később az 1970-es évek elején importáltak a fajta vörös színváltozatából, mely állomány felszámolásra került. A jelenlegi törzsállományok ősei 1980-ban 60 aberdeen angus vemhesűsző angliai importjával és ugyanabban az évben 300 amerikai vörös angus szaporítóanyag behozatalával kerültek be. 1994-ben kanadai vörös angus embrió és szaporítóanyag, valamint német vörös angus importtal újabb törzsalapítások történtek.

Az Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete (MHAGTE) 1998-ban alakult és azóta is folyamatosan végzi tenyésztési, törzskönyvezési tevékenységét, dolgozik a fajta kiváló genetikai tulajdonságainak megőrzésén, a népszerűsítésén.

A marker asszisztált szelekciót (MAS) a magyar kutatók 1996 óta használják molekuláris eszközként a szarvasmarhatenyésztésben (*Zsolnai és Fésűs*, 1996). A 2000-es években Magyarországon számos vizsgálatot végeztek angus bikákon a diacilglicerín-aciltranszferáz 1, a tiroglobulin és a leptin lokuszok hús márványosodására gyakorolt hatásának vizsgálatára. A longissimus dorsi és a semitendinosus izomzat zsírszázalék értékeit illetően minden esetben szignifikáns különbségeket ($p < 0,05$) figyeltek meg a genotípusok között (*Anton és mtsai*, 2008, 2011).

A mikroszatellit markereket széles körben használják a populációgenetikában, a konzerválási genetikában és a származás azonosításában (*Amigues és mtsai*, 2011; *Szűcs és mtsai*, 2019; *Bhargava és mtsai*, 2010; *Guichoux és mtsai*, 2011). Az elmúlt években számos genetikai elemzést végeztek szarvasmarha populációkban mikroszatellit markerek alapján (*Szűcs és mtsai*, 2019; *Mahgoub és mtsai*, 2013; *Zsolnai és mtsai*, 2014). A magyarországi angus szarvasmarha populáció genetikai szerkezetének és jellemzőinek felépítésével kapcsolatban eddig még nem készültek vizsgálatok.

A jelen tanulmány és a további vizsgálatok lehetővé tennék, hogy a tenyésztők elegendő információval rendelkezzenek a fajta genetikai diverzitásának megőrzéséhez és védelméhez, valamint az MHAGTE a tenyésztési program összeállításához.

2. Anyag és módszer

A populációgenetikai vizsgálatban 16 magyarországi állományból származó 1369 angus szarvasmarha mintáit vizsgáltunk (1. táblázat). Az értékeléshez a MHAGTE adatbázisát használtuk.

A genotípusok azonosításához 12 mikroszatellit markert vizsgáltunk: BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, TGLA122, MGTSM1G26, BGTS1G26, MGTSM1G26, MGTSM1G26, MGTSM1G28 az ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) automatizált eszköz segítségével.

A fent említett mikroszatellit markereket a Nemzetközi Állatgenetikai Társaság (ISAG) ajánlja származásellenőrzési vizsgálatokhoz, az akkreditált nemzetközi laboratóriumi eredmények összehasonlíthatóságához. A vérminták gyűjtése szerves részét képezte a tenyésztők által rendszeresen végzett származásellenőrzési vizsgálatoknak. A polimeráz láncreakciót (PCR) és a fragmentumhossz-meghatározást a Szűcs és mtsai (2019) által is alkalmazott módszer szerint végeztük, azzal az eltéréssel, hogy a rutinszerű mintavétel minden esetben a faroktöből történt.

1. táblázat:

A vizsgált angus populációk effektív allélszámai (N_e) megfigyelt és várható heterozigotizásai (H_o , H_e), beltenyésztettségi együtthatói (F_{is})

Pop kód (1)	N (2)	N_e (3)	H_o (4)	H_e (5)	F_{is} (6)
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
á	1369	3,201	0,710	0,659	-0,079

Pop kód = vizsgált állomány populációs kódja (1); N = állatok száma (2); N_e = effektív allélszám (3); H_o = megfigyelt heterozigotizás (4); H_e = várható heterozigotizás (5); F_{is} = beltenyésztettségi együttható (6)

Table 1: Population codes (Pop code), number of animals (N), effective number of alleles (N_e), observed (H_o), and expected (H_e) heterozygosity values, and inbreeding coefficients (F_{is}) of the investigated herds

Pop code = Population code (1); N = number of animals (2); N_e = effective number of alleles (3); H_o = observed heterozygosity values (4); H_e = expected heterozygosity values (5); F_{is} = inbreeding coefficients (6)

Az MHAGTE adatbázisa alapján 4082 tehén termelési adatait elemeztük. A 16 magyarországi angus tenyészet esetében genetikailag meghatározott négy csoportot különítettünk el (*Hubisz és mtsai*, 2009; *Evanno és mtsai*, 2005; *Earl és von Holdt*, 2012): kék (A-C-M), zöld (B-D-E-G-H-I), piros (F-J-L-N-O-P) és sárga (K).

Az effektív allélszám (N_e), a megfigyelt (H_o) és várható heterozigotizás (H_e), a beltenyésztettség együtthatója (F_{is}) és a főkomponens analízis (PCA) kiszámítását a GenAlEx (*Peakall és mtsai*, 2006) programmal végeztük. A dendrogrammot a távolság alapú neighbour-joining módszerrel, a MEGA (*Tamura és mtsai*, 2021) szoftverrel készítettük el.

Az IBS (Identity By State, hasonlósági érték) értéket bármely két egyed között a következőképpen számítottuk ki:

$$IBS = M_2 + 0,5 \times \frac{M_1}{N_m}$$

(ahol: M_2 = azon markerek száma, amelyek két allélt osztnak; M_1 = azon markerek száma, amelyek egy allélt osztnak; N_m = a markerek száma)

A köztes centralitást python networkx 2.3 szoftverrel elemeztük, a genetikai hasonlósági hálót a networkx 2.3 és matplotlib 3.1.1 könyvtárak segítségével jelenítettük meg és írtuk le. Egy adott állat/csomópont közötti köztes centralitása $= \sum_{s=v \rightarrow t} \sigma_{st}(v) / \sigma_{st}$ (ahol „v” a csomópontok száma; σ_{st} az s csomóponttól induló legrövidebb utak száma; t csomóponthoz és $\sigma_{st|v}$ azon utaknak a száma, amelyek áthaladnak a v csomóponton).

Az egyedek genetikai hálójának jobb megjelenítéséhez az IBS értékek alapján és a közötti köztes centralitás szempontjából csökkentettük a látható élek /kapcsolatok/ IBS értékek és csomópontok/állatok számát.

3. Eredmények és értékelésük

A vizsgált 12 lókuszbán megfigyelt allélszámok 11 és 18 között változtak. Az átlagos effektív allélszám $N_e = 3,201$ volt. A megfigyelt heterozigotizás $H_o = 0,710$, a teljes várható heterozigotizás $H_e = 0,659$ (lásd 1. táblázat).

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 (*Alsai és mtsai*, 2021). *Carruthers és mtsai* (2011) munkájában 164 kanadai angus és 22 mikroszatellit esetén a $H_o = 0,63$ értéket mutatott. *Moreno-Sierra 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.

A vizsgált gazdaságokban a megfigyelt heterozigotizás $H_o = 0,6$ (M állomány) és $H_o = 0,809$ (B állomány) között változott, ami hasonló a fent közölt szakirodalomban talált értékekhez. Az E, I, J, K, O és P gazdaságok állományainak megfigyelt heterozigotizás értékei meghaladták a kolumbiai angus szarvasmarhák H_o értékét.

Az összes állományban a D tenyészet kivételével a vártnál több heterozigóta állatot találtunk. Hat populáció (B-J-M-N-O-P) beltenyésztettség együtthatója $F_{is} \leq 0,1$, a B populáció értéke $F_{is} < 0,2$. Az állományok vizsgálatakor a B állomány

2. ábra: A 16 angus állomány legvalószínűbb klaszterszámának (K) meghatározása ΔK megközelítéssel Structure $\ln P(D)$ értékeken. A legmagasabb ΔK érték K = 4-nél van.

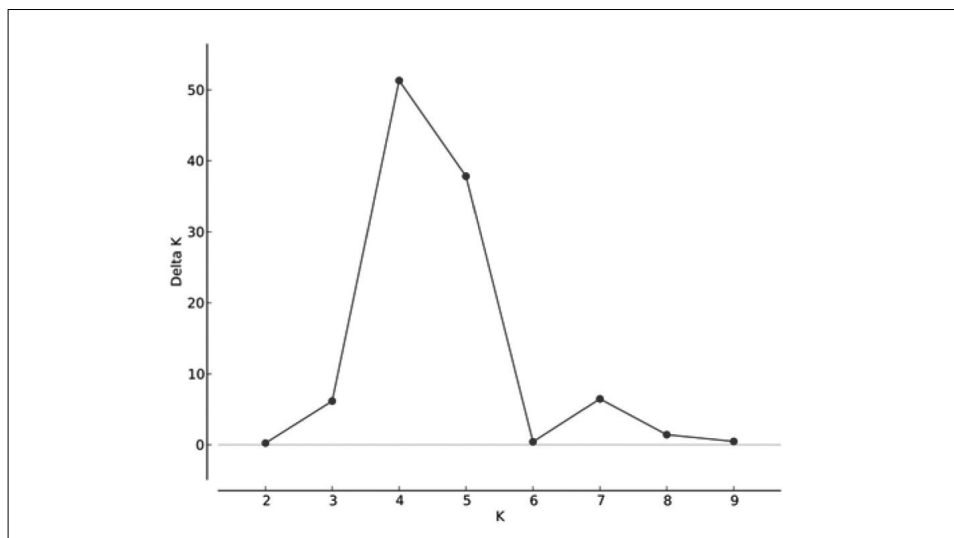
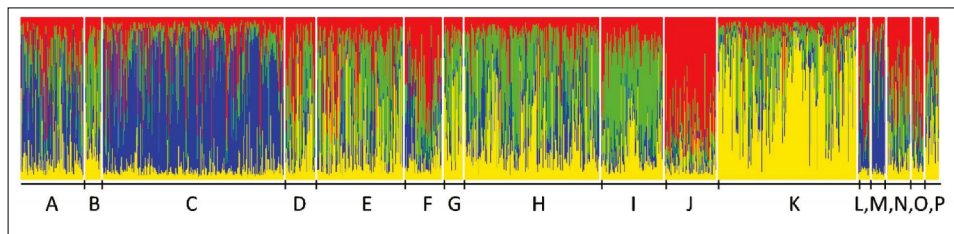


Figure 2: Determination of the most probable cluster number (K) of 16 Angus herds using ΔK approach on Structure $\ln P(D)$ values. The highest ΔK value is at K = 4

rendelkezett a legmagasabb heterozigóta értékkel, a D állományban ennél kisebb mértékű beltenyésztettséget állapítottunk meg.

A Structure szoftver alapján a legvalószínűbb klaszterszám négy (2. ábra). K = 4 esetén a 16 magyarországi angus tenyészetből genetikailag meghatározott négy csoport a következő: kék: B (A-C-M), zöld: G (B-D-E-G-H-I), piros: R (F-J-L-N-O-P), illetve sárga: Y (K) (3. ábra).

3. ábra: Az állományok szerkezeti ábrázolása A-tól P-ig K= 4-nél



Az állatokat függőleges vonalak, a beazonosított csoportok arányait különböző színek ábrázolják. Azok az állományok, ahol a kék szín dominál: ACM. A vörös nagy részét az F-J-L-N-O-P populációk adják. A zöld színt: a B-D-E-G-H-I határozza meg. Sárga túlréprezentáltsága a K állományban. (1)

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 colors. Herds where the blue color 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. (1)

4. ábra: A főkomponens analízis eredménye

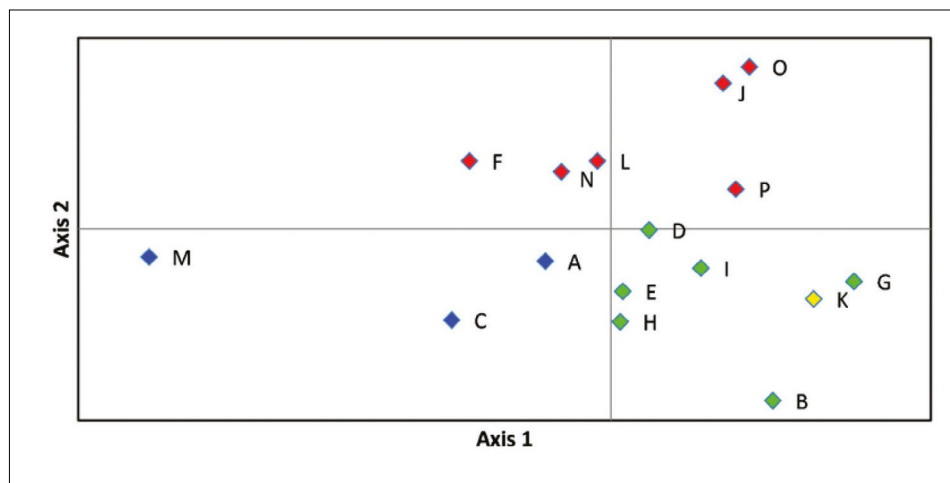


Figure 4. PCoA of the breeds, where axis 1 and 2 describe 33.68 and 17.88% of the total variance

Genalex 6.5 szoftverrel végzett főkomponens elemzés (PCA) alapján a fő koordinátadiagramokon (4. ábra), ahol az első és a második tengely a variancia 33,68%-át, illetve 17,88%-át teszi ki, az A-C-M és F-J-L-N-O-P állományokat a 3. ábrán megfigyelték szerint csoportosítottuk. Az első tengely különbözik a kék és zöld csoportoktól, míg a második elválasztja a pirosat a kéktől, és a pirosat a zöld jelzésű gazdaságoktól.

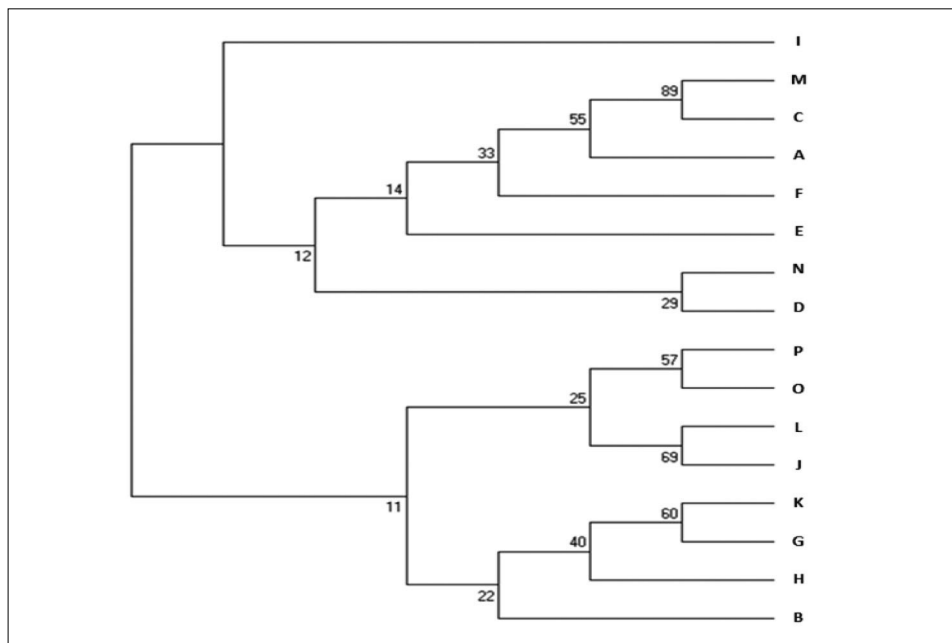
Az állományok csoportosítását három eltérő módszerrel határoztuk meg. A STRUCTURE szoftver négy genetikailag elkülönülő csoportot azonosított; ezek közül kettőt, az A-C-M-et és az F-J-L-N-O-P-t a főkomponens analízis is megerősítette. A filogenetikai fa is alátámasztotta az A-C-M csoport létezését 50-nél nagyobb bootstrap értékekkel.

A dendrogram (5. ábra) - Nei-féle genetikai távolsága alapján - ugyanarra az ágra helyezte az A-C-M csoportot, 50-nél nagyobb bootstrap értékekkel. A STRUCTURE szoftver és a főkoordináta-elemzés PCo segítségével azonosított F-J-L-N-O-P csoportból a J-L-O-P-ot is azonosítottuk.

Az az IBS érték, amelynél a hálózat egybefüggő maradt 0,624 volt. A kapcsolatok erősségét (vagy az élek súlyát) a párok IBS (élek) értéke határozza meg. A legmagasabb köztes centralitás értékkel rendelkező négy egyed - melyeket a 6. ábrán 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 voltak. Az angus tenyészetekben vizsgált állatok meghatározó központi egyedei az A állományból származtak. Ők rendelkeztek a legmagasabb köztes centralitás értékekkel a vizsgált egyedek között és a legmagasabb genetikai hasonlóságot mutatták más állatokkal és egymással is. Az A populáció egyedei genetikai hátterükben a legnagyobb mértékben hasonlítottak egymásra.

Az A állomány és a magyar merinói juhok (Zsolnai és mtsai, 2023) esetében ugyanazokkal a módszerekkel kapott hálózati mintázatok összehasonlításakor

5. ábra: A 16 angus populáció UPGMA módszerrel kapott dendrogramja



A számok a bootstrap értékeket jelzik. Az A, C és M állomány ugyanazon az ágon található, 50-nél nagyobb bootstrap értékkel. Az azonosított F-J-L-N-O-P csoportok közül a J, L, O és P állományokat is csoportosították. (1)

Figure 5: Neighbor-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. (1)

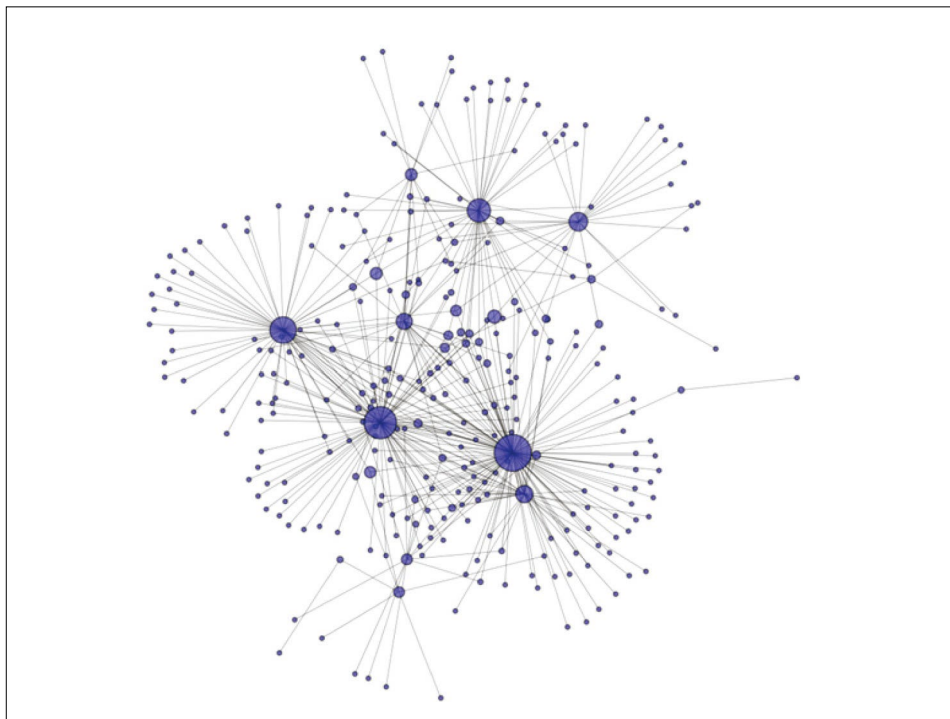
megfigyelhető volt a küllős kerékhez hasonló struktúra megjelenése. Az angus húsmarhák és a merinói juhok hasonló genetikai hálózati mintázatának oka az, hogy mindkettőt kereskedelmi célból tartják, így a termelési tulajdonságokra vonatkozó paraméterek elsődlegesek. Az ilyen küllős kerék-szerű mintázatok jellemzőek lehetnek a nagyüzemi fajtákra, és nem feltétlenül azokra a fajtákra, ahol a genetikai sokféleség fenntartása kiemelt fontosságú. Ez a feltételezés további vizsgálatokat igényel, amelyek túlmutatnak a jelenlegi tanulmány keretein.

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 genetikai csoportok meghatározott termelési- és teljesítmény adatainak vizsgálata, a klaszter analízissel kapott genetikai csoportok között összefüggést találtunk. Az A-C-M állományokban modern nagytestű kanadai és amerikai vonalakból származó angus bikákat és szaporítóanyagot részesítettek előnyben a termékenyítéshez. A alapító törzsállomány egyedei többnyire vörös színű változatok (több mint 95%), nagy testmérettel. Az M állomány a C tenyésztetből származó tenyészbikákkal termékenyített. Az F-J-L-N-O-P állományok

többnyire brit típusú hagyományos angus vörös színváltozatú egyedei. A termékenyítő bikák az A, C és D állományokból származó jellemzően vörös angus tenyészbikák. Az N állomány törzsalapítói az A és P állományokból származnak, az O állomány egyedei az N és P törzs leszármazottjai. A P törzsalapító tehenei német vörös angus ősokeket tartalmaznak. A vizsgált B-D-E-G-H-I csoportok ősei hagyományos brit típusú jellemzően fekete színű aberdeen angus szarvasmarhák. A termékenyítő bikák általában a D állományból kerültek ki, angliai aberdeen angus importból indult a fekete angus állomány. A vörös angus törzset blonde d'Aquitane állomány fajtaátalakító keresztezésével alakították ki. A negyedik csoport egy populációt tartalmaz, a K-t, amely limousin cseppvért is tartalmazott az állomány őseinek 20%-ában.

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 a kialakult csoportok között.

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



A 0,624 feletti ISB értékek az ábrán láthatóak. A csomópontok(egyedek)/körök az A állományból származó állatok, a kapcsolatok/élek pedig a csomópontok közötti páronkénti ISB értékek. A csomópontok/állatok átmérője arányos a köztes centralitással. (1)

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 pair wise IBS values between the nodes. The diameter of the nodes/animals is proportional to their betweenness centrality. (1)

A Kruskal-Wallis teszt alapján a mikroszatellit adatokkal meghatározott genetikai csoportok között szignifikáns eltérések mutatkoztak a születési súly, az első ellési életkor és a hasznos élettartam tekintetében. A Dunnett T3 teszt a csoportpárok között szignifikáns különbségeket igazolt ($p < 0,05$) (2. táblázat).

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.

2. táblázat:

A születési súly (kg), az első ellési életkor (nap), a megszületett borjak száma (egyed) és a hasznos élettartam (nap) átlagértékeinek és $\pm$ standard hibáinak megoszlása a klaszterezéssel azonosított négy csoport között (ACM, FJLNO, BDEGHI és K)

Vizsgált tulajdonság (1)	A-C-M	F-J-L-N-O-P	B-D-E-G-H-I	K
születési súly (kg) (2)	25,9 ^a ±2,7	29,3 ^b ±5,3	27,2 ^c ±4,4	27,6 ^{abc} ±5,9
első ellési életkor (nap) (3)	869 ^a ±206	829 ^b ±156	891 ^c ±226	945 ^{abc} ±320
megszületett borjak száma (4)	4,8 ^a ±3,6	5,9 ^b ±3,5	6,3 ^{bc} ±3,6	8,4 ^c ±4,1
hasznos élettartam (ezer nap) (5)	2,0 ^a ±1,5	2,2 ^a ±1,7	2,6 ^d ±1,5	3,6 ^c ±1,8

Az azonos sorban lévő különböző nagybetűs - a, b, c, d, e - átlagok szignifikánsan eltérnek egymástól $p < 0,05$ -nél (6)

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

examined trait (1); birth weight (2); age at first calving (day) (3); number of calves born (4); productive lifespan (1000 day) (5); means with different capital letters in the same row - a, b, c, d, e - are significantly different from each other at $p < 0.05$ (6)

Az USA-ban a legtöbb húshasznú vemhes üsző (például angus, hereford, charolais) esetében az első ellés 22-24 hónapos korban várható (Morris, 1980; Nunez-Dominguez és mtsai, 1991).

Brzákóvá és mtsai (2020) kutatásukban a cseh húsmarha populációban az első ellési életkor és az első ellési utáni borjazási időköz genetikai paramétereinek becslésekor alacsony vagy közepes öröklődhetőségi értéket tapasztaltak. Az angus üszők első ellési életkora átlagosan 756,1 nap volt. Dákay és mtsai (2006) tanulmányai alapján az angus üszők első ellési életkora átlagosan 2,76 év (1007 nap), míg a hasznos élettartamuk 8,28 év (3022 nap) volt. A későbbi vizsgálatok során a magyarországi angus tehenek termelési élettartamát 8,14 re (2971 nap) becsülték (Szabó és Dákay, 2008). Ez az intervallum kissé rövidebb a jelen tanul-

mányban szereplő K csoport hasznos élettartamához viszonyítva, de meghaladja a másik három csoport eredményeit.

4. Következtetések javaslatok

Tekintettel arra, hogy korábban a magyarországi angus állományok genetikai szerkezetére vonatkozóan nem készültek vizsgálatok, a kapott eredményeket az MHAGTE beépítheti a fajta genetikai sokféleségének védelmét és megőrzését célzó, folyamatban lévő és jövőbeni tenyésztési programjába. Az azonosított csoportok közötti, a vizsgált értékmérő tulajdonságokban mutatkozó különbségek azonosítása megnyithatja az utat egy jövőbeli genomi szelekció célzott és hatékony felhasználásához. Például az A-C-M állományok a születési súly, az első ellési életkor és a hasznos élettartam tulajdonságokban jelentős javításra szorulnak.

5. Felhasznált irodalom

- Alsalh, M. A. – Bakai, A. – Feyzullaev, F. R. – Mehanna, N. M. (2021): Comparative characteristics of the genetic structure of the Syrian cattle breed compared to Holstein and Aberdeen-Angus breeds. *J. Adv. Vet. Anim. Res.*, 8. 339–345. <https://doi.org/10.5455/javar.2021.h520>
- Amigues, Y. – Boitard, S. – Bertrand, C. – Leveziel, H. (2011): Genetic characterization of the Blonde d'Aquitaine cattle breed using microsatellite markers and relationship with three other French cattle populations. *J. Anim. Breed. Genet.*, 128. 201–208. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2010.00890.x>
- Anton, I. – Kovács, K. – Fésüs, L. – Várhegyi, J. – Lehel, L. – Hajda, Z. – Polgár, J. P. – Szabó, F. – Zsolnai, A. (2008): Effect of DGAT1 and TG gene polymorphisms on intramuscular fat and on milk production traits in different cattle breeds in Hungary. *Acta Vet. Hung.*, 56. 181–186. <https://doi.org/10.1556/avet.56.2008.2.5>
- Anton, I. – Kovács, K. – Holló, G. – Fésüs, L. – Szabó, F. – Zsolnai, A. – Solti, L. – Rátky, J. (2011): Effect of leptin, DGAT1 and TG gene polymorphisms on the intramuscular fat of Angus cattle in Hungary. *Liv. Sci.*, 135. 300–303. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.07.012>
- Bailey, C. B. – Mears, G. J. (1990): Birth weight in calves and its relation to growth rates from birth to weaning and weaning to slaughter. *Can. J. Anim. Sci.*, 70. 167–173. <https://doi.org/10.4141/cjas90-019>
- Bene Sz. – Hampl N. – Lendvay M. – Szabó F. (2013): Extenzív körülmények között tartott, eltérő genotípusú húsmarha állomány reprodukciós teljesítménye 1999-2011 között. *Állatteny. Tak.*, 62. 124–135.
- Bhargava, A. – Fuentes, F. F. (2010): Mutational dynamics of microsatellites. *Mol. Biotechnol.*, 44. 250–266. <https://doi.org/10.1007/s12033-009-9230-4>
- British Cattle Movement Service (2023): Registration several Aberdeen Angus as Britain's most popular cattle breed.
- Brzákóvá, M. – Čitek, J. – Svitáková, A. – Veselá, Z. – Vostrý, L. (2020): Genetic parameters for age at first calving and first calving interval of beef cattle. *Animals*, 10. 2122. <https://doi.org/10.3390/ani10112122>
- Carruthers, C. R. – Plante, Y. – Schmutz, S. M. (2011): Comparison of Angus cattle populations using gene variants and microsatellites. *Can. J. Anim. Sci.*, 91. 81–85. <https://doi.org/10.4141/CJAS10058>

- Casas, E. – Thallman, R. M. – Cundiff, L. V. (2012): Birth and weaning traits in crossbred cattle from Hereford, Angus, Norwegian Red, Swedish Red and White, Wagyu, and Friesian sires. *J. Anim. Sci.*, 90. 2916–2920. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4694>
- Coleman, L. – Back, P. – Blair, H. – López-Villalobos, N. – Hickson, R. (2021): Sire effects on birth weight, gestation length, and pre-weaning growth of beef-cross-dairy calves: a case study in New Zealand. *Dairy*, 2. 385–395. <https://doi.org/10.3390/dairy2030030>
- Dákay, I. – Márton, D. – Bene, Sz. – Kiss, B. – Zsuppán, Zs. – Szabó, F. (2006): The age at first calving and the longevity of beef cows in Hungary. *Arch. Tierz.*, 49. 417–425. <https://doi.org/10.5194/aab-49-417-2006>
- Earl, D. A. – von Holdt, B. M. (2012): STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.*, 4. 359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- Evanno, G. – Regnaut, S. – Goudet, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.*, 14. 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- Guichoux, E. – Lagache, L. – Wagner, S. – Chaumeil, P. – Léger, P. – Lepais, O. – Labbé, P. – Pouzat, P. – Petit, R. J. (2011): Current trends in microsatellite genotyping. *Mol. Ecol. Resour.*, 11. 591–611. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2011.03014.x>
- Hine, B. C. – Bell, A. M. – Niemeyer, D. D. O. – Duff, C. J. – Butcher, N. M. – Dominik, S. – Ingham, A. B. – Colditz, I. G. (2019): Immune competence traits assessed during the stress of weaning are heritable and favorably genetically correlated with temperament traits in Angus cattle. *J. Anim. Sci.*, 97. 4053–4065. <https://doi.org/10.1093/jas/skz260>
- Horn A. – Szmodits T. – Bodó L. (1959): Kísérletek az angus és magyartarka szarvasmarha haszonállat-előállító keresztezésére. *Állatteny.*, 1. 43–53.
- Hubisz, M. J. – Falush, D. – Stephens, M. – Pritchard, J. K. (2009): Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Mol. Ecol. Resour.*, 9. 1322–1332. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x>
- Karamfilov, S. (2022): Study on the temperament of cows of the Aberdeen Angus cattle breed. *Czech J. Anim. Sci.*, 67. 8–14. <https://doi.org/10.17221/88/2021-CJAS>
- Klungland, H. – Vage, D. I. – Gomez-Raya, L. – Adalsteinsson, S. – Lien, S. (1995): The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mamm. Genome*, 6. 636–639. <https://doi.org/10.1007/BF00352371>
- Kuehn, L. (2010): Relationships of beef breeds using the 50k chip. USDA-ARS, US Meat Animal Research Center, Clay Center, NE, USA, 1–2.
- Laudert, SB. (2014): Factors that determine feedlot profit. *Beef Magazine*. [Internet]
- Lozada-Soto, E. A. – Maltecca, C. – Lu, D. – Miller, S. – Cole, J. B. – Tiezzi, F. (2021): Trends in genetic diversity and the effect of inbreeding in American Angus cattle under genomic selection. *Genet. Sel. Evol.*, 53. 50. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00644-z>
- Macdonald, J. – Sinclair, J. (1910): History of Aberdeen-Angus cattle. Revised edition. London, UK: Vinton & Company Ltd.; 1910.
- Machugh, D. E. – Loftus, R. T. – Bradley, D. G. – Sharp, P. M. – Cunningham, P. (1994): Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proc. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.*, 256. 25–31. <https://doi.org/10.1098/rspb.1994.0044>
- Mahgoub, O. – Babiker, H. A. – Kadim, I. T. – Al-Atiyah, W. A. – Gooneratne, R. (2013): Disclosing the origin and diversity of Omani cattle. *Anim. Genet.*, 44. 336–339. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02399.x>

- McLean, K. L. – Schmutz, S. M. (2009): Associations of melanocortin 1 receptor genotype with growth and carcass traits in beef cattle. *Can. J. Anim. Sci.*, 89. 295–300. <https://doi.org/10.4141/CJAS08094>
- Montoya, A. E. – Cerón-Muñoz, M. F. – Moreno, M. A. – Soto, A. – Martínez, G. (2010): Genetic characterization of the Hartón del Valle, Angus, Brangus, Holstein, and Senepol cattle breeds in Colombia, using ten microsatellite markers. *Rev. Colomb. Cienc. Pec.*, 23. 283–291.
- Moreno-Sierra, A. M. – Cerón-Muñoz, M. F. – Soto-Calderón, I. D. (2020): Population genetic structure of two herds of Aberdeen Angus cattle breed in Colombia. *Rev. Colomb. Cienc. Pec.*, 34. 278–290. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v34n4a05>
- Morris, C. A. (1980): 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.*, 48. 655–676.
- Nikolov, V. – Karamfilov, S. (2020): Growth of female calves of the Aberdeen Angus cattle breed reared in an organic farm. *Sci. Papers Ser. D. Anim. Sci.*, 63. 60–66.
- Nunez-Dominguez, R. – Cundiff, L. V. – Dickerson, G. E. – Gregory, K. E. – Koch, R. M. (1991): Lifetime production of beef heifers calving first at two vs three years of age. *J. Anim. Sci.*, 69. 3467–3479. <https://doi.org/10.2527/1991.6993467x>
- Peakall, R. – Smouse, P. E. (2006): Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes*, 6. 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>
- Szabó, F. – Dákay, I. (2008): 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>
- Szűcs, M. – Szabó, F. – Bán, B. – Józsa, Cs. – Rózsa, L. – Zsolnai, A. – Anton, I. (2019): Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationship of Limousin herds in Hungary using microsatellite markers. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.*, 32. 176–182. <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0164>
- Tamura, K. – Stecher, G. – Kumar, S. (2021): MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.*, 38. 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Wiener, P. – Burton, D. – Williams, J. L. (2004): Breed relationships and definition in British cattle: a genetic analysis. *Heredity*, 93. 597–602. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800566>
- Wolfger, B. – Quinn, C. – Torres, G. W. – Taylor, M. – Orsel, K. (2016): Comparison of feeding behavior between black and red Angus feeder heifers. *Can. J. Anim. Sci.*, 96. 404–409. <https://doi.org/10.1139/cjas-2014-0161>
- Zsolnai, A. – Fésűs, L. (1996): Simultaneous analysis of bovine K-casein and BLAD alleles by multiplex PCR followed by parallel digestion with two restriction enzymes. *Anim. Genet.*, 27. 207–209. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1996.tb00954.x>
- Zsolnai, A. – Kovács, A. – Anton, I. – Benedek, J. – Brüssow, K. P. – Vigh, A. (2014): Comparison of different Hungarian grey herds as based on microsatellite analysis. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 32. 121–130.
- Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L. – Mezőszentgyörgyi, D. – Anton, I. (2023): Position of Hungarian Merino among other Merinos, within-breed genetic similarity network and markers associated with daily weight gain. *Anim. Biosci.*, 36. 10–18. <https://doi.org/10.5713/ab.21.0459>

Szerzők címe: Márton, J.*

Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete

Authors' address: Hungarian Hereford, Angus, Galloway Association

H-7400 Kaposvár, Dénesmajor 2.

*levelező szerző, e-mail: martonjuditsuti@gmail.com

Szabó, F.

Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar

Széchenyi István University, Albert Kázmér Faculty of Agriculture and

Food Sciences

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

Zsolnai, A. - Anton, I.

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campus

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Kaposvár Campus

H-7400 Kaposvár, Guba Sándor utca 40.