

A növendék húsmarhák takarmányhasznosítását befolyásoló biológiai sajátosságok, és szelekciós lehetőségek

Biological characteristics influencing feed efficiency in growing beef cattle and selection possibilities

DEMÉNY Márton János – SZÚCS Márton – TŐZSÉR János

ÖSSZEFOGLALÁS

Az állat takarmányhasznosítása a fejlődésben lévő szarvasmarhák esetében (azaz az állat képessége, hogy a legkevesebb takarmányfelvétellel elérje a piaci vagy felnőttkori testtömegét), kulcsfontosságú tényező a húsmarha ágazatban. A takarmányozás tudományterületein hatalmas előrelépést tettek, az állatok átlagos takarmányhasznosítását befolyásoló emésztési sajátosságok megértése terén. A hasonló körülmények között nevelt húsmarháknál a takarmányhasznosítás esetében azonban jelentős az egyedek közötti eltérés, melynek oka még mindig nem teljesen ismert. A tanulmány célja bemutatni a takarmányhasznosításban tapasztalható különbségek biológiai és genetikai hátterét, különös tekintettel a maradék takarmányfelvétel (Residual Feed Intake, RFI) szempontjából fenotipizált növésben lévő húsmarhák esetében.

Kulcsszavak: növendék húsmarha, takarmányhasznosítás, RFI, biológiai sajátosságok

SUMMARY

Feed conversion in growing cattle (i.e., the animal's ability to reach market or adult body weight with the least amount of feed intake) is a key factor in the beef cattle industry. Huge advances have been made in the field of animal nutrition, particularly in understanding the digestive characteristics that influence average feed conversion in animals. However, there are significant differences in feed conversion between individuals raised under similar conditions, the reasons for which are still not fully understood. The aim of this study is to present the biological and genetic background of differences in feed conversion, with particular emphasis on beef cattle phenotyped for residual feed intake (RFI) during growth.

Keywords: growing beef cattle, feed conversion, RFI, biological characteristics

1. Bevezetés

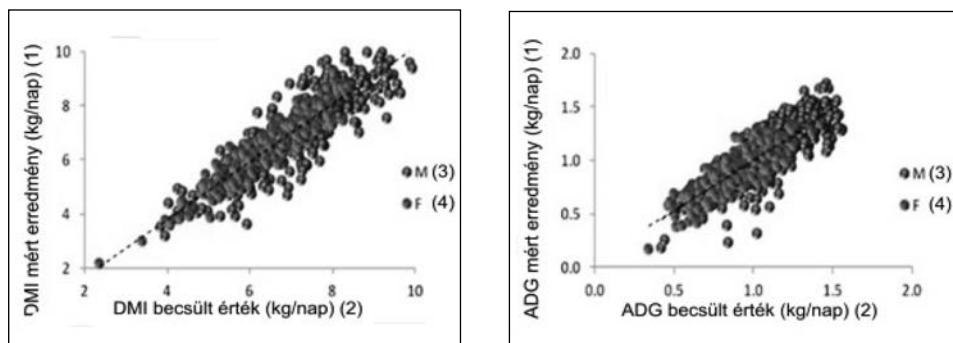
A húsmarha ágazat számára fontos kérdés, hogy azonos körülmények között nevelt állatok miért különböznek ilyen mértékben a takarmányhasznosítás szempontjából. Az eddigi kutatások alapján arra lehet következtetni, hogy a takarmányhasznosítás és az azt befolyásoló tényezők egyaránt a szárazanyag-bevitellel (Dry Matter Intake, DMI) együtt változnak, ami arra utal, hogy az anyagcsere energiaigényes folyamatai lehetnek a takarmányhasznosítást befolyásoló tényezők hátterében.

A kérődzők képesek az ember számára nem fogyasztható takarmányt (pl. fűfélék, cellulózban gazdag melléktermékek) kiváló minőségű, ember számára fogyasztható élelmiszerré (pl. hús, tej) alakítani. A kérődzők ezen egyedülálló képessége azonban - különösen a növésben lévő szarvasmarhák esetében - alacsony konverziós hatékonyságú, továbbá N-szennyezéssel és az üvegházhatású gázok kibocsátásával jár. Az állatifehére-tartalmú élelmiszerek iránti növekvő emberi igény, a természeti erőforrások szűkössége és a környezetünk megővésének szükségessége miatt egyre nagyobb kihívást jelent a takarmányforrások állati termékekké történő átalakításának folyamata.

A takarmányhasznosítás egy összetett és több tényező által befolyásolt értékmérő tulajdonság. Jelenleg két különböző mérőszámot használnak a takarmányhasznosítás mérésére, növendék húsmarhák esetében. A marhahúsipar hagyományosan a felhasznált takarmány mennyisége és az állat súlygyarapodása közötti arányt, az úgynevezett takarmányértékesítő képesség (Feed Conversion Ratio, FCR) használja. Annak ellenére azonban, hogy az FCR hasznos mutató a termelési hatékonyságot befolyásoló gazdálkodási gyakorlatok értékelésére, ma már megkérdőjelezhető tulajdonság a genetikai szelekcióban, mivel az arányosított tulajdonságokra történő szelekció, mint amilyen az FCR is, eltérő és előre nem látható eredményeket hozhat a származtatott, mért tulajdonságok változásában (Zetouni és mtsai, 2017), mely kiszámíthatatlan összefüggéshez vezethet a takarmányfelvétellel kapcsolatban (Arthur és Herd, 2012).

A második mérőszám a tényleges takarmányfelvétel, és az életfenntartáshoz és súlygyarapodáshoz szükséges várható takarmányszükséglet közötti különbség, amelyet maradék takarmányfelvételnak (Residual Feed Intake, RFI) nevezünk. A maradék takarmányfelvétel olyan istállórendszerekben vizsgálható, ahol egyedi azonosítás mellett mérleggel ellátott etetővályú segítségével mérhető az egyedek pontos takarmányfelvétele. A takarmányösszetétel pontos ismeretében kiszámítható a vizsgálati időszakban az állatokra vonatkozó DMI, melyből az RFI számítás során kivonják a számított vagy várt DMI értékét. A várt értéknél alacsonyabb DMI bevittel rendelkező állatok hatékonyabbnak tekinthetők, mivel a számítások szerinti várható értéknél kevesebb takarmányt vesznek fel. A maradék takarmányfelvétel az utóbbi években egyre népszerűbb mérőszámmá vált, főként a szarvasmarha nemesítők körében, mivel fenotípusos korrelációja nem mutat összefüggést a testtömeggyarapodással és az állat méretével. Mivel a takarmányhasznosítás az állat végsúlyától független mérőszám, az a meggyőződés alakult ki, hogy az RFI eltérései a termelés hatékonyságát meghatározó alapvető anyagcsere folyamatok eredendő eltéréseit jelenthetik (Archer és mtsai, 1999). Az RFI-t azonban a szakma általánosságban kevésbé fogadta el, főként

1. ábra: A szárazanyagfelvétel és a napi testtömeggyarapodás mért, és becscült értékei közötti különbségek Nellore húsmarhák esetében (Ceacero és mtsai, 2016)



M = hímivar (3); F = nőivar (4)

Figure 1: Differences between observed and predicted values for dry matter intake and average daily gain in Nellore beef cattle (Ceacero et al, 2016)

observed DMI (1); predicted DMI (2); male (3); female (4)

azért, mert az RFI szempontjából kiválóan minősített állatok, esetenként lassú növekedésűek is lehetnek (Berry és Crowley, 2013).

A takarmányhasznosítás állatok közötti eltérésének biológiai meghatározói még feltárás alatt vannak, de több okból is szükséges megérteni az RFI-t befolyásoló tényezőket (Richardson és mtsai, 2004). Egyfelől megismerhetjük a takarmányhasznosításra való szelekció mellékhatásait az értékmérő tulajdonságokra, (pl. szaporaság, ellenálló-képesség; Rauw és mtsai, 1998), mely segíthet a tenyésztési programok tervezésében. Másfelől új gazdálkodási stratégiákat alakíthatunk ki, melyek célja a takarmányhasznosítás szempontjából nem hatékony állatok teljesítményének javítása és a takarmányadagok összeállításának összehangolása az állatok egyedi igényeivel. Továbbá lehetőség nyílna olcsó és gyors módszerekkel (pl.: biomarkerek), az egyedek genetikai és gazdálkodási célú rangsorolására, a takarmányhasznosítás mérése nélkül. A takarmányhasznosítás egyedek közötti eltérésének hátterében álló biológiai folyamatok tanulmányozása az elmúlt 15 évben intenzívebbé vált. A legtöbb ilyen vizsgálat célja azoknak a meghatározó tényezőknek és molekuláris alapoknak a vizsgálata volt, amelyek megmagyarázzák, hogy hasonló körülmények között nevelt, összehasonlítható állatok takarmányhasznosítása miért különbözik egymástól. Más vizsgálatok pedig a fenotípus előrejelzésére szolgáló biomarkerek felfedezését tűzték ki célul.

2. Takarmányfelvételi szokások és fizikai aktivitás

A takarmányfelvételt a felvett takarmány mennyisége és a felvétel gyakorisága határozza meg, amit fizikai és metabolikus mechanizmusok szabályoznak, a meghatározó táplálkozási és takarmányozási szokásoktól függően (Fitzsimons és mtsai, 2017).

Az RFI szempontjából hatékony és kevésbé hatékony húsmarhák között jelentős fenotípusos különbségek figyelhetők meg a szárazanyag felvételben (Kelly

és *mtsai*, 2010; *Fitzsimons és mtsai*, 2013, 2014), ami a táplálkozási viselkedés takarmányhasznosításban betöltött szerepét jelzi. Ugyanakkor a táplálkozással járó aktivitás jelentős energiafelhasználást jelent (*Fitzsimons és mtsai*, 2017). A táplálkozás időtartama és sebessége az RFI függvényében változik. Például nagy RFI-értékű szarvasmarhák arányosan 12%-al több időt töltöttek evéssel, és 17%-al nagyobb szárazanyag bevitelük volt, mint az alacsony RFI-vel rendelkező társaiknak (*Kenny és mtsai*, 2018). Az RFI és a táplálkozási események közötti kapcsolatot befolyásolhatja a takarmány típusa is.

A fizikai aktivitás szintén befolyásolja az energiafelhasználást. A magas RFI-vel rendelkező állatok gyakrabban álltak takarmányfogyasztás nélkül a vályúnál, mint alacsony RFI-értékű társaik (*Kelly és mtsai*, 2010). Az RFI-fenotípusok közötti viselkedési különbségek istállózott és legeltetési körülmények között egyaránt megfigyelhetők, de ellentmondásos eredményeket mutatnak (*Lawrence és mtsai*, 2012; *Kenny és mtsai*, 2018).

A legtöbb kutatás istállózott állatokon történt, ahol a takarmányfelvételt könnyebben lehetett mérni az automatizált rendszerek segítségével. Legeltetési körülmények között viszont kevés adat áll rendelkezésre (*Lawrence és mtsai*, 2012). Ugyanakkor, a genotípus és a környezet közötti kölcsönhatás befolyásolja az RFI értékelését. Például különböző takarmányok mellett, azonos RFI-vel rendelkező állatok, különböző takarmányfelvételi mintázatot mutathatnak (*Oliveira és mtsai*, 2016; *Manafiazar és mtsai*, 2015).

Egyes kutatások szerint zárt tartásban a kis és nagy RFI értékű szarvasmarhák közötti különbségek főként a takarmányfelvételt tükrözik, míg legeltetési körülmények között ezek a hatások kevésbé ismertek. A pontosabb mérések érdekében olyan rendszerek alkalmazhatók, amelyekben lehetséges az első növedékből származó réti széna takarmányozása mellett a takarmányhasznosítást és a takarmányfogyasztást vizsgálni (*Coyle és mtsai*, 2016, 2017).

3. Emészthetőség és metánkibocsátás

A takarmány állati terméké történő alakítása során az emészthetőség és a metánkibocsátás korlátozó tényezői az emésztés során felszabadult energia hasznosításának. Mivel a metántermelés (g CH₄/nap) lineárisan összefügg a szárazanyag-felvétellel (DM-bevitel), a szarvasmarhák alacsony RFI-re történő szelekciója csökkentheti a metántermelést anélkül, hogy az állatok növekedési erélye csökkenne (*Basarab és mtsai*, 2013).

Ugyanakkor az alacsonyabb RFI-vel rendelkező állatok esetében nem mindig figyelhető meg kisebb metántermelés. Ennek lehetséges okai: 1. Az eltérő RFI-vel rendelkező szarvasmarhák között nincs mindig különbség a DM-bevitelben, amikor az emészthetőséget az RFI-vizsgálati időszakon kívül mérik (*Jones és mtsai*, 2011). 2. Az alacsony RFI értékkel rendelkező állatoknak akár 4%-kal is jobb lehet a szárazanyag (DM) emésztő képessége, ami növeli a fermentációhoz és a metanogenezishez rendelkezésre álló szubsztrát mennyiségét takarmány egységeként (*Bonilha és mtsai*, 2017).

Richardson és Herd (2004) szerint az emésztési folyamatok az RFI varianciájá-

2. ábra: A metánkibocsátás csökkentése a takarmányhasznosítás javításával (Grainger és mtsai, 2007)

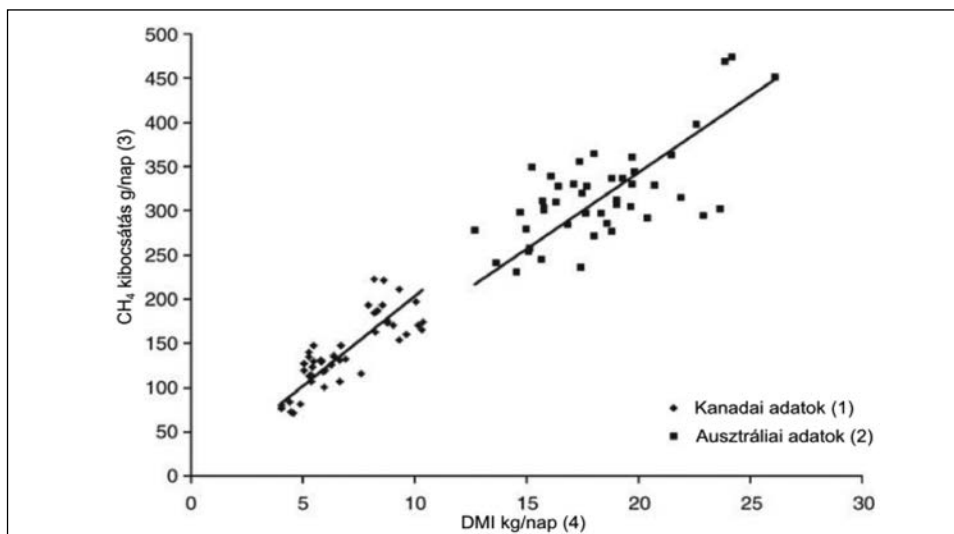


Figure 1: Reducing methane through improved feed efficiency (Grainger et al, 2007)
Canadian data (1); Australian data (2); CH₄ emission g/day (3); dry matter intake kg/nap (4)

nak legalább 10%-áért felelősek. Meta-analízis során, amely az eltérő RFI értékkel rendelkező szarvasmarhák takarmányfelvételi és emészthetőségi adatait értékelte, negatív korrelációt mutattak ki a DM emészthetőség és a DM bevitel között (Sauvant és Nozière, 2016). Ez arra utal, hogy a kisebb RFI-értékhez kapcsolódó nagyobb DM emészthetőség leginkább az alacsonyabb DM bevitel következménye lehet.

Az alacsony RFI-vel rendelkező szarvasmarhák esetében nem mutathatók ki következetes eltérések a metántermelésben (MY: methane yield), melynek mértékegysége: CH₄(g)/DMI(kg). Ez azért lehet, mert az alacsonyabb metánkibocsátás ellenére a MY nem feltétlenül csökken. Sőt, az alacsonyabb takarmányfelvétel szintje gyakran növeli a MY-t, ahogyan azt szélsőséges RFI-értékkel rendelkező húsmarháknál megfigyelték (Herd és mtsai, 2016). Bár az alacsony RFI-értékű állatok esetében kisebb bendőméretet és rövidebb bendőemésztési időt mutattak ki (Fitzsimons és mtsai, 2014; Rius és mtsai, 2012), a metántermelés és a takarmányhasznosítás közötti kapcsolat nem teljesen egyértelmű.

4. Metántermelés és genetikai szelekció

A metántermelés (MY) genetikai szabályozottsága lehetőséget ad arra, hogy a MY csökkentésére irányuló szelekcióval növeljük az energiafelvétel hatékonyságát. Egy adott állományon belül az alacsony RFI-vel és alacsony MY-val rendelkező egyedek kiválasztása célzott tenyésztési stratégiákhoz vezethet (Donoghue és mtsai, 2016). Az ilyen szelekció ugyanakkor kihívásokkal is jár, például a MY és más tulajdonságok közötti esetleges kedvezőtlen genetikai összefüggések miatt.

A reziduális metán (az egyed metántermelése az előre jelzett kibocsátáshoz

képest) mint szelekciós cél jelentős előrelépést kínálhat a metánkibocsátás csökkentésére. Ez az érték erősen korrelál a metántermeléssel ($r = 0,82-0,95$), de független a DM-beviteltől, és csak gyenge kapcsolatot mutat a termelési tulajdonságokkal (*Herd és mtsai*, 2014).

Az állatok közötti genetikailag meghatározott eltérések, szelekció révén, lehetőséget nyújtanak a metánkibocsátás csökkentésére. Az RFI-re és a reziduális metánra történő szelekció együttes alkalmazása csökkentheti a kibocsátás mértékét mind egyedenként, mind teljes állományok esetében. Az emészthetőség javítása ugyanakkor kompromisszumokat eredményezhet a metántermelés (MY) növekedése révén, ami óvatos egyensúlyozást igényel a tenyésztési és környezetvédelmi célkitűzések között.

5. Bendő mikrobiom

A takarmányhasznosítás és a bendő mikrobiom közötti kapcsolatot vizsgálva a kutatások azt igazolták, hogy az állatok azonos takarmányozási és környezeti feltételek mellett is egyedi mikrobiális összetétellel rendelkeznek (*Jami és Mizrahi*, 2012). *Guan és mtsai* (2008) elsők között kezdték el a bendő mikrobiális összetétele és a takarmányhasznosítás közötti összefüggések vizsgálatát. Azóta további vizsgálatok igazolták, hogy bizonyos mikrobiális változások összefüggésbe hozhatók az eltérő takarmányhasznosítási fenotípusokkal. Például bizonyos bakteriális fajok, mint a *Succinivibrio sp.*, *Eubacterium sp.* és *Robinsoniella sp.*, kapcsolatba hozhatók a maradék takarmányfelvétellel, bár ez az összefüggés érendfüggő (*Pope és mtsai*, 2011).

A jobb takarmányhasznosítással rendelkező állatok bendőjében kevésbé változatos metanogén baktérium flóra található, ami arra utal, hogy a mikrobák kevesebb szubsztrátot használnak fel saját szaporodásukhoz, így több tápanyag áll a gazdaszervezet rendelkezésére. Ez a megfigyelés megkérdőjelezi azt az általános feltételezést, hogy a nagyobb mikrobiális diverzitás mindig előnyös (*Zhou és mtsai*, 2010; *Carberry és mtsai*, 2012).

A bendőmikrobiom genetikai alapjainak vizsgálata során kiderült, hogy annak bizonyos elemei örökölhetők, különösen a *Firmicutes* törzsbe tartozó baktériumok, amelyek jelentős szerepet játszanak a rostok lebontásában és a szénhidrát anyagcserében. Ez a felismerés új tenyésztési stratégiák kialakításához vezethet, amelyek célja a takarmányhasznosítás javítása lehet a bendőmikrobiom optimalizálásán keresztül (*Li és mtsai*, 2017).

Az állatok közötti genetikai eltérések és a bendőmikrobiom individualizált összetétele együttesen hatással vannak a takarmányhasznosításra. Bár a mikrobiális összetétel és a takarmányhasznosítás közötti kapcsolat még nem teljesen tisztázott, a kutatások azt mutatják, hogy a mikrobiális diverzitás csökkentése és a „felesleges” mikrobiális aktivitás mérséklése hozzájárulhat az energiahatékonyság növeléséhez. A jövőbeni vizsgálatok célja ennek a kapcsolatnak a pontosabb feltárása, nagyobb állományméret és reprezentatív mintavétel mellett, figyelembe véve a gazdaszervezet genetikai és fiziológiai jellemzőit is.

6. Energiaforgalom

6.1. Az állat szervezete szintjén

Richardson és Herd (2004), valamint *Herd és Arthur* (2009) vizsgálataik következtetéseként az alacsony RFI értékkel rendelkező vonalak életfenntartásra fordított energiaszükségletének csökkentését hangsúlyozták. Azonban kevés adat áll rendelkezésre az eltérő RFI-vonalak energiahatékonyságáról. Húsmarháknál csupán néhány tanulmány mérte az oxigénfogyasztás alapján a hőtermelést (*Nkrumah és mtsai*, 2006; *Chaves és mtsai*, 2015), miközben az emésztés és egyéb kulcsfontosságú mechanizmusok vizsgálata gyakran elmaradt. A kísérletek korlátait tovább növelik a kis statisztikai különbségek és módszertani pontatlanságok. Mindezek ellenére bizonyították, hogy az alacsony RFI-vel rendelkező állatok életfenntartásra fordított energiaszüksége alacsonyabb, és a metabolizálható energia (ME) felhasználásuk hatékonyabb.

Az életfenntartáshoz szükséges ME felhasználást sertések esetében vizsgálták, ahol az alacsony RFI-vel rendelkező malacoknál 10%-os életfenntartáshoz szükséges ME szükséglet csökkenést állapítottak meg (*Barea és mtsai*, 2010). Ezek az eredmények hasonlóak a húsmarhákban végzett megfigyelésekkel, amelyek szintén alacsonyabb ME szükségletet és magasabb metabolikus energiahatékonyságot mutattak (*Castro Bulle és mtsai*, 2007; *Fitzsimons és mtsai*, 2013).

Nkrumah és mtsai (2006) kimutatták, hogy az alacsony RFI értékű ökrök ME felhasználása a növekedés során hatékonyabb. Az alacsony RFI-vel rendelkező állatok nemcsak kevesebb energiát igényelnek életfenntartásukhoz, hanem hatékonyabban hasznosítják a takarmányt a növekedéshez. Ezzel az energia-takarékossággal kisebb metánkibocsátás (24% - 28%-kal kevesebb) és jobb takarmányértékesítés is együtt jár.

6.2. Sejtszinten

Az energiafelhasználás állatok közötti eltérései több sejtszintű folyamat működéséből erednek, mint például az ionpumpálás, a mitokondriális protonszivárgás, a pajzsmirigy (T3, T4) hormonok hatása, és a fehérjeforgalom (*Johnson és mtsai*, 2003). A mitokondriumok szerepe kiemelkedő az ATP-termelésben, ahol az oxidatív foszforiláció során a protonáramlás hőtermelést és ATP-szintézist eredményez. *Bottje és Carstens* (2009) hatékonyabb mitokondriális működést találtak brojler csirkék esetében, ahol az alacsony RFI-vel rendelkező állatoknál, kisebb mértékű elektronszivárgást és reaktív oxigéngyökök (ROS) képződését figyelték meg sejten belül.

Az alacsony RFI-vel rendelkező állatok izomrosttípus eloszlásának és oxidatív aktivitásának változásai is hozzájárulnak az energiahatékonysághoz (*Gilbert és mtsai*, 2007). *Kong és mtsai* (2016) kimutatták, hogy az alacsony RFI-vel rendelkező állatok bendőhámjában magasabb az oxidatív foszforilációval összefüggő gének expressziója, bár sejtenként a mitokondriális genom transzkripció 26%-kal alacsonyabb volt. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy a hatékonyabb energiafelhasználás sejtszinten jelentősen befolyásolja az állatok RFI-vel kapcsolatos fenotípusait.

7. Fehérjeforgalom

A fehérjeforgalom a fehérjék lebomlásának és szintézisének folyamatos egyensúlyát jelenti, amely biztosítja a sejtműködéshez szükséges aminosav ellátást. Növendék állatoknál a fehérjeszintézis mértéke meghaladja a fehérjebontást, így a fehérjeforgalom közvetlenül a bontás intenzitásával jellemezhető. *Lobley és mtsai* (2000) kimutatták, hogy fiatal hízbikáknál a teljes test fehérjeszintézisének 94%-a a fehérjebontás kompenzálására szolgál.

A fehérjeforgalom jelentős energiaszükségletet igényel, amely a teljes energiafelhasználás 23%-a is lehet (*Caton és mtsai*, 2000). A fehérje turnover, a fehérjék pótlására vonatkozó mutató, amely a szabad aminosavakból képződő (FRS – frakcionális szintézis), és az aminosavakra bomló testfehérjék (FRD – frakcionális degradáció) mennyiségének összegéből számolható, mértékegysége pedig a naponta kicserélődött fehérjetömeg %-ban kifejezve (*Halas*, 2011). A fehérje turnover ezért általában az életfenntartáshoz szükséges energiaszükséglet egyénenként eltérő általános mutatójának tekintik (*Hawkins*, 1991). Ez a fehérjeforgalom az életfenntartás energiaszükségletének és az RFI értéknek (*Richardson és Herd*, 2004) meghatározó mutatója.

A takarmányértékesítő képesség javításának leghatékonyabb módja a fehérjebontás mértékének csökkentése lenne, ezt azonban a szakirodalom nem minden esetben támasztja alá. Egyes vizsgálatok szerint a takarmányértékesítésben hatékony állatok alacsonyabb fehérjeforgalmú „stratégiát” alkalmaznak, míg más tanulmányok növekedést jeleztek a fehérjebontási rátában. Ez a különböző módszerek, takarmányértékesítést jelző indexek és fajspecifikus különbségek eredménye lehet (*Oddy és mtsai*, 1998; *McDonagh és mtsai*, 2001).

Az állatok energiafelhasználására és takarmányértékesítésére a fehérjeforgalom eltérései komoly hatással lehetnek, amelyeket genetikai és hormonális szabályozás is befolyásol. A jövőbeli vizsgálatok hozzájárulhatnak a fehérjeforgalom és a takarmányértékesítés közötti összefüggések részletesebb megértéséhez.

8. Testösszetétel

A szarvasmarhák testösszetétele jelentősen befolyásolja a tápanyagszükségletet és az energia hatékonyságot. Az életkor és a vágósúly növekedésével a zsír mennyisége nő, míg az izom és csont aránya csökken (*Moloney és McGee*, 2017). Az olyan szervek, mint a gyomor, bélrendszer és a máj, nagy anyagcsere energiaigénnyel jellemezhetőek, és e szervek méretének és funkcionalitásának eltérései befolyásolhatják az energiaszükségletet (*Fitzsimons és mtsai*, 2017).

A fehérje és zsír raktározásának különbözőségei is befolyásolják a testtömeggyarapodást. A zsír raktározáshoz több metabolizálható energiára (ME) van szükség, de a fenntartása kevesebb energiát igényel, mint a fehérjéé (*Moloney és McGee*, 2017). *Kenny és mtsai* (2018) metaanalízist végezve megállapították, hogy a testösszetétel és az RFI státusz közötti kapcsolat nem egyértelmű. Az ultrahanggal mért ágyéki fattyú vastagságban sem találtak szignifikáns különbséget az RFI-ben eltérő állatok között.

Az RFI és a testösszetétel metabolikus indikátorai közötti kapcsolatok vegyes eredményeket mutatnak. Egyes tanulmányok szerint az RFI pozitívan korrelál a

testzsírral, míg másokban nincs kapcsolat (*Berry és Crowley, 2013*). Az összefüggések tisztázásához további kutatásokra van szükség, amelyek figyelembe veszik a genotípus-környezet interakciókat is.

Összefoglalva, a testösszetétel kismértékben befolyásolja a takarmányértékesítő képesség mérhető különbségeit, de kulcsszerepet játszik bizonyos termelési tulajdonságokban, így további vizsgálatok szükségesek a pontosabb megértéshez.

9. Endokrin rendszer

Az endokrin rendszer szabályozza a takarmányfelvételt és a tápanyag felhasználást, ezáltal befolyásolja a takarmányértékesítést is. Bár számos kísérlet vizsgálta a hormonok és neuropeptidek szerepét, ezek többsége nem az ok-okozati összefüggéseket célozta, hanem csak korrelációkat állapított meg. A hasnyálmirigy, a máj és a gyomor-bélrendszer hormonjai, mint az inzulin, ghrelin és IGF-1, fontos szerepet játszanak a tápanyagok hasznosításában. A táplálék összetétele és energiakonzentrációja befolyásolja a hormonok szintjét, szabályozva az energiafelvételt és felhasználást (*Relling és mtsai, 2014*).

A ghrelin hormon mennyiségét összefüggésbe hozták az energiafelvétellel, de a pontos szabályozási mechanizmusok még nem egyértelműek (*Foote és mtsai, 2014*). Az IGF-1, amely a fehérjeszintézist serkenti, potenciális biomarkerként szerepelhet az RFI szempontjából. Azonban az IGF-1 koncentrációjának és az RFI-nek az összefüggése eltérő takarmányozási körülmények között változhat. Hasonlóképpen, a leptin és kortizol hormonok szerepe is vegyes eredményeket mutatott, az állatok fiziológiai állapotától és a mintavétel idejétől függően (*Davis és mtsai, 2012*).

Az eddigi eredmények arra utalnak, hogy az endokrin rendszer hormonjai jelentős, de nem egyértelmű hatást gyakorolnak a takarmányhasznosításra. További kutatásokra van szükség az összefüggések pontos meghatározásához, valamint a hormonális szabályozás és a takarmányhasznosítás közötti kapcsolatok teljese megértéséhez.

10. A takarmányhasznosítás, egyedek közötti eltéréseinek molekuláris alapja

A takarmányhasznosítást számos gén szabályozza, amelyek különböző molekuláris mechanizmusokon és biológiai folyamatokon keresztül okoznak genetikai eltéréseket az állatok között. Bár az RFI fenotípusosan független a növekedéstől és a testmérettől, genetikai szempontból bizonyos összefüggések mégis fennállnak (*Saatchi és mtsai, 2014; Ceacero és mtsai, 2016*). Egyes gének pleiotróp hatásai és komplex génhálózatok működése tovább bonyolítja a takarmányhasznosítás genetikai alapjainak megértését.

A sejtek működését és összetevőit kutató tudományterületek (összefoglaló néven omika) és bioinformatikai eszközök révén új ismeretek tárultak fel a takarmányhasznosítás molekuláris alapjaival kapcsolatban. A komplex omikai adatok modellezéséhez, analizálásához és megértéséhez szolgáló rendszer az Ingenuity Pathway Analysis (IPA) segítségével elvégzett vizsgálatok, 334 gén, fehérje és metabolit azonosítását segítették, amelyek 24 biológiai rendszert alkotnak a ta-

1. táblázat: Fenotípusos és genetikai korreláció a takarmányhasznosítás, a testméretek és a vágási paraméterek között Nellore húsmarhák esetében (Ceacero és mtsai, 2016)

Tulajdon-ság (1)	DMI	ADG	WS	HH	CC	BF	RF
Fenotípusos korreláció (2)							
FCR	-0,28	0,58	0,10	-0,03	0,07	-0,02	0,01
RFI	0,73	0,04	0,06	0,04	0,06	0,05	0,06
RF _b	0,71	0,02	0,05	0,03	0,04	0,03	0,04
RFI _{sf}	0,70	0,02	0,05	0,04	0,04	0,02	0,03
RG	-0,10	0,68	0,17	0,00	0,09	-0,03	0,01
RIG	-0,44	0,34	0,04	-0,03	0,00	-0,08	-0,05
RIG _b	-0,41	0,35	0,05	-0,03	0,01	-0,04	-0,04
RI _{gsf}	-0,41	0,35	0,05	-0,04	0,01	-0,05	-0,02
Genetikai korreláció (3)							
FCR	-0,11±0,18	0,39±0,15	0,09±0,15	0,08±0,15	0,15±0,20	-0,22±0,20	-0,23±0,20
RFI	0,68±0,08	0,33±0,16	0,17±0,14	0,06±0,13	0,14±0,17	0,37±0,17	0,30±0,16
RFI _b	0,73±0,09	0,40±0,17	0,23±0,16	0,06±0,14	0,14±0,18	0,33±0,19	0,31±0,17
RFI _{sf}	0,71±0,09	0,38±0,17	0,22±0,15	0,08±0,14	0,14±0,18	0,33±0,18	0,32±0,17
RG	0,21±0,17	0,66±0,09	0,34±0,14	0,25±0,14	0,34±0,18	-0,17±0,17	-0,18±0,17
RIG	-0,27±0,16	0,19±0,17	0,10±0,15	0,13±0,14	0,17±0,19	-0,38±0,20	-0,31±0,20
RIG _b	-0,27±0,19	0,14±0,20	0,08±0,17	0,13±0,14	0,22±0,22	-0,45±0,26	-0,42±0,25
RIG _{sf}	-0,28±0,18	0,12±0,20	0,07±0,17	0,15±0,16	0,20±0,22	-0,45±0,26	-0,43±0,25

WS = választási súly (4); HH = választáskori üsző és bika borjak farmagassága (5); CC = választáskori üsző és bika borjak övmérete (6); BF = háti faggyúvastagság (7); RF = fartájéki faggyúvastagság (8); RFI_b = maradék takarmányfelvétel háti faggyúvastagságra korrigálva (9); RFI_{sf} = maradék takarmányfelvétel háti és fartájéki faggyúvastagságra korrigálva (10); RIG_b = maradék takarmányfelvétel és gyarapodás az RFI_b értékkel számolva (11); RIG_{sf} = maradék takarmányfelvétel és gyarapodás az RFI_{sf} értékkel számolva (12)

Table 4: Phenotypic and genetic correlations between the feed efficiency traits and the growth and carcass traits in Nellore beef cattle (Ceacero et al, 2016)

traits (1); phenotypic correlations (2); genetic correlations (3); weight at selection (4); hip height of males and females at selection (5); chest circumference of males and females at selection (6); backfat thickness (7); rump fat thickness (8); residual feed intake adjusted for backfat thickness (9); residual feed intake adjusted for backfat and rump thickness (10); residual intake and gain using RFI_b (11); residual intake and gain using RFI_{sf} (12)

karmányhasznosítás molekuláris bázisán belül. Ezek a rendszerek öt fő biológiai funkcióra oszthatók: (1) növekedés és sejtciklus, szénhidrát-anyagcsere, (2) energiatermelés és lipidanyagcsere, (3) sejttelek és transzport, (4) szervfejlődés, sejt- és szervmorfológia, (5) rendellenességek és betegségek (pl.: anyagcserében és immunválaszban). Az energiatermelés és lipidanyagcsere hálózatai például fontos gének, mint az ACSL6 és az UCP2, működését érintik (Richardson és Herd, 2004).

A Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID) adatbázisa a génlisták funkcionális részleteivel látja el a kutatókat, segítve a génfunkciók megértését. Az adatbázis elemzései szerint a PI3K-Akt és MAPK jelátviteli biológiai útvonalak kiemelten fontosak a takarmányhasznosítás szempontjából. Ezek az útvonalak befolyásolják a fehérjeszintézist, a sejtnövekedést és az apoptózist, de további kutatások szükségesek az egyes útvonalak relatív jelentőségének tisztázásához. Az eredmények alapján a takarmányhasznosítás genetikai és molekuláris alapjainak megértése lehetővé teszi a jövőbeli szelekciós stratégiák finomhangolását.

11. A molekuláris útvonalak és a biomarkerek

A takarmányhasznosítást meghatározó biomarkerek, mint az IGF-I, β -hidroxibutírat, leptin és kortizol, potenciális eszközként használhatók genetikai szelekcióban. Bár ezek a biomarkerek ígéretesek, egyikük sem magyarázta meg teljesen az RFI egyedek közötti varianciáját, így rutinszerű alkalmazásuk korlátozott (Huang és mtsai, 2006). További potencionális biomarkerek, mint például a kreatin és hipurát, szintén a tudományos vizsgálatok középpontjában állnak (Karisa és mtsai, 2014).

Az omikai adatokra alapozott genetikai markerpanelek fejlesztése javíthatja a tenyészték előrejelzést, és a különböző fajták közötti különbségek feltárásában is segíthet. Ezek az eszközök költséghatékonyabbá tehetik a keresztezett állatok szelekcióját. Ugyanakkor a takarmányhasznosításra történő szelekció, pleiotróp hatások révén más tulajdonságokra, például a növekedésre, húsmínőségre vagy termékenységre is hatással lehet. Például az RFI és a szubkután faggyúvastagság közötti pozitív korreláció ($r = 0,37$) azt mutatja, hogy a zsírsanyagcserében részt vevő gének szabályozása befolyásolhatja a testösszetételt és a termékenységet (Weber és mtsai, 2016).

A jó takarmányértékesítő állatok szelekciója késleltetett ivarérettséget eredményezhet, mivel az RFI és a tenyészerettség kezdete között szoros kapcsolat áll fenn (Huang és mtsai, 2006). Az RFI alapú szelekció hatásai a termékenységi tulajdonságokra, például az ellésig eltelt napok számára, szintén kedvezőtlenek lehetnek (Mu és mtsai, 2016). Ezeket a lehetséges negatív hatásokat megfelelő szelekciós indexekkel lehet minimalizálni, amelyek figyelembe veszik a takarmányértékesítő képességet, és más gazdaságilag fontos tulajdonságokat is. A genetikai stratégiák finomhangolása hosszú távon hozzájárulhat a fenntartható és hatékony állattenyésztéshez.

12. A maradék takarmányfelvétel (RFI) értékének tenyésztésben betöltött szerepe

A maradék takarmányfelvétel fontos tulajdonság lehet a szarvasmarhák szelekciója és tenyésztése során. A kutatások azt mutatják, hogy az RFI-t tartalmazó tenyésztési programok jelentős előnyöket biztosítanak, mind gazdasági, mind a környezeti erőforrások felhasználásának hatékonysága terén, a különböző szarvasmarha tenyésztési rendszerekben (Lawrence és mtsai, 2011, Foroutan és mtsai, 2020).

Az RFI szelekciós lehetőségei közé elsősorban a közvetlen fenotípusos mérések és a genomikai szelekciók tartoznak. Az RFI érték örökölhetősége (h^2) a különböző irodalmak szerint 0,26 és 0,46 közé becsülhető, tehát közepes a tulajdonság genetikai meghatározottsága, ami lehetővé teszi, hogy szelekcióval érdemi eredményt érjünk el a tulajdonság javításában (*Foroutan és mtsai*, 2020, *Basarab és mtsai*, 2013). Míg az egyéni takarmányfelvétel mérése gyakran költséges és munkaigényes, a genomikai szelekcióban elért eredmények lehetővé teszik a tenyésztők számára, hogy az RFI értéket a takarmányhasznosítással összefüggő genetikai markerek segítségével lehetséges legyen előre jelezni (*Higgins és mtsai*, 2018; *Weber és mtsai*, 2016). Ez lehetővé teszi az RFI bevonását a genomikai tenyésztési programokba, ami végső soron felgyorsítja a genetikai előrehaladást (*Higgins és mtsai*, 2019).

Emellett más tanulmányok azt is leírták, hogy az alacsony RFI értékkel rendelkező szarvasmarhák jobb takarmánykonverziós arányokat mutatnak, és gyakran korrelálnak olyan kívánatos tulajdonságokkal, mint a kedvezőbb testösszetétel és a jobb anyagcsere-profil (*Kenny és mtsai*, 2018; *Kelly és mtsai*, 2011). A kutatások kimutatták, hogy az alacsonyabb RFI-re szelektált szarvasmarhák gyakran jobb általános egészségi állapotot és nagyobb metabolikus hatékonyságot mutatnak (*Taiwo és mtsai*, 2024). Mindazonáltal az RFI-re történő szelekció során feltétlenül figyelembe kell venni a másodlagos értékmérő tulajdonságokat, mint például a kondícióromlással járó csökkent termékenység kockázatát (*Williams és mtsai*, 2011; *Fitzsimons és mtsai*, 2013).

Az RFI-t alkalmazó tenyésztési eljárásoknak több tulajdonságot, köztük a növekedési erélyt, a termékenységet és a hasított test minőségét is egyensúlyba kell hozniuk az állomány teljes termelékenységének optimalizálása érdekében (*Pryce és mtsai*, 2015; *Berry és Crowley*, 2012). A több tulajdonságot tartalmazó szelekciós megközelítésnek súlyoznia kell a különböző teljesítménymérők összefüggéseit, szem előtt tartva az egyéb értékmérő tulajdonságokat az RFI-ra történő szelekció során. Emellett fontos tudni, hogy a környezeti tényezők, mint például a takarmány milyensége, befolyásolhatják az RFI rangsorokat, ami jól mutatja a tenyésztési programok összetettségét (*Jorge-Smeding és mtsai*, 2021).

Hazai kutatások is vizsgálták az RFI-t befolyásoló tényezőket. *Holló és mtsai* (2022) azt találták Charolaise fiatal bikák esetében, hogy a takarmányfogyasztást befolyásoló paraméterek főként a maradék takarmányfelvételtől függnék. Ugyanakkor az RFI nem volt bizonyítható hatással a fenotípusos megjelenésre, és a teljesítmény vizsgálat eredményeire (kivéve a takarmányfelvételt/szárazanyag-felvételt és G/F arányt). A testfelépítés jellemzői, beleértve a hát- és farhosszúságot, valamint a rámát és a szutyak szélességét, negatív összefüggést mutattak az RFI értékkel, ami azt jelzi, hogy a hosszabb, magasabb, nagyobb testfelépítésű bikák hatékonyabbak voltak. Ugyanakkor a jobb RFI értékekkel rendelkező bikáknál az elülső/hátsó lábak gyengesége volt megfigyelhető. A szárazanyag-felvétel és a takarmányhasznosítás szoros kapcsolata a Charolaise tenyészbika jelölteknél arra utal, hogy ezek a mérőszámok relevánsak és alkalmazhatók a teljesítménytesztben. Az egyedi szárazanyag-felvételi adatokból származó teljesítmény lehet a legköltséghatékonyabb módszer az évente növekvő számú állatok vizsgálatára.

Összefoglalva, az RFI integrálása a szarvasmarha tenyésztési gyakorlatba ígéretes utat jelent a takarmányhasznosítás és az általános termelékenység fo-

kozására a húsmarha tenyésztésben. A genetikai eszközök folyamatos kutatása és fejlesztése tovább fogja finomítani a szelekciós folyamatokat, lehetővé téve a hatékonyabb és fenntarthatóbb szarvasmarhatartást.

13. Következtetések

A takarmányhasznosítás egyedek közötti eltérésében számos tényező játszhat szerepet, melyek esetenként összefüggnek egymással. A takarmányozással és az emésztéssel kapcsolatos mechanizmusok (azaz a takarmányfogyasztási szokások, az emésztés, a metánkibocsátás és a bendő mikrobiom) összefüggésbe hozhatók a RFI-vel, főként azért, mert a DM-bevitellel együtt változnak. A takarmányhasznosítás állatok közötti variációjának valódi meghatározásában betöltött szerepük feltételezhetően kisebb lehet. Ez azonban még megerősítésre vár a jövőbeni kutatások során, melyet a 1) DM bevitel szabályozása mellett a biológiai tényezők vizsgálatával (az állatok rangsorolása az átlag feletti növekedés alapján), vagy a 2) különböző fiziológiai mérések kombinálásával ugyanabban a vizsgálatban, és a 3) takarmányozás és RFI közötti összefüggések, mint a legeltetett állatok (vagy frissen kaszált szénával etetett) és a takarmánykeverékkel etetett állatok RFI eltéréseinek további vizsgálatával lehetne folytatni. Ami az anyagcserével kapcsolatos mechanizmusokat illeti, a különböző módszereket alkalmazó tanulmányok szűkössége ellenére úgy tűnik, hogy a hatékony (alacsony RFI-vel rendelkező) állatok energiaforgalma jelentősen alacsonyabb, függetlenül a takarmány és energia bevitel csökkentéstől. Az energia metabolizmus tehát a takarmányhasznosítás egyedek közötti eltérésének valódi meghatározója lehet. A hatékony (alacsony RFI-vel rendelkező) állatok alacsonyabb hőtermelése (fenntartásból és termelésből), a csökkent fehérjeforgalomból és mitokondriumok ATP-termelésének nagyobb hatékonyságából egyaránt eredhet, mely eredményeket molekuláris hálózatelemzéssel is alátámasztottak. Ezzel szemben a hormonok és a testösszetétel nem mutattak meggyőző összefüggést az RFI fenotípusos variációjával kapcsolatban. A RFI-variáció hátterében álló biológiai hálózatok elemzése néhány biológiai útvonal jelentőségét emelte ki, mint például a lipidanyagcsere, az immunitás és a stresszválasz. Ezeknek a biológiai útvonalaknak a szerepét további vizsgálatokban kell megerősíteni, amelyekben különböző molekuláris szinteken (gének, RNS, fehérjék és metabolitok) gyűjtött információkat szükséges összevetni. Végezetül, az eddigi kutatások azt sugallják, hogy a takarmányhasznosító képesség hátterében húzódó metabolikus funkciók genetikai variációja (fehérjeforgalom, lipidek anyagcseréje, immunitás), összefüggésbe hozható az állattenyésztés más fontos tulajdonságaival. Fontos tehát az állattenyésztést meghatározó tulajdonságok biológiai alapjainak megértése, mely hozzájárul a természetközelibb és hatékonyabb tenyésztési programok létrehozásához.

14. Felhasznált irodalom

- Archer, J. A. – Richardson, E. C. – Herd, R. M. – Arthur, P. F. (1999): Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: A review. *Australian J. Agric. Res.*, 50. 147–162. <https://doi.org/10.1071/A98075>
- Arthur, P. F. – Herd, R. M. (2012): Genetic improvement of feed efficiency. In *Feed efficiency in the beef industry* (ed. RA Hill), Wiley-Blackwell, Ames, IA, USA, pp. 93–103.
- Barea, R. – Dubois, S. – Gilbert, H. – Sellier, P. – Van Milgen, J. – Noblet, J. (2010): Energy utilization in pigs selected for high and low residual feed intake. *J. Anim. Sci.*, 88. 2062–2072. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2395>
- Basarab, J. A. – Beauchemin, K. A. – Baron, V. S. – Ominski, K. H. – Guan, L. L. – Miller, S. P. – Crowley, J. J. (2013): Reducing GHG emissions through genetic improvement for feed efficiency: Effects on economically important traits and enteric methane production. *Animal*, 303–315. <https://doi.org/10.1017/S1751731113000888>
- Berry, D. – Crowley, J. (2012): Residual intake and body weight gain: a new measure of efficiency in growing cattle. *J. Anim. Sci.*, 90. 109–115. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4245>
- Berry, D. P. – Crowley, J. J. (2013): Cell biology symposium: Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 91. 1594–1613. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5862>
- Bonilha, S. F. M. – Branco, R. H. – Mercadante, M. E. Z. – Cyrillo, J. N. D. S. – Monteiro, F. M. – Ribeiro, E. G. (2017): Digestion and metabolism of low and high residual feed intake Nellore bulls. *Trop. Anim. Health Prod.*, 49. 529–535. <https://doi.org/10.1007/s11250-017-1224-9>
- Bottje, W. G. – Carstens, G. E. (2009): Association of mitochondrial function and feed efficiency in poultry and livestock species. *J Anim Sci.*, 87.(14 Suppl) E48–E63.
- Carberry, C. A. – Kenny, D. A. – Han, S. – McCabe, M. S. – Waters, S. M. (2012): Effect of phenotypic residual feed intake and dietary forage content on the rumen microbial community of beef cattle. *Appl. Environ. Microbiol.*, 78. 4948–4958. <https://doi.org/10.1128/AEM.07759-11>
- Castro Bulle, F. C. P. – Paulino, P. V. – Sanches, A. C. – Sainz, R. D. (2007): Growth, carcass quality, and protein and energy metabolism in beef cattle with different growth potentials and residual feed intakes. *J. Anim. Sci.*, 85. 928–936. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-373>
- Caton, J. S. – Bauer, M. L. – Hidari, H. (2000): Metabolic components of energy expenditure in growing beef cattle – Review. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 13. 702–710. <https://doi.org/10.5713/ajas.2000.702>
- Ceacero, T. M. – Mercadante, M. E. Z. – Cyrillo, J. N. D. S. G. – Canesin, R. C. – Bonilha, S. F. M. – de Albuquerque, L. G. (2016): Phenotypic and genetic correlations of feed efficiency traits with growth and carcass traits in Nellore cattle selected for postweaning weight. *PLOS One*, 11. e0161366. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0161366>
- Coyle, S. – Fitzsimons, C. – Kenny, D. A. – Kelly, A. K. – McGee, M. (2016): Repeatability of feed efficiency in beef cattle offered grass silage and zero-grazed grass. *J. Anim. Sci.*, 94(Suppl 2), 719 (Abstract).
- Coyle, S. – Fitzsimons, C. – Kenny, D. A. – Kelly, A. K. – McGee, M. (2017): Feed efficiency correlations in beef cattle offered zero-grazed grass and a high-concentrate diet. *Adv. Anim. Biosci.*, 8. 121.
- Chaves, A. S. – Nascimento, M. L. – Tullio, R. R. – Rosa, A. N. – Alencar, M. M. – Lanna, D. P. (2015): Relationship of efficiency indices with performance, heart rate, oxygen consumption, blood parameters, and estimated heat production in Nellore steers. *J. Anim. Sci.*, 93. 5036–5046. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9066>
- Davis, M. E. – Wick, M. P. – Maquivar, M. G. (2012): Hormonal regulation of feed efficiency. In R. A. Hill (Ed.), *Feed efficiency in the beef industry* (pp. 175–198). Wiley-Blackwell.
- Fitzsimons, C. – Kenny, D. A. – Fahey, A. G. – McGee, M. (2013): Methane emissions, body composition, and rumen fermentation traits of beef heifers differing in phenotypic residual feed intake. *J. Anim. Sci.*, 91. 5789–5800. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6956>

- Fitzsimons, C. – Kenny, D. A. – McGee, M. (2014):* Visceral organ weights, digestion, and carcass characteristics of beef bulls differing in residual feed intake offered a high-concentrate diet. *Animal*, 8, 949–959. <https://doi.org/10.1017/S1751731114000652>
- Fitzsimons, C. – McGee, M. – Keogh, K. – Waters, S. M. – Kenny, D. A. (2017):* Molecular physiology of feed efficiency in beef cattle. In C. G. Scanes & R. A. Hill (Eds.), *Biology of domestic animals* (pp. 120–163). CRC Press.
- Foote, A. P. – Hales, K. E. – Lents, C. A. – Freetly, H. C. (2014):* Association of circulating active and total ghrelin concentrations with dry matter intake, growth, and carcass characteristics of finishing beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 92, 5651–5658. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-8291>
- Foroutan, A. – Fitzsimmons, C. – Mandal, R. – Berjanskii, M. – Wishart, D. (2020):* Serum metabolite biomarkers for predicting residual feed intake (rfi) of young angus bulls. *Metabolites*, 10, 491. <https://doi.org/10.3390/metabo10120491>
- Grainger, C. – Clarke, T. – McGinn, S. M. – Auldist, M. J. – Beauchemin, K. A. – Hannah, M. C. – Waghorn, G. C. – Clark, H. – Eckard, R. J. (2007):* Methane emissions from dairy cows measured using the sulfur hexafluoride (SF6) tracer and chamber techniques. *J. Dairy Sci.*, 90, 2755–2766. <https://doi.org/10.3168/jds.2006-697>
- Gilbert, H. – Bidanel, J. P. – Gruand, J. – Caritez, J. C. – Billon, Y. – Guillouet, P. – Lagant, H., Noblet, J. – Sellier, P. (2007):* Genetic parameters for residual feed intake in growing pigs, with emphasis on genetic relationships with carcass and meat quality traits. *J. Anim. Sci.*, 85, 3182–3188. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-590>
- Guan, L. L. – Nkrumah, J. D. – Basarab, J. A. – Moore, S. S. (2008):* Linkage of microbial ecology to phenotype: Correlation of rumen microbial ecology to cattle's feed efficiency. *FEMS Microbiol. Lett.*, 288, 85–91.
- Halas V. (2011):* A takarmányértékelés alapjai. Kaposvári Egyetem. <https://dtk.tankonyvtar.hu/xmlui/handle/123456789/12983>
- Hawkins, A. J. S. (1991):* Protein turnover: A functional appraisal. *Func. Ecol.*, 5, 222–233. <https://doi.org/10.2307/2389260>
- Herd, R. M. – Arthur, P. F. (2009):* Physiological basis for residual feed intake. *J. Anim. Sci.*, 87(14 Suppl), E64–E71.
- Herd, R. M. – Velazco, J. I. – Arthur, P. F. – Hegarty, R. F. (2016):* Associations among methane emission traits measured in the feedlot and in respiration chambers in Angus cattle bred to vary in feed efficiency. *J. Anim. Sci.*, 94, 4882–4891. <https://doi.org/10.2527/jas.2016-0613>
- Higgins, M. – Fitzsimons, C. – McClure, M. – McKenna, C. – Conroy, S. – Kenny, D. – McGee, M. – Waters, S. – Morris, D. (2018):* Gwas and eqtl analysis identifies a snp associated with both residual feed intake and gfra2 expression in beef cattle. *Sci. Rep.*, 8, 14301. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32374-6>
- Higgins, M. – Kenny, D. – Fitzsimons, C. – Blackshields, G. – Coyle, S. – McKenna, C. – McGee, M. – Morris, D. – Waters, S. (2019):* The effect of breed and diet type on the global transcriptome of hepatic tissue in beef cattle divergent for feed efficiency. *BMC Genomics*, 20, 525. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5906-8>
- Holló, G. – Nagy-Kiszlínger H. – Tossenberger, J. – Török, M. – Húth, B. (2022):* Individual feed efficiency monitoring of Charolaise candidate young bulls in relation to feeding behavior and self-performance test results. *Animals*, 12, 35. <https://doi.org/10.3390/ani12010035>
- Huang, W. – Hines, H. – Davis, M. (2006):* Estimation of genetic trend in IGF-I concentration and correlated response in growth traits in lines of Angus beef cattle divergently selected for serum IGF-I concentration. *J. Anim. Sci.*, 84(Suppl 1), 109–110.
- Jami, E. – Mizrahi, I. (2012):* Composition and similarity of bovine rumen microbiota across individual animals. *PLOS One*, 7, e33306. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033306>
- Johnson, D. E. – Ferrell, C. L. – Jenkins, T. G. (2003):* The history of energetic efficiency research: Where have we been and where are we going? *J. Anim. Sci.*, 81(14 Suppl), E27–E39.

- Jones, F. M. – Phillips, F. A. – Naylor, T. – Mercer, N. B. (2011): Methane emissions from grazing Angus beef cows selected for divergent residual feed intake. *Anim. Feed Sci. Techn.*, 166. 302–307. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2011.04.020>
- Jorge-Smeding, E. – Bonnet, M. – Renand, G. – Taussat, S. – Graulet, B. – Marty, I. – Cantalapiedra-Hijar, G. (2021): Common and diet-specific metabolic pathways underlying residual feed intake in fattening charolais yearling bulls. *Scientific Reports*, 11. 24346. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-03678-x>
- Karisa, B. K. – Thomson, J. – Wang, Z. – Li, C. – Montanholi, Y. R. – Miller, S. P. – Moore, S. S. – Plastow, G. S. (2014): Plasma metabolites associated with residual feed intake and other productivity performance traits in beef cattle. *Liv. Sci.*, 165. 200–211. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.03.002>
- Kelly, A. K. – McGee, M. – Crews, D. H. – Fahey, A. G. – Wylie, A. R. – Kenny, D. A. (2010): Effect of divergence in residual feed intake on feeding behavior, blood metabolic variables, and body composition traits in growing beef heifers. *J. Anim. Sci.*, 88., 109–123. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2196>
- Kelly, A. – McGee, M. – Crews, D. – Lynch, C. – Wylie, A. – Evans, R. – Kenny, D. (2011): Relationship between body measurements, metabolic hormones, metabolites and residual feed intake in performance tested pedigree beef bulls. *Livestock Science*, 135. 8–16. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.05.018>
- Kenny, D. A. – Fitzsimons, C. – Waters, S. M. – McGee, M. (2018): Invited review: Improving feed efficiency of beef cattle: Current state of the art and future challenges. *Animal*, 12. 1815–1826. <https://doi.org/10.1017/S1751731118000976>
- Kong, R. S. G. – Guanxiang, L. – Chen, Y. – Stothard, P. – Guan, L. L. (2016): Transcriptome profiling of the rumen epithelium of beef cattle differing in residual feed intake. *BMC Genomics*, 17. 592. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-2935-4>
- Lawrence, P. – Kenny, D. – Earley, B. – Crews, D. – McGee, M. (2011): Grass silage intake, rumen and blood variables, ultrasonic and body measurements, feeding behavior, and activity in pregnant beef heifers differing in phenotypic residual feed intake1. *J. Anim. Sci.*, 89. 3248–3261. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3774>
- Lawrence, P. – Kenny, D. A. – Earley, B. – McGee, M. (2012): Grazed grass herbage intake and performance of beef heifers with predetermined phenotypic residual feed intake classification. *Animal*, 6. 1648–1661. <https://doi.org/10.1017/S1751731112000559>
- Li, F. (2017): Rumen microbiome associated with feed efficiency and host genetics in beef cattle (Doctoral dissertation). University of Alberta, Edmonton, AB, Canada.
- Lobley, G. E. – Sinclair, K. D. – Grant, C. M. – Miller, L. – Mantle, D. – Calder, A. G. – Warkup, C. C. – Maltin, C. A. (2000): The effects of breed and level of nutrition on whole-body and muscle protein metabolism in pure-bred Aberdeen Angus and Charolais beef steers. *British J. Nutr.*, 84. 275–284.
- Manafiazar, G. – Basarab, J. A. – Baron, V. S. – McKeown, L. – Doce, R. R. – Swift, M. – Undi, M. – Wittenberg, K. – Ominski, K. (2015): Effect of post-weaning residual feed intake classification on grazed grass intake and performance in pregnant beef heifers. *Canadian J. Anim. Sci.*, 95. 369–381. <https://doi.org/10.4141/cjas-2014-184>
- McDonagh, M. B. – Herd, R. M. – Richardson, E. C. – Oddy, V. H. – Archer, J. A. – Arthur, P. F. (2001): Meat quality and the calpain system of feedlot steers following a single generation of divergent selection for residual feed intake. *Aust. J. Experimental Agric.*, 41. 1013–1021. <https://doi.org/10.1071/EA00024>
- Moloney, A. P. – McGee, M. (2017): Factors influencing the growth of meat animals. In F. Toldrá (Ed.), *Lawrie's meat science* (8th ed., pp. 19–47). Elsevier Woodhead Publishing.
- Mu, Y. – Vander Voort, G. – Abo-Ismael, M. – Ventura, M. – Jamrozik, J. – Miller, S. P. (2016): Genetic correlations between female fertility and postweaning growth and feed efficiency traits in multibreed beef cattle. *Can. J. Anim. Sci.*, 96. 448–455. <https://doi.org/10.1139/cjas-2015-0175>

- Nkrumah, J. D. – Okine, E. K. – Mathison, G. W. – Schmid, K. – Li, C. – Basarab, J. A. – Price, M. A. – Wang, Z. – Moore, S. S. (2006): Relationships of feedlot feed efficiency, performance, and feeding behavior with metabolic rate, methane production, and energy partitioning in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 84. 145–153. <https://doi.org/10.2527/2006.841145x>
- Oddy, V. H. – Herd, R. M. – McDonagh, M. B. – Woodgate, R. – Quinn, C. A. – Zirkler, K. (1998): Effect of divergent selection for yearling growth rate on protein metabolism in hind-limb muscle and whole body of Angus cattle. *Liv. Prod. Sci.*, 56. 225–231. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(98\)00153-5](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(98)00153-5)
- Oliveira, L. F. – Ruggieri, A. C. – Branco, R. H. – Cota, O. – Canesin, R. C. – Costa, H. J. U. – Mercadante, M. E. Z. (2016): Feed efficiency and enteric methane production of Nellore cattle in the feedlot and on pasture. *Anim. Prod. Sci.*, 58. 886–893. <https://doi.org/10.1071/AN16303>
- Pope, P. B. – Smith, W. – Denman, S. E. – Tringe, S. G. – Barry, K. – Hugenholtz, P. – McSweeney, C. S. – McHardy, A. C. – Morrison, M. (2011): Isolation of *Succinivibrionaceae* implicated in low methane emissions from Tammar wallabies. *Science*, 333. 646–648. <https://doi.org/10.1126/science.1205760>
- Pryce, J. – González-Recio, Ó. – Nieuwhof, G. – Wales, W. – Coffey, M. – Hayes, B. – Goddard, M. (2015): Hot topic: definition and implementation of a breeding value for feed efficiency in dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 98. 7340–7350. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-9621>
- Rauw, W. M. – Kanis, E. – Noordhuizen-Stassen, E. N. – Grommers, F. J. (1998): Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: A review. *Liv. Prod. Sci.*, 56. 15–33. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(98\)00147-X](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(98)00147-X)
- Relling, A. E. – Crompton, L. A. – Loerch, S. C. – Reynolds, C. K. (2014): Short communication: Plasma concentration of glucose-dependent insulinotropic polypeptide may regulate milk energy production in lactating dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 97. 2440–2443. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7574>
- Richardson, E. C. – Herd, R. M. (2004): Biological basis for variation in residual feed intake in beef cattle. 2. Synthesis of results following divergent selection. *Aust. J. Experimental Agric.*, 44. 431–440. <https://doi.org/10.1071/EA02221>
- Saatchi, M. – Schnabel, R. D. – Taylor, J. F. – Garrick, D. J. (2014): Large-effect pleiotropic or closely linked QTL segregate within and across ten US cattle breeds. *BMC Genomics*, 15. 442. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-442>
- Sauvant, D. – Nozière, P. (2016): Quantification of the main digestive processes in ruminants: The equations involved in the renewed energy and protein feed evaluation systems. *Animal*, 10. 755–770. <https://doi.org/10.1017/S1757173115002670>
- Taiwo, G. – Idowu, M. – Sidney, T. – Treon, E. – Ologunagba, D. – Leal, Y. – Ogunade, I. (2024): 1h-nmr-based plasma metabolomic profiling of crossbred beef cattle with divergent rfi phenotype. *Ruminants*, 4. 182–191. <https://doi.org/10.3390/ruminants4020012>
- Weber, K. L. – Welly, B. T. – Van Eenennaam, A. L. – Young, A. E. – Porto-Neto, L. R. – Reverter, A. – Rincon, G. (2016): Identification of gene networks for residual feed intake in Angus cattle using genomic prediction and RNA-seq. *PLOS One*, 11. e0152274. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0152274>
- Williams, Y. – Pryce, J. – Grainger, C. – Wales, W. – Linden, N. – Parker, M. – Hayes, B. (2011): Variation in residual feed intake in holstein-friesian dairy heifers in southern australia. *J. Dairy Sci.*, 94. 4715–4725. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-4015>
- Zetouni, L. – Henryron, M. – Kargo, M. – Lassen, J. (2017): Direct multitrait selection realizes the highest genetic response for ratio traits. *J. Anim. Sci.*, 95. 1921–1925. <https://doi.org/10.2527/jas.2016.1324>
- Zhou, M. – Hernandez-Sanabria, E. – Guan, L. L. (2010): Characterization of variation in rumen methanogenic communities under different dietary and host feed efficiency conditions, as determined by PCR-denaturing gradient gel electrophoresis analysis. *Appl. Environ. Microbiol.*, 76. 3776–3786. <https://doi.org/10.1128/AEM.00010-10>

Érkezett: 2025. június

Szerzők címe: Demény, M. J.*

Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete és
Széchenyi István Egyetem, Wittmann Antal Növény-, Állat- és
Élelmiszer- tudományi Multidiszciplináris Doktori Iskola

Authors' address: Association of Hungarian Limousin & Blonde d'Aquitaine Breeders

H-1134 Budapest, Lőportár utca 16.

Széchenyi István University, Wittmann Antal Plant-, Animal- and Food Sciences
Multidisciplinary Doctoral School

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

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

Szűcs M.

Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete

Association of Hungarian Limousin & Blonde d'Aquitaine Breeders

H-1134 Budapest, Lőportár utca 16.

Tőzsér J.

Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar,
Állattudományi Tanszék

Albert Kázmér Faculty of Agricultural and Food Sciences of Széchenyi István
University. Department of Animal Science

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.