

MTA Doktori értekezés

**A fenotípus, a genotípus és a környezet ellenőrzésével megvalósított
precíziós állattenyésztési kutatások**

Gáspárdy András

Budapest

2024

Tartalomjegyzék

	oldal
Rövidítések jegyzéke	6.
1. BEVEZETÉS	8.
1.1. A kutatások előzménye	8.
1.2. Az értekezés felépítése, célkitűzései	9.
2. A FENOTÍPUS ELLENŐRZÉSÉVEL MEGVALÓSÍTOTT KUTATÁSOK	12.
2.1. A fenotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásaink irodalmi áttekintése	12.
2.2. Anyag és módszer	16.
2.2.1. A fő tejalkotók <i>online</i> mérése és az általuk közvetített energiamennyiségek alakulásának megállapítása a laktáció során nagy tejű tehenekben	16.
2.2.2. A tej elektromos vezetőképességének <i>online</i> mérése és értékelése a laktáció alatt egészséges és klinikai tőgygyulladásos tehenekben	17.
2.2.3. A kérődzés aktivitásának mint az állatjóllét jelzőjének <i>online</i> nyomon követése és a termelési tulajdonságokkal való kapcsolatának értékelése nagy tejű tehenekben	19.
2.3. Eredmények	20.
2.3.1. A fő tejalkotók energiamennyiségének eredményei	20.
2.3.2. A tej elektromos vezetőképességének eredményei	22.
2.3.3. A kérődzés aktivitásának eredményei	24.
2.4. Eredmények értékelése	26.
2.4.1. A fő tejalkotók energiamennyiségének értékelése	26.
2.4.2. A tej elektromos vezetőképességének értékelése	27.
2.4.3. A kérődzés aktivitásának értékelése	27.
2.5. A fenotípus ellenőrzésével megvalósított kutatások következtetései, javaslatok és eredményeinek hasznosíthatósága	28.
2.5.1. A fő tejalkotók energiamennyiségének alakulása tekintetében	28.
2.5.2. A tej elektromos vezetőképessége tekintetében	29.
2.5.3. A kérődzés aktivitásának tekintetében	29.

3. A GENOTÍPUS ELLENŐRZÉSÉVEL MEGVALÓSÍTOTT KUTATÁSOK	31.
3.1. A genotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásaink irodalmi áttekintése	31.
3.2. Anyag és módszer	34.
3.2.1. A génikus változatosság feltárása a hazai őshonos juhajták prion gén diplotípusaiban	34.
3.2.2. A mtDNS kontrollrégiójának felhasználása a zaupel juh utódajtáinak közös eredete vizsgálatában	35.
3.2.3. A mtDNS kontrollrégiójának felhasználása a székely ló rekonstruált állománya matrilineális összetételének meghatározásában	36.
3.3. Eredmények	37.
3.3.1. A hazai őshonos juhajták prion gén diplotípusainak génikus változatossága	37.
3.3.2. A zaupel juh utódajtáinak közös eredete	39.
3.3.3. A székely ló rekonstruált állományának matrilineális összetétele	41.
3.4. Eredmények értékelése	44.
3.4.1. A hazai őshonos juhajták prion génje génikus változatosságának értékelése	44.
3.4.2. A zaupel juh utódajtái közös eredetének értékelése	45.
3.4.3. A székely ló matrilineális összetételének értékelése	47.
3.5. A genotípus ellenőrzésével megvalósított kutatások következtetései, javaslatok és eredményeinek hasznosíthatósága	48.
3.5.1. Az őshonos juhajták prion génjének génikus változatossága tekintetében	48.
3.5.2. A zaupel juh utódajtáinak közös eredete tekintetében	48.
3.5.3. A székely ló rekonstruált állományának matrilineális összetétele tekintetében	49.
4. A KÖRNYEZET ELLENŐRZÉSÉVEL MEGVALÓSÍTOTT KUTATÁSOK	51.
4.1. A környezet ellenőrzésével megvalósított kutatásaink irodalmi áttekintése	51.
4.2. Anyag és módszer	53.
4.2.1. A vérplazma melatonin koncentrációjának meghatározása a vemhesség végén mesterséges fénykiegészítésben részesített angol telivér kancákban és csikóikban	53.
4.2.2. A felszór mechanikai tulajdonságainak vizsgálata a vemhesség végén kiegészítő megvilágítást kapott kancákban és csikóikban	55.

4.3. Eredmények	57.
4.3.1. A mesterséges fénykiegészítés hatása a vérplazma melatonin koncentrációjára	57.
4.3.2. A felszőr mechanikai tulajdonságainak változása a vemhesség végén alkalmazott kiegészítő megvilágítás hatására	59.
4.4. Eredmények értékelése	62.
4.4.1. A melatonin koncentráció értékelése	62.
4.4.2. A felszőr mechanikai tulajdonságainak értékelése	63.
4.5. A környezet ellenőrzésével megvalósított kutatások következtetései, javaslatok és eredményeinek hasznosíthatósága	64.
4.5.1. A mesterséges fénykiegészítésnek a melatonin koncentrációra gyakorolt hatása tekintetében	64.
4.5.2. A mesterséges fénykiegészítésnek a felszőr mechanikai tulajdonságaira gyakorolt hatásának tekintetében	65.
5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	66.
5.1. A fenotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásokban	66.
5.2. A genotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásokban	66.
5.3. A környezet ellenőrzésével megvalósított kutatásokban	67.
6. A DOLGOZAT ELKÉSZÍTÉSÉHEZ FÖLHASZNÁLT SAJÁT KÖZLEMÉNYEK JEGYZÉKE	68.
7. ÖSSZEFOGLALÁS	69.
8. SUMMARY	72.
9. IRODALOMJEGYZÉK	75.
Köszönetnyilvánítás	89.

Rövidítések jegyzéke

AA	amino acid, aminosav
acetyl-CoA	acetyl-coenzyme-A
AD	abomasal displacement, oltógyomor helyzetváltozás
AFRC	Agricultural Food and Research Council
α -LA	alpha-lactalbumin, alfa-laktoalbumin
β -LG	beta-lactoglobulin, béta-laktoglobulin
BHBA	beta-hydroxybutyric acid, béta-hidroxi-vajsav
bp	base pair, bázispár
BSA	bovine serum albumin, szarvasmarha szérum albumin
CMT	California Mastitis Test, kaliforniai masztitisz teszt
CR	control region, kontrollrégió
CV	coefficient of variation, variációs együttható
Df	degree of freedom, szabadságfok
DNS	deoxyribonucleic acid
dNTP	deoxynucleotide triphosphates, dezoxinukleotid trifoszfátok
EAAP	European Federation of Animal Science, Európai Állattenyésztők Szövetsége
EC	electrical conductivity, elektromos vezetőképesség
ELISA	enzyme-linked immunosorbent assay, enzimhez kötött immunszorbens vizsgálat
eLOG	natural logarithm, természetes logaritmus
E2	oestradiol, ösztadiol
FA	fatty acid, zsírsavak
FSH	follicle-stimulating hormone, tüszőérlelő hormon
GLM	general linear model, általános lineáris modell
GnRH	gonadotropin-releasing hormone, gonadotropinfelszabadító hormon
HPOA	hypothalamic-pituitary-ovarian axis, hipotalamusz-hipofízis-petefészek tengely
HG	haplogroup, haplocsoport
HT	haplotype, haplotípus
Ig	immunoglobulin, immunglobulin
Kr. e.	Krisztus előtt
LF	lactoferrin, laktoferrin
LH	luteinizing hormone, luteinizáló hormon
LPL	lipoprotein lipase, lipoprotein lipáz
LSM	least-squares mean, legkisebb négyzetek módszerével kapott átlag
MHC	major histocompatibility complex, fő hisztokompatibilitási rendszer
MJKSZ	Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség
MP	metabolisable protein, metabolizálható fehérje
NDF	neutral detergent fibre, neutrális detergens rost
NEB	negative energy balance, negatív energetikai egyensúly
NEI	net energy of lactation, laktációs nettó energia
NOS	nitrogen monoxide synthase, nitrogén-monoxid-szintáz
PCR	polymerase chain reaction, polimeráz láncreakció
PLF	precision livestock farming, precíziós állattenyésztés
PRNP gene	prion protein gene, prion fehérje gén

P4	progesterone, progeszteron
PG F _{2α}	prostaglandin F2 alpha, proszttaglandin-F2 alfa
SA	serum albumin, szérum albumin
SCN	suprachiasmatic nuclei, szuprachiaszmatikus magvak
SD	standard deviation, szórás
SEM	standard error of mean, átlag standard hibája
SCC	somatic cell count, szomatikus sejtszám
SHK	subclinical hyperketonaemia, szubklinikai hiperketonaemia
TS	tensile strength, szakítószilárdság
STR	short tandem repeats, rövid tandem ismétlődések
THI	temperature-humidity index, hőmérséklet-páratartalom index
TMR	total mixed ration, teljes takarmánykeverék
TSE	transmissible spongiform encephalopathy, fertőző szivacsos agyvelőbántalom
Tukey HSD	Tukey's honestly significant difference test, Tukey-féle szignifikancia teszt
UD	uterine diseases, méhbetegségek
UIP	undegradable intake protein, bendőben nem lebomló fehérje
VATEM	video based optometric system, videoanalizációs testméretfelvételi rendszer
VLDL	very-low-density lipoprotein, nagyon alacsony sűrűségű lipoprotein
vs.	versus, szemben

1. BEVEZETÉS

1.1. A kutatások előzménye

Háziasításnak azt a folyamatot nevezzük, amelynek során az ember tevékenysége révén megszelídíti a vadállatokat és a használatnak megfelelően nemzedékek során átalakítja, hasznosítja ivadékaikat. Ennek szakaszait különböztetjük meg: pre-produkció, produkció és szuperprodukció. A korábbi szakirodalmak (Matolcsi, 1975; Bökönyi, 1978) a háziasítást, az emberiség egyik legnagyobb kultúrtörténeti tettét kölcsönösnek és kétoldalúnak írják le, amelyben mind az ember, mind az állat egyaránt jut valamilyen előnyhöz. Nagyjából a XX. század közepétől lépett a háziasítás a harmadik szakaszába. Ez a szuperprodukciós szakasz már szakosított egyhasznú, korán érő, csúcsteljesítményű, az iparszerű termelés technológiájához alkalmazkodni képes állatokat és a hozzá szükséges szakmai felkészültséget és felszereltséget igényelt meg. Az utóbbi évtizedekre az intenzív termelés és a mesterséges környezet egyre megterhelőbbé vált az állati szervezetre és az állat gyakori megbetegedéséhez, kóros viselkedésének kialakulásához vezetett, s ennek folyamányaként már erős etikai aggályokat is felvetett (Werkheiser, 2018). Ezt az állapotot felismerve, kötelessége az emberiségnek fokozottabban, mint korábban újratereket és megőrizni az ember és az állat közös harmóniáját. Ennek érdekében fogalmazódtak és szigorodtak meg az állatvédelmi intézkedések (Györkös és mtsai, 2008), illetőleg a terjedőben lévő precíziós állattenyésztésnek (PLF, *Precision Livestock Farming*) köszönhetően áll át a termelés folytathatóvá és állatközpontúvá, amelyben az optimalizált termelés mellett megőrződik a termelő állatok egészsége és a termelés fajlagos környezetterhelése is csökken (Komlósi, 2012).

Az Európai Állattenyésztők Szövetsége (EAAP, *European Federation of Animal Science*) Bizottságot hozott létre (*Commission on Precision Livestock Farming*; EAAP PLF), hogy ösztönözze az olyan kiváló tanulmányok ismertetését, amelyek az alábbi területeket érintik: hatékony állati termelés, egészségügyi problémák (pl. tüdőgyulladás, sántaság, légúti megbetegedések) korai előrejelzése érzékelők segítségével, állatjólléti monitorozás, az állat közösségi-viselkedési hálózata, szaporodás és vemhesség monitorozása, továbbá a növekedés, a küllem, az egyedi takarmányozás hatékonyságának automatizált nyomon követése. Európában és az Egyesült Államokban aktív iparágak működnek a PLF termeléshez kapcsolódóan. Kifejlesztett eszközök sokasága áll rendelkezésre, mint például kamerák, különféle érzékelők, gyorsulásmérők, valós idejű helymeghatározó rendszerek, illetőleg számítógépes programok az így nyert digitális jelek feldolgozására, valós idejű értelmezésére, a döntéshozatal előkészítésére minden tenyésztett állatfaj számára, beleértve a halakat és a legelő állatokat (Kleen és Guatteo, 2023).

A PLF egyik eleme az érzékelő. Ez olyan eszköz, amelyet általában az állat visel és valaminek a rögzítésére vagy az abban létrejövő változás megállapítására használnak (Halas, 2017). A tejhasznú szarvasmarha technológiája a legfelszereltebb a szenzorok vonatkozásában. Ilyen például az elektromos füljelző, az ivarzás és ellés megfigyelő (Galon, 2010), kérődzésaktivitás megfigyelő, mozgás megfigyelő (ennek egyik változata az akcelerométer), melyek a jövőben integrálhatók élettani adatokkal (Cerri és mtsai, 2021) az állati jóllét megállapítására, továbbá bizonyos betegségek veszélyének előrejelzésére (Sturm és mtsai, 2020) alkalmasak. Vannak érzékelők, amelyek az állaton kívül gyűjtik a jeleket, például a kamerák, mikrofonok, fejkészülékbe épített érzékelők a viselkedés, a kondíció, a termelés un. *real-time, in-line* analíziséhez (Rutten és mtsai, 2013). A PLF rendszere kiegészül az algoritmussal. Az algoritmus

matematikai utasítások vagy szabályok halmaza, amely segít adott probléma szabványosított iteratív folyamat keretében történő megválaszolásában (Hossain és mtsai, 2022). Ezekhez járul még az algoritmus, amit az üzem menedzsment programjának is nevezhetünk, ami a feldolgozott adatokból feladatokat küld a világhálón, mobil telefonon az üzemi dolgozók számára a kérdéses egyedek ellenőrzését, kiszolgálását, kezelését illetően (Michie és mtsai, 2020). A PLF záró elemeként a számítógépes hálózatokat (*interface*) emelik ki. Ezáltal az üzemek adatai nagyobb egységet képezve összekapcsolódnak, támogatva az adott fajta és környezete továbbfejlesztését (Schuetz és mtsai, 2018).

Az utóbbi két évtizedben Magyarországon is örömdetesen megjelentek a precíziós állattenyésztés eszközei, főként nagyüzemi telepeken, ahová a nemzetközi fajták tartásához az ezeket kiszolgáló importált technológia, *knowhow* is megérkezett. A Kormány az 1456/2017. (VII. 19.) Korm. határozattal döntött a Digitális Jólét Program kibővítéséről (Digitális Jólét Program, 2019). Magyarország Digitális Agrár Stratégiája céljának teljesüléséhez szükséges, hogy a precíziós gazdálkodás – beleértve a precíziós állattenyésztést/állattartást – minél szélesebb körben alkalmazásra kerüljön. Javaslatként szerepelt a mezőhegyesi Nemzeti Ménesbirtok és Tangazdaság Zrt., mint alkalmas tesztkörnyezetet digitális agrár mintagazdasággá történő fejlesztése. A precíziós állattenyésztés lehetőségeinek hazai széleskörű terjesztése, a precíziós megoldások kutatóinak, fejlesztőinek, gyártóinak és felhasználóinak összekapcsolása, a Föld természeti erőforrásainak, biodiverzitásának és fenntartható környezete megőrzésének céljával évek óta formálódott, majd 2023-ban megalakult a Magyarországi Precíziós Állattartásért Egyesület. A Precíziós Gazdálkodás Interaktív Magazin 2022 óta támogatja a gazdálkodókat folyamatos fejlesztésekkel és naprakész, hiteles tudásátadással, ami helyet ad az állattenyésztési vonatkozású közleményeknek is. A PLF elsődlegesen az iparszerű nagyüzemi állattartásban terjed, és egyúttal tovább mérsékli az emberi jelenlétet (humán erőforrás-szükséglet). Ennek hatása több vonatkozásban (állatorvos, állatgondozó, ember-állat viszony) messzire lesz érzékelhető, amit itt a terjedelmi korlátok miatt éppen csak szóba hozok. Ugyanakkor, a precíziós állattartás napi fontossága, és az idővel gazdaságossá váló beszerezhetősége okán tágabbra nyitja a kapuit a kisebb üzemek és a külterjes állattartás számára is (Biszkup és mtsai, 2023).

1.2. Az értekezés felépítése, célkitűzései

A PhD fokozatom megszerzése utáni kutatómunkám precíziós állattenyésztés témakörébe sorolható eredményeimet mutatom be MTA doktori értekezésemben. Ezek önállóak, egyikük sem PhD-hallgatóimmal közösen végzett kutatások eredményei, mindemellett, saját kutatásaimba igyekeztem együttműködőket bevonni hazánkból, és külföldről is. Nagy segítséget nyújtottak ebben munkahelyem, az Állatorvostudományi Egyetemen dolgozó munkatársaim, valamint a magyar- és idegen nyelvű képzésében résztvevő szakdolgozatos hallgatóim. Így a hazai pályázati források biztosította lehetőségek mellett külföldi vizsgálatokra is alkalom nyílt, amelyek eredményeiről rangos lapokban számolhattunk be a nemzetközi nyilvánosság előtt. Társszerzők kerültek ki Ausztriából, Izraelből, Írországból, Norvégiából és Szlovéniából, és természetesen hazánkból is, összesen hat különböző intézményből.

A precíziós állattenyésztés Berckmans (2017) megfogalmazásában „*az állategyedek egészségének, jóllétének, termelésének és szaporodásának, valamint az egyedre érő környezeti hatásoknak a folyamatos, automatizált és valós idejű nyomon követése*”. Ezzel a tömör definícióval én is azonosulok, és a benne említett területek többekén folytattam le vizsgálataimat és készítettem el

MTA doktori értekezésemet. Kutatásokat végeztem az egyedek egészségének és jóllétének *online* monitorozásában, kutatásokat végeztem az egyedek termelésének és az egyedeket érő környezeti hatás (és ennek következményei) monitorozásában már a 2000-es évek legelejétől kezdődően. Vannak szerzők (Gengler, 2019; Miles, 2019), akik a genom-vizsgálatokat is a precíziós állattenyésztés részeként tartják nyilván, szót adva annak, hogy a digitalizáció, sajátos algoritmusaival előbb jelent meg a „biológiai oldalon”, a genetikai anyag feldolgozásában, mint az állattenyésztés „műszaki oldalán”. Amerikai kutatók (ARS, *Agricultural Research Service*) kezdeményezték a mezőgazdasági „*genome to phenome*” programot a precíziós mezőgazdaság zászlója alatt kitűzve (Truggle és mtsai, 2022). Ezért, értekezésemben az állategyedek örökítő anyagát is értékeltem a genetikai diverzitás leírása és pontosabb fenntarthatósága érdekében.

A korábbiak szerint felvázolva MTA doktori értekezésem három fő részből áll. A precíziós állattenyésztési kutatásaimon belül elkülönül a fenotípus ellenőrzésével megvalósított, a genotípus ellenőrzésével megvalósított és a környezet ellenőrzésével megvalósított kutatási rész. A kutatások állat alanyai fajuk, fajtájuk és hasznosításuk szerint különbözőek; a holstein-fríz a szakosított tejhasznú szarvasmarhát, a juhajták (waldschaf, bovec, cikta) és a székely ló a vegyes hasznosítású őshonos állatokat, míg az angol telivér a szintén intenzív galopp lovat jeleníti meg. Szeretném hangsúlyozni a történelmi fajták megjelenését a dolgozatomban, hiszen a precíziós állattenyésztés nem kizárólagosan az intenzív fajták és termelési környezet sajátja.

A fenotípus ellenőrzésével megvalósított kutatások célkitűzései

Az első cél a három fontos tejalkotó (tejcukor, tejfehérje és tejszír) napi energiatartalmának meghatározása volt a teljes laktáció során, hogy elsőként írjuk le ezek abszolút és relatív változásait a kimagaslóan nagy hozamú tejhasznú tehenekben. Ennek kiszámításához a fejésenkénti *online* mért beltartalmi értékeket és a tejmenyiséget használtuk föl.

A második cél a tej nagyüzemi körülmények között, *online* módon gyűjtött elektromos vezetőképességének (EC) vizsgálata volt az egészséges és klinikai tőgygyulladással diagnosztizált tehenekben a laktáció során. A köztük lévő különbséget, az EC genetikai paramétereit (öröklődhetőség és ismételhetség), valamint az elektromos vezetőképességre gyakorolt apa hatást becsültük meg.

A harmadik cél a frissen ellett tehenek jóllétének és általános egészségi állapotának fölmérése a kérődzési tevékenységük, a tejtermelésük és az élősúlyuk változásának követésével az „egészséges napok” és a „beteg napok” során két kóros állapot (szubklinikai hiperketonaemia, SHK és méhbetegségek, UD) bekövetkezésekor.

A genotípus ellenőrzésével megvalósított kutatások célkitűzései

Az első kutatásban célunk az volt, hogy valamennyi hazai őshonos juhajtában megállapítsuk a prion haplotípusok és -genotípusok gyakoriságát, valamint a kockázati kategóriákat, és összevessük azokat a 10 évvel korábbi eredményekkel a prevenció program hatékonyságának bizonyítása érdekében. Újdonságként megállapítjuk a prion gén génikus változatosságát a káros kodonok jelenlétének precízebb kimutatása céljából. A viszonylagos entrópia pontosabb és kézzelfoghatóbb kifejezésére bevezettük a relatív Shannon információs indexet.

A második kutatásban hipotézisünk az volt, hogy a modern genetikai ismeretek birtokában képesek leszünk a közös gyökereket kimutatni a közös eredetűnek tartott fajtákban. Ennek értelmében vizsgáltuk a waldschaf, a bovec és cikta fajták anyai genetikai hátterét az mtDNS

kontrollrégiójának (CR) szekvenciasorrendje alapján, mely információ alapot teremt a zaupel fajtacsoport genetikai jellemzőinek további fenntartásához.

A harmadik kutatás célja a fenotípusos tulajdonságai alapján az ősi székely lóval azonosnak tekinthető rekonstruált állomány anyai háttérének és genetikai felépítésének vizsgálata, mely eléréséhez a mitokondriális DNS D-hurkot (kontrollrégiót) elemezzük és hasonlítjuk más földrajzi régiók lovainak adataihoz.

A környezet ellenőrzésével megvalósított kutatások célkitűzései

Első célunk az ellés körüli vérplazma melatonin koncentrációjának megállapítása lóban – ugyanis még nem végeztek ilyen vizsgálatokat a vemhesség alatti vagy az ellés körüli időszak során háziállatfajokban, beleértve a lovat is. Hipotézisünk szerint a melatonin koncentráció a frissen ellett kancákban és újszülött csikóikban hasonló értékeket mutat az anya-magzat-placenta kapcsolat miatt. Második hipotézisünk az, hogy a hosszú távú kiegészítő megvilágítás befolyásolja az éjszakai melatoninintermelés intenzitását.

Második célunk annak fölmérése volt, hogy a késői vemhes telivér kancák számára biztosított kiegészítő mesterséges fénykiegészítés előidézhet-e változásokat az anyák és utódaik felszőrében az ellés idejére. Föltételeztük, hogy ez a hatás jelentős a szőr mechanikai tulajdonságaira nézve, és ahogyan a kancák reagálnak a fénykiegészítésre, ahhoz hasonlóan adnak választ a csikók is a felszőr következő vizsgált mechanikai tulajdonságaiban: szálhossz, szálátmérő, szálátmérő változás, szakítóerő, szakítószilárdság és megnyúlás.

2. A FENOTÍPUS ELLENŐRZÉSÉVEL MEGVALÓSÍTOTT KUTATÁSOK

2.1. A fenotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásaink irodalmi áttekintése

A tehéntej alapvető összetétele

A tej az emlősállatok olyan tápláló anyaga, amit az emberiség is ősidők óta fogyaszt. A tehéntej természetesen az újszülött borjak számára a tápláló- és immunanyagok elsődleges forrása. Röviddel az ellés előtt megkezdődik a főcstej (kolosztrum) kiválasztása a tőgybe. Ez sárgás színű, sós folyadék nagyon magas szérumfehérje tartalommal, és ellenanyagokat biztosít az újszülött védelmére, amíg annak a saját immunrendszere nem fejlődik ki teljesen. A kolosztrum összetétele 72 órán belül átáll a rendes tej összetételére, de a rendelkezések szerint (1/2003. (I. 8.) FVM-ESZCSM együttes rendelet) a tej csak 8 nap elteltével használható emberi táplálékul. Ugyanakkor, ismertek kutatások, amelyek alátámasztják a kolosztrum fogyasztásának hasznosságát az emberi egészség megőrzésében (Jones és mtsai, 2014).

Nagy változást mutat időben a tejcukortartalom, ami az elléskori 2,7%-ról körülbelül 5%-ra emelkedik a laktáció csúcán. A tejcukor (laktóz) diszacharid, β -D-galaktózból és β -D-glükózból áll, amely a tőgysejtek Golgi-készülékében termelődik. Csak a tejben fordul elő, és a legtöbb faj tejében az elsődleges szénhidrátforrás (Leek, 1993). A laktóz a tej fő ozmotikus szabályozója, a tej teljes ozmotikus nyomásának körülbelül 50%-áért felelős (a többi a fehérje, ion, citrát stb.). A laktózt a bélben a laktáz galaktózzá és glükózzá hidrolizálja. A laktázaktivitás elsősorban a szoptatási időszakra korlátozódik, és az elválasztás után megszűnik.

A tejszír elsősorban trigliceridekből (vagy triacilgliceridekből) áll, amelyek a tömeg alapján a teljes tejszír 98%-át teszik ki. Egyéb tejlipidek (az összes tejszír százalékában) a következők: diacilgliceridek (0,25-0,48%), monoacilgliceridek (0,02-0,04%), fosfolipidek (0,6-1,0%), koleszterin (0,2-0,4%), glikolipidek (0,006%) és szabad zsírsavak (0,1-0,4%). A tejszír-trigliceridek a tőgy hámsejtjeiben szintetizálódnak. A tejszír-trigliceridek előállításához használt zsírsavak (FA) két forrásból származnak: a vér lipidjeiből (40-60%) és a tőgy hámsejtjeiben belüli, *de novo* szintézisből. A vérlipidek elsősorban nagyon alacsony sűrűségű lipoproteinekből (VLDL) származnak, amelyek a bél falában vagy a májban szintetizálódnak. A VLDL-ben lévő triglicerideket a lipoprotein lipáz (LPL) hidrolizálja a tőgy kapillárisaiban, ami szabad zsírsavakat, valamint diacilglicerideket, monoacilglicerideket vagy glicerint eredményez. A szabad zsírsavakat, monoacilglicerideket, diacilglicerideket és glicerint a tőgy hámsejtje veszi fel, majd azokat újra felhasználhatja a sejten belüli triglicerid szintézishez. A kérődzők takarmánya jellemzően kis lipidtartalmú, és a takarmány lipidjeit a bendő mikrobák metabolizálják. Ennek eredményeként a tehéntej FA összetételét csak részben szabályozza a takarmány milyensége (Hullár és Brand, 1993). A kérődzők táplálékában előforduló nem lebomló, védett (*bypass*) zsír lipidjei közvetlenül a bélbe jutnak, és a VLDL és a chliomikronok FA profiljának részévé válnak. A tehéntej FA összetétele bizonyos mértékben megváltoztatható a takarmányban lévő lipid megkerülésével. A rövid és közepes szénláncú zsírsavak előállítása a tőgy mirigyeiben, *de novo* szintézissel történik (szintézis a kezdetektől, vagy új zsírsavmolekulák szintézise a vérből fölszívódó prekursorokból). Az FA *de novo* szintézise a tőgy hámsejtjeinek citoplazmájában megy végbe (Garnsworthy, 1988; Jensen, 1995; Mather és Keenan, 1998). A *de novo* szintézishez rövid szénláncú (acetyl-CoA) és redukáló közeg szükséges. Kérődzőkben a FA-szintézishez használt szénforrás az ecetsav (acetát, a legfontosabb) és a β -hidroxivajsav (beta-hidroxibutiric acid, BHBA).

A tehéntej fő fehérjéi közé tartoznak a kazeinek, a β -laktoglobulin, az α -laktalbumin, a szérumalbumin és az immunglobulinok. Az összes fő tejfehérjét (kivéve a szérumalbumint és az immunglobulinokat) az emlőmirigy hámsejtjei szintetizálják a vérből kivont aminosavakból (AA). A kazein a tejben micellák (sűrű fehérjegranulátum) formájában található. A kazein molekulák részt vesznek a kalcium (Ca) ionos kötéseken keresztüli megkötésében. Vannak alfa-, béta- és kappa-kazeinek (α -, β - és κ -). A béta-kazein a tehéntej fő kazeinjé. A kazeinmicella az újszülött tápanyagforrása: aminosavakkal, kalciummal és foszfáttal járul hozzá az emésztéshez. A β -laktoglobulin (β -LG) a tej teljes tejsavófehérje-tartalmának mintegy 50%-a. Ez a legfontosabb tejsavófehérje a kérődzőkben. A β -LG funkciója a passzív immunitás átvitele, a tőgybeli foszfor-metabolizmus szabályozása és aminosav forrás az újszülött számára (Kontopidis és mtsai, 2004). Az alfa-laktalbumin (α -LA) a tej teljes savófehérje-tartalmának mintegy 25%-a. Ez a "B" fehérjéje a laktóz-szintetáz enzimkomplexnek. Emiatt a tejelválasztás szabályozása szempontjából kiemelten fontos. A kisebb arányban jelen lévő tejsavófehérjék között található a szérumalbumin (SA), amely nem a tőgy mirigyében szintetizálódik. A szérumalbumin funkciója a tejben nem ismert; de kimutatták, hogy kötődik a zsírsavakhoz, valamint más kis molekulákhoz. A tej immunglobulinjai (Ig) a következők: IgG1, IgG2, IgA és IgM. Az immunglobulinok nagyon magas koncentrációban vannak jelen a kolosztrumban, és sokkal kisebb koncentrációban a rendes tejben. A laktoferrin (LF) vasmegkötő és antibakteriális tulajdonságokkal rendelkező fehérje. A tehéntejben viszonylag kicsi az LF koncentrációja a laktáció alatt, de az involúciós időszakban, valamint a tőgygyulladás során megnő. A β 2-mikroglobulin (eredeti nevén lactolin) a *Major Histocompatibility Complex* (MHC) része. A tejben való szerepe nem ismert. A tejben számos más enzim is található, köztük: proteázok, proteázaktivátorok, nukleázok, glikozidázok és mások. A tejfehérjék a tejmirigyek működésében (például az α -laktalbumin szerepe a laktózsintézisben) és az újszülött táplálkozásában és egészségében betöltött jelentőségük (úgyis, mint funkcionális élelmiszer; Balivo és mtsai, 2024) mellett az előállított tejtermékek, például sajtok, sütőipari termékek stb. szempontjából is jelentősek (Mephram, 1983; Burgoyne és Duncan, 1998).

A tej elektromos vezetőképessége

A tőgygyulladás okozza a legnagyobb gazdasági veszteséget a tehenészetben. Ezért elengedhetetlen a tőgygyulladás pontos és korai felismerése, lehetőleg szubklinikai formájában. Különösen fontos, hogy a gazdaságok alkalmazzák a számítógépes telepírányítási programokat a nagy hozamú tehenek jó egészségi állapotának és termékenységének fenntartása érdekében. Az adatok nagy része automatikusan gyűlik és rögződik hozzáférést biztosítva minden további elemzés számára. A tőgygyulladás eredete lehet fizikai trauma; a tőgygyulladásnak azonban általában a tőgymirigy mikrobiális inváziója az okozója, amely kóros elváltozásokhoz vezet magában a mirigyállományban, valamint a tejben fizikai és kémiai változásokat idéz elő. A tőgygyulladás, amellyel, hogy szenvedést okoz az állatnak, a tejtermelés csökkenésével jár együtt, továbbá közegészségügyi kockázatot is jelent. A betegséget, ami gyakrabban fordul elő magas hozamú tehenekben általában jóváhagyott antibiotikumokkal kezelik. A szubklinikai tőgygyulladás sikeres kezelése nemcsak az egyes tehen egészségi állapotát javítja, hanem az állomány többi egyedére is közvetett hatást gyakorol a patogén mikroorganizmusokkal való közvetlen érintkezésük csökkenése által (Hogeveen, 2005). A tőgygyulladás klinikai megjelenése szerint szubklinikai és klinikai (perakut, akut, szubakut, krónikus) formákra osztható. Szubklinikai tőgygyulladásban mikrobiális sejtenyészéssel és speciális tesztekkel kimutatható a mikroorganizmusok jelenléte, illetőleg a szomatikus sejtszám megemelkedése a tejben (Hutton és mtsai, 1990). A szomatikus sejtszám (SCC) meghatározása (vagy csak a küszöböt - 400.000 sejt/ml - meghaladó érték detektálása) különböző módszerekkel történhet (pl. *California Mastitis*

Test (CMT), Wisconsin vagy a NAGase masztitisz tesztek, infravörös termográfia; Jánosi és Baltay, 2004; Tommasoni és mtsai, 2023). Alkalmazható radiális immundiffúziós teszt is, amely a tej hámkárosodás következményeként megemelkedett szérum albumin koncentrációját mutatja ki. Egy másik módszer az anti-tripszin teszt, amely a tej tripszin-inhibitor kapacitását méri, ami normál esetben alacsony. Közvetlen mikrobiológiai vizsgálatok a főbb kórokozókat azonosítják és határozzák meg azok antibiotikum érzékenységi mintázatát. Újabb hatékony genetikai diagnosztikai módszer a PCR (polimeráz láncreakció) alkalmazása a *Streptococcus agalactiae* kimutatására (Jiusheng és mtsai, 2008).

A tej elektromos vezetőképességének (EC) mérése ígéretes és gyors módszer a szubklinikai tőgygyulladás kimutatására (Fox és McSweeney, 1998). Elve a nátrium, kálium, de különösen a klorid és más szabad ionok koncentrációjának mérésén alapul, amelyek közvetlenül arányosak az elektromos vezetőképességgel. A normál tejben a Cl^- koncentrációja megközelítőleg 75-130 mg/100ml, azonban a gyulladás miatt a szabad Cl^- mennyisége 111-198 mg/100ml-re emelkedik. Ezek a változások gyorsan bekövetkezhetnek, a kialakuló tőgygyulladás típusától függően (Kitchen, 1981). Ennek eredményeként a K^+ a sérült hámsejtek között a tejből a vérbe áramlik. Ezzel párhuzamosan, a vérben magas koncentrációban található nátrium a tejbe szivárog (Auldist és mtsai, 1995). A K^+ távozása miatt a tej pH-ja megemelkedik. Egyúttal, ha a tej szabad ion koncentrációja megnő, a vezetőképessége is nő (normál tejben a specifikus konduktivitás $4-5,5 \times 10^{-3} \text{ ohm}^{-1} \text{ cm}^{-1}$). Nielen és mtsai (1992) és Hamann és Zeconi (1998) (cit. Norberg, 2005) az egészséges, szubklinikailag fertőzött és klinikailag fertőzött tehenek EC-értékeit 5,3 ($\pm 0,03$), 5,75 ($\pm 0,04$) és 6,73 ($\pm 0,06$) mS (milliSiemens; a zárójelben lévő adatok standard hibákat jelentenek) között mérték. Az EC számos modellje került kidolgozásra a tőgygyulladás kimutatása céljával. Ezek némelyike egyszerű küszöbmodell, melyben a küszöb alatt értékelt egyedeket fertőzöttnek tekintik. Mások összetett statisztikai modellek, mint például a De Mol és Ouweltjes (2001) által javasolt Kálmán-szűrővel kombinált idősoros modellek. Továbbá, Therdthai és Zhou (2001) mesterséges neurális hálózati módszert javasoltak az elektromos vezetőképesség modellezésére. Ez a módszer pontosan meghatározza a tej különböző összetevőinek, például a laktóznak, a fehérjének és a zsírnak, valamint a hőmérsékletnek a rekombinált tej (porított tejből víz hozzáadásával előállított tej) elektromos vezetőképességére gyakorolt hatásának nemlineáris összefüggését. Az elektromos vezetőképesség növekedésének hátterében a tejcukor baktériumok által tejsavvá történő átalakulása áll (a tőgykórokozók közül a tejsavbaktériumok esetében). Ismert azonban a tejcukorszintézis gátlása is a tőgygyulladás során (Pyörälä, 2003).

Norberg (2005) szerint az EC kezdeti, közvetett mérési módszere a fertőzött teheneknek körülbelül a 80%-át észlelte. Később, a közvetlen érzékelők kifejlesztésével megváltozott a mérési módszer, a közvetlen érzékelők korszerűbb változatai mind a négy tőgynegyeden képesek mérni a vezetőképességet. A különböző negyedek vezetőképességének összehasonlításával a tőgygyulladás helye pontosabban kimutatható. Általánosságban elmondható, hogy az EC mint a tőgygyulladás kimutatására szolgáló indikátor sikeressége korlátozott. Ennek fő oka, hogy a tej vezetőképességét számos tényező befolyásolja (az egyed, állomány, fajta; a laktációs szakasz és fejési időköz; a tejszírtartalom; a takarmány mennyisége és összetétele; a tej hőmérséklete, valamint a mintavétel és az elemzés közötti időtartam; szennyeződés, tejből kiváló anyagok vagy zsírlerakódás az érzékelő elektródáján).

A tejhasznú tehen kérérdzésben töltött ideje

A nagyüzemi tehenészeti telepek számára került kifejlesztésre a „hangjelző” („vocal tag”, Lely QWES-H/HR), ami különleges nyak transzponder, számítógépes kérérdzésfigyelő rendszerével,

azért, hogy a tehenek általános egészségi állapotáról *online*, valós idejű tájékoztatást (különös tekintettel az oltógyomor helyzetváltozás fölléptére, AD) adjon az üzemi menedzsment számára.

Amikor a szarvasmarhák takarmányt vesznek föl, akkor azt a lenyelést megelőzően nem rágiák meg teljes mértékben. A bendőbe így módon bekerült takarmány részeket (kérőt, bólusokat) az állatok a kérődzés alkalmával visszajuttatják a szájüregbe, majd a végső lenyelés előtt alaposan megrágják. A kifejlett szarvasmarhák naponta körülbelül nyolc órát kérődznek, 4-24 periódusban, amelyek mindegyike 10-60 percig tart. Az elsődleges összehúzódnások alatt a lenyelt és már emészthető anyag a bendőben 1-2 percenként keveredik, a szájrétű-, majd az oltó gyomorba jut. A másodlagos ciklus hasonló időközökkel böfögéssel (eruktáció) járó keverést eredményez. A szilárd táplálék rostos része a közvetlen következő előgyomor szakaszban, a recésgyomorban (reticulum) kis gombócokká alakul. A kérő felöklendezésére (regurgitáció) ekkor kerül sor. Az összehúzódnások nagysága és formája összefügg a durva részecskék és a keletkező gázok mennyiségével, amelyek nyomást gyakorolnak a retikulumra, vagy a bendőoszlopokra (Blikslager és mtsai, 2004).

Lindström és Redbo (2000) kimutatta, hogy a takarmány szájüregben való mozgatása a bendő teltségétől függetlenül a kérődzőkben állatjólléti szerepet is betölt. Egy bizonyos idejű kérődzés naponta fontos ahhoz, hogy a szarvasmarhák kielégítsék természetes viselkedésüket. Azok az egyedek, amelyek ebben korlátozást szenvednek, frusztrálttá válhatnak, és olyan sztereotípiákat alakíthatnak ki, mint a nyelv öltögetése vagy a berendezés harapdálása.

A bendőtevékenység különböző klasszikus módszerrel értékelhető, mint pl. megtekintés, tapintás, hallgatózás, kopogtatás, ballotálás, rektális- és laparoszkópiás vizsgálat vagy a bendőtartalom értékelése (Radostits, 2000). A bendőbeli aktivitás azonban közvetetten is értékelhető az úgynevezett „vocal tag” (*ruminant meter*) használatával. A kérődzési aktivitás változása a legkorábbi figyelmeztető jel, amely tájékoztatja az állatorvost a lehetséges egészségügyi problémákról. A transzponder és az olvasó közötti kommunikáció infravörös sugáron alapul. A nyak transzponder rögzíti a kérődzés idejét, a rágási ritmust és a felöklendezések közötti intervallumok hosszát.

A bendőizomzat aktivitását befolyásoló fő tényező az elfogyasztott takarmány mennyisége és a takarmányadag összetétele (Lindgren, 2009). A rágás serkenti a nyáleválasztást. A nyál megkönnyíti a nyelést és mivel nagy koncentrációban tartalmaz hidrokarbonát- és foszfát puffereket, elősegíti a bendő pH-jának a mikrobiális aktivitásra alkalmas határok között (6,3-7,1) tartását (Blikslager és mtsai, 2004). A takarmányrészecskék hosszának csökkentése csökkenti a szarvasmarhák rágással eltöltött idejét, savasítja a bendőt és fokozza a részecskéknek a bendőből való tovahaladási sebességét, csökkenti a rostbontást és következményesen a tejszírtartalmat (Beauchemin és mtsai, 1997; Couderc és mtsai, 2006). A kérődzés időtartamában jelentős eltéréseket találtak a takarmányadagok között; a hatékony rosttartalomhoz viszonyítva a túl sok keményítő és a könnyen fermentálható szénhidrát csökkenti a rágási aktivitást. Ennek következményeként csökken a nyáltermelés és a bendő pH-ja, ami megváltoztatja az erjedési folyamatokat és olyan anyagcserezavarokra hajlamosít, amelyek hátrányosan befolyásolják az egészségi állapotot, a közérzetet és a termelési szintet (Lindgren, 2009).

A kérődzési aktivitásban a fajták (Welch és mtsai, 1970), valamint a testméretek (Bae és mtsai, 1983) közötti különbségekről számoltak be, ami arra utal, hogy a nagyobb takarmányfőlvevő képességgel rendelkező állatoknak rövidebb időre van szükségük a rágáshoz és a kérődzéshez. Az állománysűrűség és a csoportosítási stratégiák hasonlóképpen jelentős szerepet játszanak a kérődzési tevékenységben. A tejelő tehenek számára rendkívül fontos az elegendő kérődzési időt fekvő és pihenő viselkedéssel biztosítani. A szociális stressz, mint például a túlzásúfolttság és a takarmányért és a szabad helyért folytatott verseny jelentősen csökkentheti a kérődzési

aktivitást. A megnövekedett fekvés a lábakra nehezedő stressz és a sántaság előfordulásának csökkenésével, a tőgy fokozott véráramlásával is összefügg. A fekvésidő maximalizálása végső soron csökkentheti az egészségügyi költségeket, növelheti a termelékenységet és javíthatja a tehenek jóllétét (Kai és mtsai, 2009).

Súlyos anyagcserezavar, a ketózis, illetőleg a vér magas ketonanyag (aceton, acetecetsav és béta-hidroxi-vajsav) szintje jellemzően a tejelő tehenek laktációjának korai szakaszában jelentkezik, ami intenzív lipidmobilizációval és nagy szöveti glükóz igénnyel és ezáltal energiahányos állapottal (negative energy balance, NEB) jár együtt. A szubklinikai ketózis (megnövekedett ketonanyag-koncentráció a vérben) a klinikailag kimutatható betegség előzetes fázisának, egyúttal a termelési és szaporodási mutatók romlása előrejelzésének tekinthető.

Az elhúzódó involúció a placenta autolíziséhez kapcsolódik, és kiválthatja a méh fertőződését. A méh lumenében a baktériumok elszaporodása és toxinjaik felszívódása metritishez vezet. Sheldon és mtsai. (2006) az ellés utáni méhbetegségek különböző formáit különböztették meg. Bajcsy és mtsai. (2005) számszerűsítették a méhösszehúzódás mintázatában bekövetkező élettani változásokat. A kockázati tényezők, mint például az ellési bénulás (Risco és mtsai, 1994), a nagy tejtermelés, a negatív energiamérleg (Butler, 1997) vagy a méhfertőzések (Mateus és mtsai, 2002) gyakran felelősek az involúció elhúzódásáért és az első fertilis ivarzás késői jelentkezéséért. A méhfertőzésekkel szemben a tehenek ivarzásuk során ellenállóbbak, és mivel a tehenek több ivarzási cikluson mennek keresztül az ellést követően, a méhbetegségek gyakorisága idővel csökken. A méhbetegségek kezelésére a luteolitikus dózisokban alkalmazott proszttaglandin (PG) F2 α vagy analógjai terjedtek el (Kahn, 2005).

2.2. Anyag és módszer

2.2.1. A fő tejalkotók *online* mérése és az általuk közvetített energiamennyiségek alakulásának megállapítása a laktáció során nagy tejű tehenekben

Erre a vizsgálatra a Beit-Hashita kibucban, annak 309 izraeli holstein-fríz tehene bevonásával került sor. Az adatok rögzítése 1996 és 2000 között történt. A laktációk hosszának, amit a feldolgozásban 315 napig követtünk el kellett érnie a 240 napot. Minden téhennek legalább 10 befejeési napja volt, és ezek kiegyenlítetten, a teljes laktációból származtak. Az egy apára jutó átlagos leányivadékszám 6,6 volt.

A számításokhoz felhasznált nyers adatok a következők voltak: a téhen azonosító száma, a laktáció száma, az apa azonosító száma, a napi laktóz-, fehérje- és zsírszázalék, valamint a hozzá tartozó tejhozam, ezek rögzítésének, valamint az elléseknek az időpontja. A tejcukor, a tejfehérje és a tejszír napi hozamát a százalékos értékek és a tejhozam felhasználásával számítottuk ki.

Továbbá, négy új paramétert hoztunk létre tejösszetevőnként: 1) a napi tej-, laktóz-, tejfehérje- és tejszír mennyiség teljes energiamennyisége (ADEMilk, ADELactose, ADEProtein és ADEFat; MJ), 2) a napi tej-, laktóz-, tejfehérje- és tejszír mennyiség viszonylagos energiamennyisége (RDEMilk, RDELactose, RDEProtein és RDEFat; %), valamint a tejösszetevők szerinti legmagasabb viszonylagos energiamennyiség elérésének 3) az ideje (TimeHRDELaktóz, TimeHRDEProtein, TimeHRDEFat; tejelő nap) és 4) a szintje (HRDELactose, HRDEProtein, HRDEFat; %). A tej energiatartalmát elsősorban három alapvető összetevő alkotja: laktóz (szénhidrát), fehérjék és zsír. Számításunkban a főbb tejösszetevők energiatartalmaként a következőket vettük alapul: a

laktózé 17,2 kJ/g, a fehérjéé 23,5 kJ/g, a zsíré 39,4 kJ/g. A különböző tejkomponensekből származó abszolút napi energiamennyiség megajoule-ban (MJ) a megfelelő napi hozam grammban (g) és az egységnyi energiatartalom (kJ/g) szorzata volt. A laktóz, a fehérje és a zsír viszonylagos napi energiamennyisége megegyezik a saját energiamennyiségük laktációs átlagától való százalékos eltéréssel. A legmagasabb relatív napi energiamennyiség elérésének átlagos időpontját az egyedi értékek felhasználásával számítottuk ki.

A tendenciák kimutatása érdekében a laktózból, fehérjéből és zsírból származó abszolút és relatív napi energiamennyiség változását grafikusán ábrázoljuk, ahol a mutatók tejelő napok szerinti lefutását a legkisebb négyzetek elvén illesztett függvénnyel jelenítjük meg.

A legmagasabb napi relatív energiamennyiség (TimeHRDE) ideje mediánjainak kiszámításához túlélés-elemzést alkalmaztunk több csoport összehasonlításával, a kiugró adatok cenzorálása (21%) mellett.

A legmagasabb napi relatív energiamennyiség (HRDE) szintjének becsléséhez az alábbi lineáris vegyes modellt (III. típusú, ortogonális) használtuk:

$$HRDE_{ijklm} = \mu + \epsilon v_i + laktáció_j + tejösszetevő_k + apa_l + hónap_m + hiba_{ijklm}$$

ahol,

μ	- a mutató főátlaga,
ϵv_i	- az év fix hatása (1-5),
$laktáció_j$	- a laktáció számának fix hatása (1-3),
$tejösszetevő_k$	- a három fő tejkomponens fix hatása (1-3),
apa_l	- az apa véletlen hatása (1-99),
$hónap_m$	- a hónap fix hatása (1-12), és
$hiba_{ijklm}$	- a maradék variancia.

Az összes adatelőkészítést és -feldolgozást a STATISTICA6 (StatSoft Inc., 2003) programcsomaggal végeztük.

2.2.2. A tej elektromos vezetőképességének *online* mérése és értékelése a laktáció alatt egészséges és klinikai tőgygyulladásos tehenekben

A vizsgálatot az izraeli Golán-fennsíkon egy nagyüzemi tehenészetben végeztük, ahol 1556 állatot tartottak, ebből 826-ot fejtek (átlagos laktációs hozam 11 150 kg tej). Az adatok 4 éves időszakra vonatkoznak (2004-2007). A következő paramétereket válogattuk le az AfiMilk rendszerből (S.E.A. AFIKIM, 2007) és készítettük elő a számításokhoz: azonosító szám, születési idő, pedigrée (két ősi sorral), laktációk száma, ellés időpontja, napi tejhozam (MY, kg), a tej napi elektromos vezetőképessége (EC, mS; tőgynegyedek átlagaként), a tőgygyulladás diagnózisának dátuma, a tőgygyulladás diagnózisától számított idő (TMD, nap).

a) A tej napi elektromos vezetőképességének és a napi tejhozam értékelése a laktáció alatt.

Ebbe az elemzésbe azokat a teheneket (81 tehén, tulajdonságokként 8403 megfigyeléssel) vontuk be, amelyek egynél több laktációt teljesítettek, legalább 308 napig tejeltek (44 hét), és a leggyakrabban használt három bika ivadékai. A kiválasztott tehenek közül 36 tehénben

diagnosztizáltak legalább egyszer klinikai tőgygyulladást (ebből 6-ot kétszer diagnosztizáltak, összesen 1887 megfigyeléssel). A 45 egészséges tehénnek 6516 rögzített adata volt.

b) A tőgygyulladásban diagnosztizált tehenek napi elektromos vezetőképességének és napi tejhozamának értékelése a tőgygyulladás diagnózisának napja körül.

Az EC-t az a) és b) feldolgozásban általános lineáris modellel elemeztük a következő hatásokkal:

$$Tulajdonság_{ijklmn} = \mu + M_i + Apa_{j(i)} + L_k + Y_l + S_m + W_{n(i)} + \varepsilon_{ijklmn}$$

ahol,

$Tulajdonság_{ijklmn}$	- EC és MY külön menetben feldolgozva,
μ	- a mutató főátlaga,
M_i	- a) a masztitisz állapot fix hatása (2), - b) TMD fix hatása (15; -7 és +7 között),
$Apa_{j(i)}$	- a) apa fix hatása (3; masztitisz állapot fix hatásába ágyazva), - b) apa fix hatása (3),
L_k	- a laktáció számának fix hatása (3),
Y_l	- a termelési év fix hatása (4),
S_m	- a termelési évad fix hatása (2; 1 XI-V. téli félév, 2 VI-X. nyári félév hónapjai),
$W_{n(i)}$	- a) a laktáció hete fix hatásai (44; masztitisz állapot fix hatásába ágyazva), - b) a mintavételi nap fix hatása (308),
ε_{ijklmn}	- maradék variancia.

Az EC és a MY változását Duncan post hoc teszttel ellenőriztük (Statistica, StatSoft, Inc., 2005). Az

a) feldolgozásban a megfelelő heti teljesítmények összehasonlítását végeztük. A b) feldolgozásban a TMD kezdeti értékét (-7. nap) használtuk összehasonlítási alapként.

c) Az EC öröklődhetőségének (h^2) és ismételhetőségének (R) becslése a teljes tehenpopulációban.

A h^2 az additív genetikai variancia és a fenotípusos variancia aránya. Az ugyanazon állat ismétlődő tulajdonságai közötti hasonlóság mértékét ismételhetőségnek nevezzük, ami a genetikai variancia, az ideiglenes környezeti variancia és a fenotípusos variancia aránya. A pedigre 251 állatot tartalmazott. Az elektromos vezetőképesség h^2 és R értékét a Restricted Maximum Likelihood módszerrel (Meyer és Hill, 1997) becsültük meg a következő fix regressziós modell segítségével:

$$EC_{ijklmnop} = htd_i + \sum_{j=0}^3 \phi(t)_j L_{jk} + Y_l + S_m + MY_n + a_o + p_p + \varepsilon_{ijklmnop}$$

ahol,

$EC_{ijklmnop}$	- a tej elektromos vezetőképessége,
htd_i	- a mintavételi nap fix hatása (308),
L_{jk}	- a laktáció számának fix hatása (3),
ϕ_j	- a j-edik Legendre polinom fix hatása,
t	- a laktációs hónapok fix hatása (12),
Y_l	- a termelési év fix hatása (4),
S_m	- a termelési évad fix hatása (2; 1 XI-V. téli félév, 2 VI-X. nyári félév hónapjai),
MY_n	- a napi tej hatása, mint kovariáns,
a_o	- random additív genetikai hatás,
p_p	- random állandó környezeti hatás,
$\varepsilon_{ijklmnop}$	- random maradék hatás.

A genetikai paraméterek becslésére a REMLF90 szoftvert használtuk (Misztal, 1999).

2.2.3. A kérődzés aktivitásának mint az állatjóllét jelzőjének *online* nyomon követése és a termelési tulajdonságokkal való kapcsolatának értékelése nagy tejű tehenekben

Az adatokat 2 éves időszak alatt (2008 és 2009) gyűjtöttük három tipikus izraeli farmról. Minden szubklinikai hiperketonaemiával (SHK) és/vagy méhbetegséggel (UD) diagnosztizált tehenet kiválasztottunk a vizsgálatra. Az adatbázisban az érintett 96 tehen 182 egyedi esetet (az ismétlődés és többszörös kóresetek miatt) képviselt, ebből 20 SHK-val és 84 UD-val diagnosztizált volt. Tulajdonságokként (kérődzés aktivitás, napi élő súly és napi tejmenyiség) összesen 1638 adat került feldolgozásra. A takarmányozás alapja a TMR (Total Mixed Ration) volt, amelyet központi takarmány-előállító üzem biztosított. A tehenészetekben a tejelő tehenek takarmányának több mint 90%-át a jó minőségű szilázs tette ki. A szilázs és a fűszéna szenázs a takarmányadag teljes szárazanyagtartalmának körülbelül 50%-át adta. Az abrak elsősorban kukorica- (55%) és árpadarából (10%) állt; míg a többi összetevője extrahált gabona darából (5%), teljes zsírtartalmú szójababból (10%), fehérjében gazdag extrahált repcedarából (4%), valamint 16% ásványi-vitamin premixből. A laktáló tehen napi takarmányának javasolt energiamennyisége 7,3-7,5 MJ NEI/kg DM (szárazanyag), 17-17,5% nyersfehérjével, 35% UIP (Undegradable Intake Protein) mellett. Az optimális NDF (Neutral Detergent Fibre) szint a szárazanyag 30-34%-a. Az NRC (National Research Council, 2001) ajánlásai kerültek alkalmazásra.

Ebben a vizsgálatban a tehenek naponta háromszor fejlődtek a Lely Industries által gyártott Astronaut fejőrobottal, a QWES-HR program használatával karámos tartási (*loose housing, open air*) rendszerben.

A telepírányítási rendszerből (T4C szoftver) a következő adatokat válogattuk le: tejelő napok száma, napi kérődzési aktivitás (RA), napi élő súly (LW), napi tejhozam (MY), valamint a tehen azonosító száma, ellésének dátuma, laktációi száma és a RA/LW/MY felvétel dátuma. Az állatorvosi feljegyzéseket az állategészségügyi adatok rögzítésére használt NOAH szoftverből gyűjtöttük, beleértve a betegség nevét és a betegség diagnózisának dátumát (0 nap). Az állatok betegnek minősültek „beteg időszakuk” alatt, amely három napot tartalmazott: a betegség diagnózisának napját és az e körüli ± 1 napot. Az állatok a diagnózis napjától távolabbi (megelőző és következő) időszakokban (a -6., -5., -4. és 4., 5., 6. napon) egészségesnek számítottak.

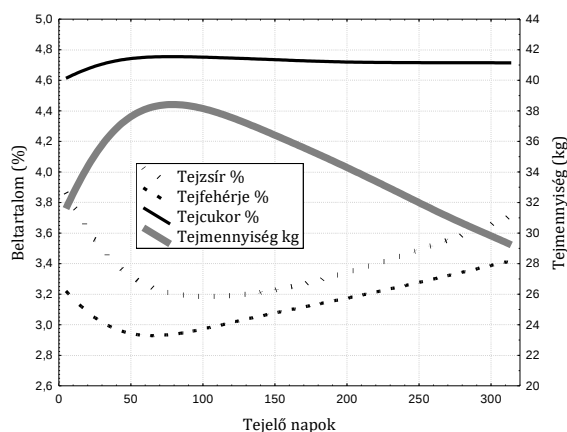
Az adatok elemzéséhez az R statisztikai szoftver (R Core Team, 2013) egytulajdonságos vegyes hierarchikus lineáris modelljeit (nlme csomag; Pinheiro és mtsai, 2013) használtuk. Az alapmodellek pontos leírása közleményünkben (Gáspárdy és mtsai, 2014a) megtalálható. Az adatok előkészítéséhez és az RA, LW és MY napi alakulásának grafikus megjelenítéséhez, valamint a diagnózis napjának átlaga és mediánja kiszámításához a Statistica szoftvert (Statsoft Inc., 2013) alkalmaztuk.

Eredményként a legkisebb négyzetek elvén számított átlagot (LSM), azok standard hibáját (SEM), valamint a hiba valószínűségét (p-érték) adjuk meg. Az SHK esetében a három vizsgált paraméter (RA, LW és MY) eredményeit egészségi állapot időszakonként mutatjuk be. Az UD esetében a szignifikáns kölcsönhatások (egészségi állapot H_i ; laktációs szakasz P_j , valamint laktációs szakasz P_j ; ellésszám csoport L_k) miatt az eredményeket tovább részletezzük az ellésszám és a laktációs szakasz szerint. Továbbá az eltéréseket (ami a „beteg időszak” átlaga és a két egészséges időszak átlaga közötti különbség) is megjelenítjük a beteg tehenekben bekövetkező időbeli változások megállapításához. Ezeket statisztikailag a Tukey-módszerrel igazoltuk (korrigált p-értékeket közlünk). A reziduumok normalitását, homogenitását, a modell jóságát és a torzító értékeket diagnosztikus ábrákkal ellenőriztük.

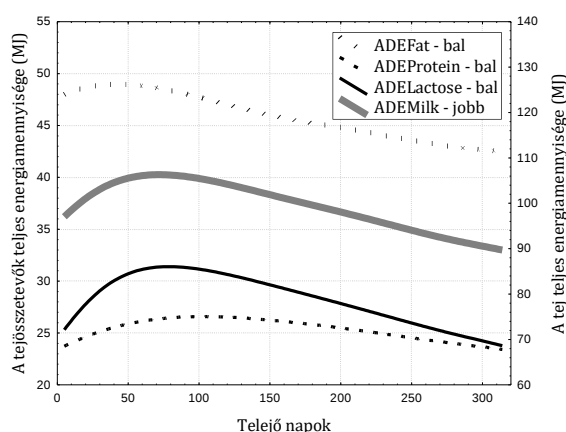
2.3. Eredmények

2.3.1. A fő tejalkotók energiamennyiségének eredményei

Az **1.1. ábra** a tejösszetételnek és a tejhozamnak vizsgált állományra jellemző változásait mutatja be laktáció alatt. A laktáció során a tejhozam a 70-90. napon éri el a 39 literes csúcst. A laktózkoncentráció a tejhozam növekedésével enyhén emelkedik, és hasonlóan, a 70-90. napon éri el a csúcst (4,75%); ezalatt a zsír- és fehérjeszázalék csökken, és az 50. és 100. napon mutatkozik legkisebb értékük.



1.1. ábra: A tejösszetétel és a tejhozam alakulása a laktáció során

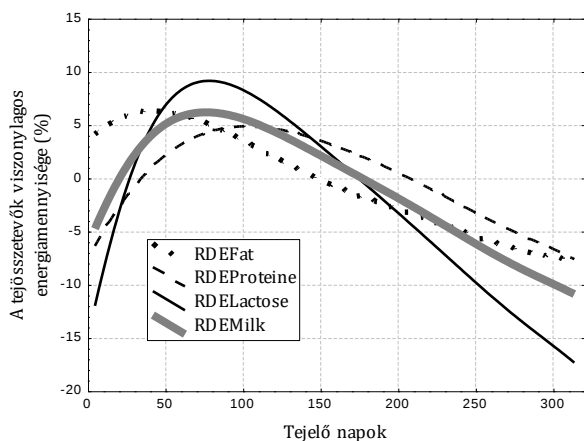


1.2. ábra: A tejösszetevők és a tejhozam teljes energiamennyiségeinek alakulása a laktáció során

Az **1.2. ábrán** a tej és a tejösszetevők teljes napi energiamennyiségének változását szemléltetjük. Látható, hogy a tej teljes energiatartalma a laktáció kezdeti napjaiban növekszik, a 75. napon éri el a csúcst, és onnantól a laktációs időszak végéig folyamatosan csökken. A laktózgörbének hasonlóan domború alakja van, energiamennyisége a laktáció 80. napján éri el a maximumát. A tejszírből származó energia mennyisége a laktáció kezdetén enyhén növekszik és a 40-50. napon van a csúcsa, ezt követően pedig a laktáció végéig egyenes vonalú csökkenése következik be. A fehérjéből származó energiamennyiség meglehetősen lapos lefutást mutat; csúcspontját a laktáció 100-110. napján éri el. Ezen az ábrán észrevehető, hogy az energiamennyiség napi maximumát először a zsír, majd a laktóz és végül a fehérje éri el. Az is jellemző, hogy a laktózgörbe alakja megegyezik a tejgörbéével. A zsírmolekula nagy energiatartalma miatt a zsír hordozza a legnagyobb energiát, és a napi zsírmennyiség energiamennyisége a csúcson napi 48 MJ. A laktóz energiaértéke kisebb (17,2 kJ/g), de a tejben lévő jelentős aránya miatt a második legmagasabb összetevő lesz. A fehérje alacsony százalékos értékei miatt a tej legkisebb energia összetevője marad.

Az **1.3. ábrán** a tej és összetevői viszonylagos energiamennyiségének (RDE; %) változása látható. A tej relatív energiatartalma a laktációs időszak elejétől növekszik, és a laktáció 65-85. napján éri el a csúcst. A különböző tejösszetevők eltérő időben és sorrendben érik el a csúcst. Először a zsír, a laktáció 40-50. napján éri el a csúcst. Másodszor a laktóz, a laktáció 70-80. napján

emelkedik a csúcsertékre, egyúttal a legnagyobb változást mutatja az idő függvényében. Végül a fehérje, a laktáció 100-110. napján éri el a csúcását.



1.3. ábra: A tej és összetevői napi viszonylagos energiamennyiségének alakulása a laktáció során

1.1. táblázat: A legmagasabb napi relatív energiamennyiség (TimeHRDE; laktációs nap) idejének mediánjai túlélés elemzéssel

Tej- összetevők	Medián	Átlag	Szórás	n
Tejcukor	66,0	70,8	37,16	576
Tejfehérje	104,0	108,4	48,38	475
Tejzsír	44,0	50,3	31,26	442
Összesen	69,0	76,7	37,16	1493
		Chi ² = 494,514		Df = 2, p < 0,001

Amint az az **1.1. táblázat** mediánértékeiből is látható, a legnagyobb relatív energiamennyiség (TimeHRDE) ideje a főbb tejösszetevők szintézise intenzitásának sajátos sorrendjére hívja föl a figyelmet. A laktáció legkorábbi szakaszában (átlagosan 44. nap körül) a legfontosabb molekulatípus a zsír. Később, a tejelésben töltött második hónap után a zsír elveszti relatív jelentőségét, és a laktóz kerül ebbe a helyzetbe (kb. 66. nap). Csak nagyjából a laktáció harmadik hónapját követően kaphat a fehérje valamilyen „relatív prioritást” (körülbelül 104. nap).

A **1.2. táblázat** a legmagasabb napi viszonylagos energiamennyiség (HRDE; %) szintjeit mutatja be a főbb tejösszetevők szerint. A laktóz, a fehérje és a zsír értékei a következők: 11,22, 10,45 és 6,80%. Ez azt jelenti, hogy önmaga laktációs átlagához képest a két legnagyobb növekedés a laktóz, valamint a fehérje esetében következik be. A zsír esetében sajátságosan igazoltan alacsonyabb a növekedés ($p < 0,001$).

1.2. táblázat: A legmagasabb napi relatív energiamennyiség (HRDE; %) legkisebb négyzetes eltérés módszerével kapott átlagai (LSM) és a varianciaanalízis eredményei

Mutatók	HRDE, %	
Tejösszetevők:	LSM	SEM*
Tejcukor	11,22	1,39
Tejfehérje	10,45	1,60
Tejzsír	6,80	1,44
Hatások:	F-érték	p-érték
Év	4,749	<0,001
Laktációs szám	44,081	<0,001
Tejösszetevők	423,313	<0,001
Apa (bika)	1,366	0,013
Hónap	7,837	<0,001
* standard hiba		

2.3.2. A tej elektromos vezetőképességének eredményei

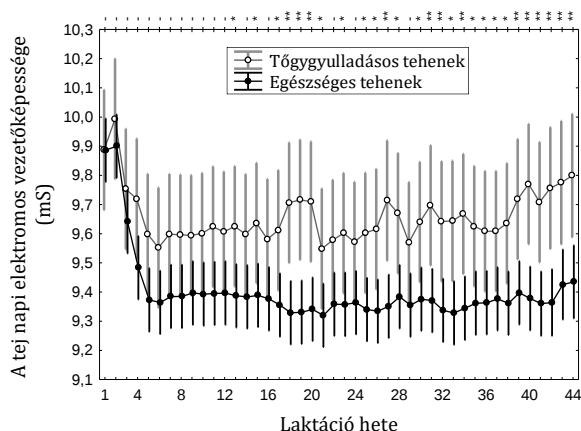
a) Az EC és a MY laktációs értékelésének eredményei egészséges és masztitiszes tehenekben

A **1.3. táblázatban** a hatások jelentőségét mutatjuk be; mindegyik (az évad kivételével) nagymértékben befolyásolta ($p < 0,001$) mind az EC-t, mind a MY-t. A tőgygyulladás státuszának hatását tekintve nyilvánvalónak tűnik, hogy a klinikai tőgygyulladásban szenvedő tehenekre egyszerre jellemző a megnövekedett EC és az alacsonyabb MY. A különböző bikáktól született lányok EC-je eltérően reagált tőgygyulladás esetén. Az A és C bika lányai tőgygyulladás esetén emelkedett EC-t mutattak, de a B bika lányainál nem volt megfigyelhető növekedés. Az EC és a MY erősen összefüggött a laktációs számmal. Az első laktációs teheneknek mind az EC, mind a MY értéke a legalacsonyabb, míg a második és harmadik laktációs tehenek értékei egyre magasabbak. A tehenek igazoltan több tejet adnak télen, mint nyáron; télen azonban tejük elektromos vezetőképessége változatlan. A laktációs hét hatása az EC-re és a MY-re is szignifikánsnak bizonyult ($p < 0,001$).

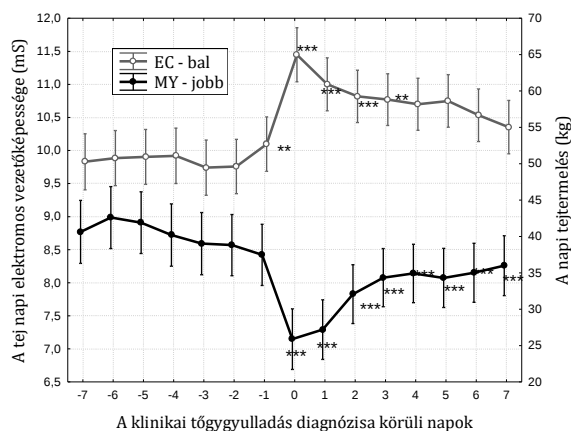
Az EC-re gyakorolt heti hatás tehen csoportonkénti bemutatása az **1.4. ábrán** látható. Az ellés után röviddel az EC-érték általában csökken, azonban a tizenharmadik héttől lényeges különbségek mutatkoznak a masztitiszes és egészséges tehenek csoportja között. Ettől kezdve azonban a masztitiszes tehenek EC-je a laktáció vége felé emelkedni kezd, és a tehéncsoportok közötti különbség szignifikánssá válik ($p < 0,01$). A tőgygyulladásos tehenek EC-értékei szélesebb tartományban mutatkoznak, mint az egészségeseké.

b) Az EC és a MY értékelésének eredménye a tőgygyulladás időszakában

A tőgygyulladásos periódusra vonatkozó ANOVA eredmények azt mutatták, hogy szinte minden hatás szignifikánsan ($p < 0,001$) befolyásolta mind az EC-t, mind a MY-t; azonban a termelési évad és a mintavételi nap nem befolyásolta az EC-t. A vizsgálati nap medián értéke 153,5 volt, ami azt jelenti, hogy a tőgygyulladás a laktáció közepe táján, és tegyük hozzá: széles tartományon belül mutatkozik.



1.4. ábra: A tej elektromos vezetőképességének alakulása a laktáció során tőgygyulladásos és egészséges tehenekben. A függőleges vonalak a 95%-os konfidencia tartományt mutatják.



1.5. ábra: A tej mennyiségének és elektromos vezetőképességének alakulása a tőgygyulladás diagnózisa idejében. A függőleges vonalak a 95%-os konfidencia tartományt mutatják.

1.3. táblázat: A tej elektromos vezetőképességének és a tejtermelésnek az eredményei a hatások bemutatásával

Hatás	Megfigyelések száma	Napi elektromos vezetőképesség, mS		Napi tejtermelés, kg	
		LSM*	SEM**	LSM	SEM
Masztitisz státusz (p-érték):		< 0,001		< 0,001	
- masztitisz	1887	9,66 ^b	0,032	35,2 ^a	0,31
- egészséges	6516	9,40 ^a	0,014	37,4 ^b	0,14
Apa (masztitisz státusz) (p-érték):		< 0,001		< 0,001	
- masztitisz					
A	1669	9,81 ^c	0,018	39,1 ^c	0,17
B	132	9,23 ^a	0,060	33,3 ^a	0,58
C	86	9,94 ^c	0,072	33,1 ^a	0,70
- egészséges					
A	4566	9,62 ^b	0,011	39,7 ^d	0,10
B	1123	9,27 ^a	0,024	35,3 ^a	0,23
C	827	9,31 ^a	0,026	37,2 ^b	0,25
Laktáció száma (p-érték):		< 0,001		< 0,001	
- első	3471	9,33 ^a	0,020	30,4 ^a	0,19
- második	3533	9,56 ^b	0,020	38,4 ^b	0,20
- harmadik	1396	9,71 ^c	0,027	40,0 ^c	0,26
Termelési év (p-érték):		< 0,001		< 0,001	
- 2004	1171	9,64 ^c	0,030	34,8 ^a	0,29
- 2005	1659	9,54 ^b	0,025	36,0 ^b	0,24
- 2006	3090	9,53 ^b	0,020	37,3 ^d	0,19
- 2007	2483	9,42 ^a	0,021	37,0 ^c	0,20
Termelési évad (p-érték):		= 0,186		< 0,001	
- téli	4837	9,54	0,020	36,8 ^b	0,20
- nyári	3566	9,52	0,020	35,8 ^a	0,19
Laktáció hete (masztitisz státusz) (p-érték): lásd 1.4. ábra		< 0,001		< 0,001	
A modell korrigált R ² és p-értéke:		0,144	< 0,001	0,456	< 0,001

* legkisebb négyzetek módszerével kapott átlag,

** standard hiba,

a,b,c- az eltérő betűk szignifikáns (p < 0,05) különbségeket jeleznek.

c) Az EC öröklődhetőségének és ismételhetőségének eredménye

A következő varianciákat becsültük: additív genetikai variancia (σ_a) = 0,22460, állandó környezeti variancia (σ_p) = 0,01436 és maradék (hiba) variancia (σ_e) = 0,16460. Ezekkel a variancia komponensekkel számoltuk a tej elektromos vezetőképességének öröklődhetőségi- (h^2) és ismételhetőségi (R) együtthatóit a következő képletekkel:

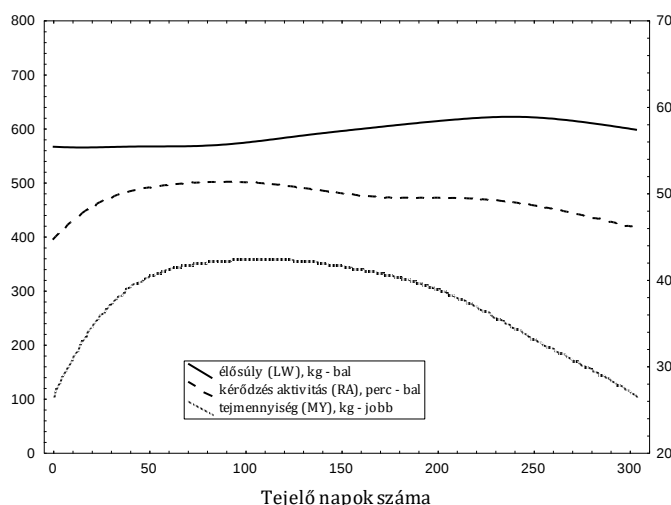
$$\text{öröklődhetőség}(h^2) = \frac{\sigma_a}{\sigma_a + \sigma_p + \sigma_e} = \frac{0,22460}{0,40356} = 0,5565$$

$$\text{ismételhetőség}(R) = \frac{\sigma_a + \sigma_p}{\sigma_a + \sigma_p + \sigma_e} = \frac{0,23896}{0,40356} = 0,5921$$

2.3.3. A kérődzés aktivitásának eredményei

A RA, LW és MY lefutása látható az **1.6. ábrán**, csak az egészséges napok adatainak felhasználásával. A laktáció korai szakaszában a RA fokozatos növekedése egyértelműen kimutatható, csakúgy, mint a tejtermelésé, ami körülbelül 40 kg-mal tetőzik. Ebben az időszakban az állomány átlagos élősúlya változatlan marad. A laktáció közepén a RA 500 perc/nap szintről a tejtermeléssel együtt enyhén, de tendenciózusan csökkenni kezd. A laktáció második szakasza az élősúly vonatkozásában előnyös, hiszen valamennyi tehén folytathatja növekedését. A laktáció 305. napjára a RA megközelíti kezdeti értékét. A laktáció legvégén a tejtermelés jelentősen csökken. A szárazra állítás előtt a tehenek általában megállnak, visszamaradnak a növekedésben. A betegség átlagos előfordulási ideje a szubklinikai hiperketonaemia és méhbetegség esetén az 54. nap (medián 14. nap), illetve a 73. nap (medián 19. nap) volt.

1.6. ábra: Az élősúly, a kérődzés aktivitása és a tejmenyiség napi értékeinek alakulása a laktáció során



Az SHK esetében (**1.4. táblázat**) a diagnózist megelőző és az azt követő egészséges periódusok értékei a laktáció kezdetén az önfeláldozó tejhasznú tehenek jellegzetes élettani változásairól adnak tájékoztatást; ezek a kérődzés aktivitásának (takarmányfelvétel) és a tej mennyiségének jelentős növekedése, valamint testsúly csökkenése (minden változás szignifikáns, $p < 0,05$). Az egészséges és beteg napok értékei közötti minden eltérés negatívnak tűnik, azonban a változás csak a kérődzés aktivitásában volt szignifikáns (-64,3 perc, $p < 0,01$).

1.4. táblázat: A tulajdonságok legkisebb négyzetek elvén számított napi átlagainak (LSM) összehasonlítása szubklinikai hiperketonaemia (SHK) esetén az egészségi állapot időszakai szerint

Egészségi állapot /különbség	időszakai	Megfigyelések száma	Szubklinikai hiperketonaemia (SHK)		
			RA, perc LSM (SEM*)	LW, kg LSM (SEM)	MY, kg LSM (SEM)
Megelőző egészséges időszak	63	63	392 ^a (23,5)	595 ^b (16,6)	27,5 ^a (2,41)
Diagnózis körüli napok	63	63	361 ^a (19,6)	575 ^a (16,4)	29,5 ^a (2,26)
Követő egészséges időszak	63	63	459 ^b (19,4)	566 ^a (16,4)	34,6 ^b (2,25)
Eltérés ¹	189	189	-64,3** (21,4)	-5,76 (4,31)	-1,57 (1,68)

RA = napi kérődzés aktivitás, LW = napi élősúly, MY = napi tejmenyiség,

* standard hiba,

^{a,b} - az eltérő betűk szignifikáns ($p < 0,05$) különbségeket jeleznek,

¹ - az egészséges és a beteg napok közötti Tukey-módszerrel igazolt különbség (**korrigált $p < 0,01$).

Az UD esetében (1.5. táblázat) ezek az értékek az első laktációs fázisban nagyjából a korábban (SHK) szemléltetett élettani helyzetet tükrözik (minden tulajdonságban, $p < 0,05$) a tehenek ellésszámától függetlenül. A tulajdonságok változásai a későbbi laktációs szakaszokban azonban jelentéktelenek maradtak. Ugyanakkor, az először ellett, méhbetegedéssel diagnosztizált tehenek súlyának csökkenése (-4,80 kg, $p < 0,05$) a beteg napok alatt nem jár együtt a kérődzésben töltött percek és a tejtermelés számottevő csökkenésével; hanem épp ellentétesen. Azonban, a többszörre ellett UD-tehenek kérődzés aktivitásának szignifikáns csökkenése (-43,7 perc, $p < 0,01$) az első laktációs szakasz beteg napjaiban szintén nem társul élő súlyuk és tejtermelésük igazolt csökkenésével.

1.5. táblázat: A tulajdonságok legkisebb négyzetek elvén számított napi átlagainak (LSM) összehasonlítása méhbetegség (UD) esetén az egészségi állapot időszakai szerint

Egészségi állapot időszakai /különbség	Megfigyelések száma	Méhbetegség (UD)		
		RA, perc LSM (SEM*)	LW, kg LSM (SEM)	MY, kg LSM (SEM)
Először ellett tehenek:				
Első laktációs szakasz				
Megelőző egészséges időszak	114	368 ^a (17,2)	530 ^b (8,72)	23,8 ^a (1,48)
Diagnózis körüli napok	114	432 ^b (16,7)	519 ^a (8,68)	27,3 ^b (1,46)
Követő egészséges időszak	114	470 ^c (17,1)	518 ^a (8,69)	30,2 ^c (1,46)
Eltérés ¹	342	13,4 (11,9)	-4,80* (1,99)	0,25 (0,57)
Második laktációs szakasz:				
Megelőző egészséges időszak	14	490 (34,7)	546 (11,20)	36,4 (2,74)
Diagnózis körüli napok	14	510 (34,3)	549 (11,17)	35,9 (2,73)
Követő egészséges időszak	14	528 (35,4)	552 (11,27)	35,6 (2,76)
Eltérés ¹	42	0,66 (25,8)	-0,36 (4,43)	-0,07 (1,27)
Harmadik laktációs szakasz				
Megelőző egészséges időszak	8	434 (18,4)	587 (8,89)	30,2 (1,58)
Diagnózis körüli napok	8	444 (18,5)	586 (8,90)	30,9 (1,58)
Követő egészséges időszak	8	451 (19,2)	587 (8,95)	30,2 (1,60)
Eltérés ¹	24	1,57 (13,3)	-0,36 (2,27)	0,66 (0,65)
Többször ellett tehenek:				
Első laktációs szakasz				
Megelőző egészséges időszak	231	431 ^a (15,9)	613 ^c (8,95)	35,3 ^a (1,37)
Diagnózis körüli napok	231	425 ^a (15,5)	603 ^b (8,93)	37,6 ^b (1,34)
Követő egészséges időszak	231	506 ^b (15,5)	598 ^a (8,93)	41,8 ^c (1,34)
Eltérés ¹	693	-43,7** (12,7)	-2,39 (1,71)	-1,00 (0,67)
Második laktációs szakasz				
Megelőző egészséges időszak	39	500 (37,3)	597 (13,2)	43,8 (3,03)
Diagnózis körüli napok	39	467 (38,9)	596 (13,3)	42,2 (3,09)
Követő egészséges időszak	39	478 (38,9)	602 (13,3)	42,1 (3,09)
Eltérés ¹	117	-21,7 (32,4)	-3,11 (4,35)	-0,77 (1,70)
Harmadik laktációs szakasz				
Megelőző egészséges időszak	33	464 (25,4)	637 (10,6)	32,1 (2,07)
Diagnózis körüli napok	33	438 (25,4)	636 (10,6)	31,7 (2,07)
Követő egészséges időszak	33	452 (25,9)	634 (10,6)	31,2 (2,09)
Eltérés ¹	99	-19,8 (21,5)	0,28 (2,88)	0,07 (1,13)

RA = napi kérődzés aktivitás, LW = napi élő súly, MY = napi tejmenyiség,

* standard hiba,

^{a,b,c} - az eltérő betűk szignifikáns ($p < 0,05$) különbségeket jeleznek,

¹ - az egészséges és a beteg napok közötti Tukey-módszerrel igazolt különbség (**korrigált $p < 0,05$, *** korrigált $p < 0,01$).

2.4. Eredmények értékelése

2.4.1. A fő tejalkotók energiamennyiségének értékelése

Vizsgálatunk során a fő tejösszetevők energiamennyiségének változását vizsgáltuk a laktáció során és összehasonlítottuk ezeket egymással, valamint tej teljes energiamennyiségével. A tej beltartalmi értékeinek változásában eredményeink alátámasztják a korábbi megfigyeléseket. Igaz ez a megfigyelésünk a tejcukor tartalom jelentős emelkedésére a kolosztrum termelését követő 70-90. napig, innentől kezdve pedig csökkenés tapasztalható. Ez a változás valószínűleg élettani eredetű, a nagy tejű tehenekre fokozottan jellemző. Ennek oka továbbra is tisztázatlan, és a tudományos irodalomban sem találtak erre utalást. Feltételezhető, hogy a szervezet energiaellátottságával, a tejtermelés szabályozásával függ össze.

A klasszikus felfogás szerint a bendőben lévő acetát a tejsír előanyaga, amely nagyobb arányban termelődik, ha rostban gazdagabb étrenden alapul a takarmányozás. Ha azonban az adag több abrakot (keményítőt) tartalmaz, a propionsav aránya megnő, ami a tej laktóztartalmának megemelkedéséhez vezet. Így, az a takarmányadag, amelyben nagyobb az abrak arány, a laktóztartalmat is befolyásolni képes. Ez, a magasabb laktóztartalom magasabb tejhozamot indukál. Az újabb felfogás értelmében nemcsak a keményítő-rost arány, hanem a takarmány rost összetétele (rostfrakciók) is módosíthatja a tej laktóztartalmát.

Tekintettel arra, hogy a laktáció harmadik felében megtermelt tej tápanyag-igénye rostban gazdag takarmányokkal is kielégíthető, ezért a gyakorlatban a laktáció harmadik szakaszában erősen javasolt a takarmányadagban a nagyobb tömegtakarmány arány alkalmazása (Várhegyi és Várhegyi, 1982; Hegedűs, 2000). Ebben az esetben a fejadag valós energiatartalmát a laktáció nettó energiájában (NEL), fehérjetartalmát pedig Metabolisable Protein rendszerben (MP; AFRC Technical Committee, 1998; Schmidt, 2000) fejezzük ki.

Mivel a laktáció csúcán a napi energia bevitel nem fedezi a tejtermeléshez fölhasznált energiaszükségletet, a tejelő tehen veszít testsúlyából, kondíciója romlik, fertilis ivarzása és újravemhesítése késik, vagy el is marad. Tehát a tej energia mennyiségének nyomon követése állategészségügyi szempontból is elengedhetetlen. A tejtermelés energiaigényét, valamint a tejösszetevők által ürült energia mennyiségét szelekcióval javasolt megváltoztatni. A zsírtartalom csökkentése, egyúttal a fehérjetartalom fenntartása vagy növelése érdekében került a fehérje-zsír hányados bevezetésre. Alkalmazásával a tehenek alacsony energiatartalmú, hígabb tejet állítanak elő közvetlen fogyasztásra, és ezáltal ez a tejhasznú típus (fogyasztói tejet termelő) az ipari tejet termelő típustól (és fajtáktól, pl. jersey) várhatóan még jobban el fog távolodni. A zsírmolekula energiaértéke nagyobb, mint a laktózé és a fehérjéé, ennek ellenére a *de novo* zsírszintézis kevesebb energiát igényel a zsírmozgósítás, a raktározott lipidek fölhasználása miatt. Mindenesetre, a zsírtermelés csökkenésével megtakarított energia egy része fölhasználható a laktóz és a fehérje *de novo* szintézisére. Mivel a HRDE-re gyakorolt összes bizonyított hatás között találtuk az apa hatását is, remélhetjük, hogy az apák körültekinthető kiválasztásával javítható az alacsonyabb energiamennyiségű (ugyanakkor fehérjében gazdag) tej termeltetése. A kívánt tejfehérje-tartalom takarmányozási úton is fokozható védett metionin alkalmazásával (Sipőcz és mtsai, 1999).

A tej viszonylagos energiamennyisége a laktációs időszak elejétől kezdve növekszik, és a laktáció 65-85. napján éri el csúcát. Ehhez a növekedéshez előbb a zsír, majd a laktóz, végül a fehérje járul meghatározó mértékben. Úgy tűnik, hogy mindezek között a laktóz befolyása a legerőteljesebb.

2.4.2. A tej elektromos vezetőképességének értékelése

Ebben a vizsgálatban az EC-t és a MY-t hasonlítottuk össze klinikai tőgygyulladásos és egészséges tehenekben, és megállapítottuk, hogy az egészségi állapot mindkét tulajdonságot szignifikánsan befolyásolta. Vizsgálatunkban az EC-értékek (9,4-9,6 mS) nagyobbak voltak, mint a mások által megfigyelek (pl. 5,36-5,44 mS; Caveró és mtsai, 2007), ami annak köszönhető, hogy a jelen értékelés tőgyemeleg tej *online* mérésein alapult. A laktációk előrehaladásával a MY természetszerűleg növekedett, ami magával vonja az EC emelkedését is. Eredményeink az EC napi átlagain alapulnak. A napi átlagok helyett a fejésenként gyűjtött adatok a tényleges tőgyállapot pontosabb leírását tételezi föl. Vizsgálatunkban az EC a tőgynegyedek átlaga volt, és nem a tőgynegyedenkénti mérések EC értékei. Föltételezzük, hogy élesebb különbségek alakultak volna az utóbbi esetben. Egyetértünk az olyan vizsgálatokkal (pl. Kikkers és mtsai, 2006), amelyek az egyes tőgynegyedek fertőződésre való hajlamának megállapítására szolgálnak. Az EC abszolút értékeinek mérése mellett a fejések közötti EC-eltérés mértékének ismerete is információval bírhat a tőgygyulladás bekövetkezésnek előre becslésében. Ez a funkció már létezik az AfiMilk új verziójában, és más tanulmányok tárgya is volt (De Mol és Ouweltjes, 2001; Kamphuis és mtsai, 2008).

Feldolgozásunkkal számszerűsítettük a tőgygyulladás idejében bekövetkező tejvesztést. A klinikai tőgygyulladás kimutatása előtti és utáni egy-egy hét során az EC és a MY napi alakulását tekintve az EC értékek szignifikánsan gyorsabban regenerálódtak, mint a MY szint. Megfigyelhettük, hogy a tehenek igazoltan több tejet adnak télen, mint nyáron. Ez a téli félév ismert, alacsonyabb hő stressz terhelésével (THI index) magyarázható (Nabe, 2003).

Az apák eltérően befolyásolták leányivadékaik tőgyegészségi állapotát. A B bika utódai mind egészséges, mind beteg állapotban a legkisebb vezetőképességet mutatták. Az A és C bikák leányainak sorrendisége az EC tekintetében eltérően változott azok egészségi állapotának megfelelően. A vizsgálatunkban szereplő bikák MY szerinti rangsorolása jó összhangban van a 2006. januári izraeli nemzeti tenyésztértékbecslés eredményével. Az izraeli MY tenyésztérték +564, +1 és -41 kg volt az A, B és C apák esetében.

Az EC öröklődhetősége földolgozásunk alapján közepes-nagynak tekinthető ($h^2 = 0,56$). Ez a h^2 -érték nagyobb, mint a mások által meghatározott 0,21-0,29 (Goodling és mtsai, 2000) vagy 0,26-0,36 (Norberg és mtsai, 2004). Ennek oka az lehet, hogy adatállományunkban három bika szerepelt, s ezek lányai egy üzemben termeltek, így a zavaró környezeti hatások csökkentek, és a három bika nagyobb genetikai varianciát mutathatott a környezeti varianciához képest. Az EC ismételhetőségét elsőként határoztuk meg; $R = 0,59$.

2.4.3. A kérődzés aktivitásának értékelése

Általánosan ismert, hogy a tejelő tehen 8-10 héttel az ellés után éri el tejelésében a csúcst; adataink jól illeszkednek ehhez a megfigyeléshez. Ugyanakkor tudjuk, hogy a szárazanyag-bevitel (DM-intake) csak ezt követően, a 9-11. hét körül éri el a csúcsát. Ez az időeltolódás, illetve a felvett- és a szükséges energia közötti különbség kényszeríti a tehenet NEB-be a laktáció első szakaszában. A tehenek testzsírtartalékokat használnak fel a hiány fedezésére. Mégis, az átlagos egészséges tehen napi 0,5-1 kg súlyt veszít a 60-80. tejelő napon. Agnew és mtsai (1996) és Cohen (2006) szerint az első ellésű tehenek a tejtermelés helyett inkább a növekedéshez használják fel

raktáraikat, szemben a többes ellésű tehenekkel, amelyek a laktáció elején erősen fogynak a tejhozam növelése érdekében. Tekintettel arra, hogy a **1.6. ábra** a teljes mintát mutatja, a primi- és pluripara tehenek súlya eltérő változásának eredőjeként az élősúly (LW) a laktáció elején változatlanul tetszik. Nyilvánvalóvá vált azonban, hogy az UD-vel diagnosztizált üszők is már csökkentik testsúlyukat az első ellésük után (**1.5. táblázat**).

A 90. nap körül, vagyis a laktáció második szakaszának kezdetén az energia bevitel kielégítheti a tejtermelés csökkenő energiaigényét. A laktáció közepén, körülbelül a 180. tejelő nap táján a tehenek megkezdik a korai laktáció során elvesztett testzsír tartalékaik pótlását. Késői laktációs szakaszban az eszményi tehen testkondíciós pontszámának (BCS) meg kell közelítenie a 3,5-öt. A korai laktációban lévő tehenek körülbelül 10%-kal kevesebb takarmány szárazanyagot (DM) fogyasztanak, mint a laktáció közepén az azonos termelési szinten lévő tehenek. A laktációs időszak utolsó harmadában a kevesebb szárazanyag felvétel magyarázhatja a kérődzés aktivitásának enyhe csökkenését. A csökkenés enyhe, mert a takarmány nagyobb tömegtakarmány arányú, mint korábban, ami támogatja a kérődzés aktivitás fennmaradását.

A betegség a laktáció egy bizonyos szakaszára jellemző lehet: a szubklinikai ketózis leggyakrabban a közvetlen ellés utáni időszakban vagy a korai laktációs szakaszban figyelhető meg (Demelash és mtsai, 2005). A metritis előfordulásának is jellemző időszaka az ellés utáni időszak (Kahn, 2005). A ketonaemiás tehenek tejtermelése mérsékelten csökken a kóros energiahány minimalizálása érdekében (Fleming, 2002). Ez a jelenség megerősíti azt a feltételezést, hogy a ketózis „önkorlátozó betegség” lehet. Különösen az izraeli magas termelésű holstein-fríz tehenekben nagy a valószínűsége annak, hogy az ellést követően a test tartalékai a tejtermelésben hasznosulnak, ami ketonaemiát és/vagy „alultáplált ketózt” eredményez. Moallem és mtsai (2002) a súlyos méhbetegségekre jellemző étvágycsökkenés jeleként említették az abrakfelvétel csökkenését, ami magyarázhatja esetünkben is a kérődzés aktivitásának igazolt csökkenését a többször ellett tehenekben. Gáspárdy és mtsai (2015b) azt találták, hogy szubklinikai tőgygyulladásban lévő izraeli holstein-fríz tehenekben az egészséges időszakokhoz képest a beteg időszakban statisztikailag igazoltan szintén rövidül a kérődzéssel töltött idő ($p < 0,001$), továbbá csökken az élősúly ($p = 0,018$) és a tejtermelés ($p < 0,001$).

2.5. A fenotípus ellenőrzésével megvalósított kutatások következtetései, javaslatok és eredményeinek hasznosíthatósága

2.5.1. A fő tejalkotók energiamennyiségének alakulása tekintetében

A különböző tejösszetevők előállításának stratégiája nagyon érdekes. Úgy tűnik, hogy ez a sorrend állandó, és élettaninak tekinthető. Arra következtetünk, hogy sajátos mechanizmus létezik, amely meghatározza a különböző összetevők szekrécióját a különböző időpontokban, és mindegyik komponensnek meg van a maga „csúcs időszaka”. A komponensek idővel negatív és pozitív hatással vannak a másik összetevő termelődésére, amelyek így kölcsönhatásba lépnek egymással, és nem függetlenek egymástól teljesen. Továbbra is kérdés, hogy pontosan hogyan szabályozzák egymás termelődését, de megállapításaink szerint csak arra lehet következtetni, hogy van köztük összefüggés. Az étrendben található kevesebb növényi rost, valamint a vérszérum nagyobb zsírsavtartalma és a korai laktáció alatti zsírmozgósítás elfogadható magyarázatot adhat a korai laktáció megnövekedett tejzsírenergia-mennyiségére (Huszenicza és mtsai, 2002). A vérplazmában a magasabb szabad zsírsav-koncentráció segíti a triglicerid szintézist, ugyanis a

tejhez szükséges zsírsavak, a trigliceridek a vérzsírokból származnak (40-60%, Mielke, 1994). A laktóz relatív változása a legnagyobb. Eredeti funkciója leginkább az utódok tejjel való ellátásával magyarázható, ugyanis, ahogy növekedett az utód, egyre több tejjel volt naponta szüksége. A fehérje 104. nap körüli megnövekedett relatív jelentőségét kimutattuk. Az, hogy ez összefüggésben áll-e az újravemhesüléssel és ennek körülményeivel, további vizsgálatokat igényel.

A tanulmány mint idézett mű serkentette azon újabb kutatásokat, amelyek a tejtermeléshez szükséges tápanyagok szervezeten belüli (pl. emlőmirigyben; Wang és mtsai, 2016) elérhetőségét vizsgálják. Hozzájárult az egyes tejösszetevők termeléséért felelős gének (pl. LPL gén, glükóz transzporter 1 gén; Shaban és mtsai, 2024) kutatásához és a laktáció alatti expresszáldásuk mértékének megállapításához. A tejjel ürülő energia mennyiségének figyelembevétele segítheti a hatékonyabb termelésre irányuló tenyészkiválasztást.

2.5.2. A tej elektromos vezetőképessége tekintetében

A MY és az EC közötti pozitív kapcsolat rámutat arra, hogy a nagyobb tejtermelésű egyedek idővel óhatatlanul érzékenyebbé válnak a tőgyfertőzésekkel.

Tanulmányunkban a klinikai tőgygyulladás észlelését követően csak egy hétig ellenőriztük az EC-t és a MY-t. Miután a EC értékek szignifikánsan gyorsabban regenerálódtak, mint a MY értékek, ezért javasolható a hosszabb időtartamú megfigyelés, különösen a diagnózist követő időszakra vonatkozóan.

A leányivadékok apaság szerint sajátosan alakuló EC értékeket mutattak egészséges és masztitiszes állapotukban. Ez egyfelől rámutat arra, hogy az elektromos vezetőképesség örökletes tulajdonság, másfelől következtetni enged arra, hogy a tőgygyulladással szembeni rezisztencia szintén örökletes. A tenyészbikák közötti különbségek és a becsült nagy öröklődhetőség alapján az EC tulajdonságokat a tenészkiválasztás során erősen indokolt közvetve vagy közvetlenül figyelembe venni.

Az EC és SCC havi kiértékelése nem a legmegbízhatóbb módja a tőgygyulladás kimutatásának. A betegség kimutatásának legpontosabb módszere az automata fejőrendszerrel történő napi EC-felvételek alapján tűnik szükségesnek, ha lehetséges, negyedenként és fejésenként egyedi meghatározások formájában. Arra a következtetésre juthatunk, hogy az EC alternatívát jelenthet a fertőzött tej korai diagnosztizálására, ha *online* rögzítik, és ha az adatokat gyorsan és pontosan dolgozzák fel.

2.5.3. A kérődzés aktivitásának tekintetében

Szoros összefüggést mutattunk ki a tehenek egészségi állapota és kérődzési aktivitása között. Valójában mindkét vizsgált patológiai állapotban a tehenek a napi RA-ban (SHK és UD) és LW-ban (UD) szignifikáns csökkenést mutattak. A MY-ben lényeges változás nem volt kimutatható feldolgozásunkban. A kimutatott kapcsolat hangsúlyozza a kérődzési tevékenység diagnosztikai célú nyomon követésének fontosságát, és lehetővé teszi az állatorvosok és a tehenészet vezetői

számára a korai beavatkozást. Megállapítható, hogy az RA változása (az LW-vel kiegészítve) mind a szubklinikai hiperketonaemia, mind a méhbetegségek klinikai tüneteket megelőző indikátora.

Számos tényező befolyásolhatja a feldolgozás eredményeit. Ilyen lehet a mintázott állomány mérete, a betegség diagnosztizálásának napja és a legalacsonyabb kérődzési aktivitás napja közötti nem teljesen tökéletes egyezés. Utóbbi abból fakadhat, hogy a felelős állatorvos nem járt naponta a telepre, és ezért előfordulhat, hogy a tehén kérődzési aktivitása a diagnózis felállítása előtt már visszaesett. A beteg állapot nem csak három napra lehet igaz, hiszen egyes betegségek hosszabb lefolyásúak is lehetnek, ami megváltoztathatja a beteg és egészséges időszakok hosszát.

A legtöbb intézkedési program a betegségek megelőzésére és a helyes kezelési gyakorlatra összpontosít, amelyek költséghatékonyabbak, mint a kezelés. Ezért az RA-t indikátorként való felhasználása nemcsak állatjólléti, hanem gazdasági előnyökkel is jár. Napjainkban egyre több gazdaság alkalmaz kérődzés-monitoring technológiát annak érdekében, hogy előre jelezze a kezelési vagy egészségügyi beavatkozás szükségességét. A kérődzési tevékenység nyomon követése fontos információkat szolgáltat a takarmányozást, az önkéntes takarmányfelvételt, a legeltetés minőségét és mennyiségét (legeltetési állattartásban), az anyagcsere folyamatokat, az időjárási hatásokat, valamint a tehén étvágyát befolyásoló betegségeket illetően. Ezért a kérődzési tevékenység, mint előjelző eszköz használatának maximalizálása érdekében további kutatásokra van szükség, nagyobb minták felhasználásával. További cél a kérődzési aktivitás és más betegségek összefüggéseinek vizsgálata is.

3. A GENOTÍPUS ELLENŐRZÉSÉVEL MEGVALÓSÍTOTT KUTATÁSOK

3.1. A genotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásaink irodalmi áttekintése

A prion és a sűrűlőkór elleni védekezés a juhajtákban

A sűrűlőkór mint a kiskérődzők fertőző megbetegedése az egész világon magára hívta a figyelmet (Dexler, 1931; Rabenau, 2009). Ez a kóros prion fehérje változat által okozott, általában halálos kimenetelű, bejelentési kötelezettség alá eső betegség az agyszövetek degeneratív elváltozásában nyilvánul meg (Prusiner, 1982; Bostedt és Dedié, 1996). A prion sejtfehérje a neuronok felszínén található. A PrP^{Sc}, a prion patogén izoformája, mert, szemben a normál változattal (PrP^C) a proteínáz K enzim hatására nem bomlik le a sejtmembránon, hanem korlátlanul felszaporodik minden idegsejtet elpusztítva (Foster és Hunter, 1998; McCutcheon és mtsai, 2005; Kang és mtsai, 2017).

Az Európai Közösség 999/2001/EK rendelete (European Commission, 2001) szabályozza a juhokban és más fajokban előforduló fertőző szivacsos agyvelőbántalmak (TSE) megelőzésére, ellenőrzésére és felszámolására irányuló feladatokat. Hazai szabályozás szerint 2005 óta agyszövetmintát kell venni a prionvizsgálathoz a levágott és elhullott állatokból, valamint a mentesítés keretében kiselejtezett állatokból (fertőzött állományokból). Ezenkívül, a mentesítési programhoz kapcsolódóan el kell végezni a tenyészelő kosok sűrűlőkór-rezisztenciára való genotipizálást is, beleértve az őshonos fajtákat.

Az első ismert sűrűlőkóros esetet Magyarországon 1964-ben diagnosztizálták (Áldásy és Süveges, 1964). A fertőzött állományokat ezt követően felszámolták, és Magyarország évtizedekig mentes maradt a sűrűlőkórtól (Kluge és Glávits, 1993). A földművelésügyi miniszter országgyűlési jelentése szerint a betegség klinikai formájú előfordulását Magyarországon nem figyelték meg azóta sem, de 23 esetben találtak atipikus sűrűlőkórt. Több éve folynak intenzív monitorozási vizsgálatok az atipikus sűrűlőkórral fertőzött állományokban, így elkerülhető egy nyáj teljes felszámolása (Magyarország Kormánya, 2017). A Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség (MJKSZ) kizárja a VRQ-hordozókat a tenyésztésből. A magyar nemzeti tenyésztési program szerint a MJKSZ csak az R1-3 kockázati csoportba tartozó kosok tenyésztését engedélyezi, ám javasolja az R3 kosok használatának elkerülését. A VRQ allélt hordozó állatok csak vágás céljából hagyhatják el a nyájat.

A hazai állattenyésztés történetében számos juhajta jelent meg, a régen megtelepedett fajták az ország őshonos fajtáivá váltak. Ezek a mára kevés gazdasági előnnyel bíró többes hasznú parlagi fajták mint biológiai erőforrások a 20. század közepe óta a megmaradásuk érdekében támogatást kapnak. A következő hat fajta képezi ezt az örökséget: fehér racka, fekete racka, gyimesi racka, cikta, cigájai és tejelő cigája (Bodó, 2000).

A zaupel juh és a juhajták anyai hátterének genetikai kutatása

A zaupel juh (*zaupelschaf*) eredete a neolitikus tőzegjuhra (*Ovis aries palustris*; Mason, 1967) vezethető vissza, amely az indogermán törzsek egykori társaként a Balkánról eljutott az Alpokba, majd a Pireneusokba (Bohm, 1878). Az ásatások azt mutatják, hogy az európai kora középkorban ennek egyetlen utódeként az egységes parlagi házi juh létezett Európa-szerte (Bökönyi, 1958). Ez aztán régióként több típusra ágazott a tenyészkiválasztás és a röghatás eredményeként. Az ősi

német parlagi juhok ekképpen öt változata létezett (Golf, 1939), ezek egyike a szapora, kevert gyapjas zaupel juh (*Ovis aries Germanicus rusticus*; Heyne, 1916). A nagyobb, izmosabb, mégis finomabb gyapjút szolgáltató külföldi juhok érkezésével a zaupel juhok sorsa a 15. század közepétől megpecsételődött (Adlung, 1912). A fajta a XX. század közepére végleg elveszett.

A kihalt, de történelmi jelentőségű zaupel juhtól négy független, ma is létező géntartalék fajta származott Közép-Európában (Seibold, 1990). Ma már határokon átnyúló fajtaként létezik Németországban a bajor erdei juh (waldschaf; Ausztriában és sumavska néven a Cseh Köztársaságban), az alpesi kőjuh (steinschaf) Ausztriában (ennek a változatai a bajorországi steinschaf, Szlovéniában pedig a bovec juh vagy a bovaska) és a fehér hegyi juhok (bergschaf) Ausztriában (továbbá Svájcban az engadiner fuchsschaf, Németországban és Ausztriában braunes bergschaf néven élnek barna színváltozatokkal is). A negyedik zaupel juh leszármazott a cikta (tolna-baranyai sváb juh), ami a 18. századi sváb bevándorlókkal érkezett Magyarországra (Koppány, 2000). Valószínűleg a zaupel juhok minden egyes leszármazott fajtája is kihalt volna évtizedekkel ezelőtt, ha nem erősödik meg az őshonos haszonállatok megőrzése iránti elkötelezettség.

A mitokondriális DNS (mtDNS) extra nukleáris, nem rekombinálandó örökítő anyag, amely az anyai oldalról öröklődik. Ezt a körkörös genomot elsősorban az evolúciós kutatásokban, az emlősfajok és populációk anyai eredet szerinti filogenetikai vizsgálatában használják (Tapio és mtsai, 2006). A házasítás történetének tanulmányozására is előtérbe került a mtDNS, amely az emberhez hasonlóan a juhokban is körülbelül 16 500 bázispárnyi. A juh mtDNS kontroll régiója (CR) szerint több fő vonal létezik (A, B, C, D, E, F és G haplocsoportok; az utóbbi kettő kiveszett), amelyek közül a B főleg az európai fajtákban található (Dymova és mtsai, 2017). Ez alapján képet kaphatunk a fajták összetételéről és történetéről.

A Balkán-félsziget szomszédos országaiban végzett kutatások a helyi juhajták haplocsoportokba sorolásával foglalkoztak. Például Cinkulov és mtsai (2008) megállapították, hogy a nyugat-balkáni pramenka juhokban a B haplocsoport a domináns, de emellett nyomokban előfordul az A haplocsoport is. Ferencakovic és mtsai (2013) vizsgálata rámutatott, hogy a kelet-adriai juhajták homogén anyai eredetű B haplocsoportúak, míg a dubrovniki ruda juh és az isztriai juh kevés A haplocsoportot mutató egyedével különbözik ezektől. Három román fajtát (curkán, cigája és feketefejú ruda) Dudu mtsai (2016) kizárólag a B haplocsoportba soroltak. Munkájuk negyedik fajtájában, a curkán egyik változatában, a román rackában az A haplocsoport is kimutatható volt, de a racka haplotípusok egyike sem volt társítható a C, a D vagy az E matrilineáris vonalhoz.

Európán belül a C haplocsoport eddig csak az Ibériai-félszigeten (Portugáliában: Pereira és mtsai, 2006, Spanyolországban: Pedrosa és mtsai, 2007) és a Balkán-félsziget déli országaiban (Albániában, ill. Görögországban: Pariset és mtsai, 2011) mutattak ki. Az egyiptomi fajtákban azonosított C haplotípus (Othman és mtsai, 2015) igazolja a juhok korai földrajzi terjedésének feltételezett útjait. Az Ibériai-félsziget ugródeszka volt a kisázsiai juhok európai szintén való megjelenéséhez, mivel az a Földközi-tengeren keresztül közvetlenül kapcsolódott Észak-Afrikához és Kis-Ázsiához. A juhok európai elterjedése azonban számos más útvonalon is valószínűsíthető, részben a kelet-európai síkságon át, illetve a Duna-völgyében a Kárpát-medencén keresztül (Schmölke és mtsai, 2018).

A D és E haplocsoportok a legritkébbek, és ez idáig csak törökországi és kaukázusi mintákban azonosították ezeket (Tapio és mtsai, 2006; Meadows és mtsai, 2007). Liu és mtsai (2016) 15 őshonos tibeti juhpopulációban végzett felmérésében a legritkébb D haplocsoport gyakorisága 0,2% alatti volt. A bronzkori kőületek az E haplocsoport 3%-os jelenlétét mutatták ki Anatóliában (Demirci és mtsai 2013). Az E haplocsoport jelenlétét az őshonos iráni juh fajtákban Rafia és Tarang (2016) igazolta. Dymova és mtsai (2017) elemzést végeztek több ezer éves altaji

csontmaradványokon, és megtalálták mind az öt haplocsoportot, beleértve a D és E vonalakat. A sokféleség okán arra a következtetésre jutottak, hogy az Altaj régió a múltban a juhok és a juhtartó népek gyakori vándorló területe volt. Kirikci és mtsai (2018) megállapították, hogy az Észak-Anatóliából származó karayaka fajta nem sorolható be a genetikailag homogén populációk közé, hiszen a fajtában négy különböző haplocsoport (A, B, C és E) van jelen.

A székely lófajta története

A veszélyeztetett háziállatfajták megőrzésének egyik oka egykori történelmi jelentőségük, amely általában sajátos erényeket takar. A legtöbb esetben az őshonos fajták fenntartása jól szervezett. Amikor azonban a folytonosság megszakad, mint azt a székely ló esete példázza, szükségessé válik a fajta megőrzésének újraszervezése, fajtarekonstrukciója.

A magyar lófajták az évszázadok során tiszteletet és megbecsülést váltottak ki világszerte. A második világháború előtti feljegyzések a jelenleg létező 8 magyar fajta mellett egy kilencediket soroltak fel: a székely lovat. A székely lóról részletes ismereteink a XVIII. és XIX. századi lótenyésztéssel foglalkozó írók leírásaiból származnak (Wrangel, 1895). Ezek az írók egyöntetűen méltatták a székely lovat erejéért és kitartó teljesítményéért. A székely ló a múlt század közepéig a Kárpátok kistermetű hegyi lóva volt, amelynek hivatalos méneskönyve a második világháború után megszűnt (Bodó és Hecker, 1992). Zsuk székely ló állománya eltűnt, a méneskönyvek elégték, és nem történt további erőfeszítés a tenyésztés folytatására. Olyannyira, hogy a székely lovat (ha egyáltalán szóba került) jellemzően kihalt ősi fajtaként emlegették. Az eredeti székely ló tüzes, de igénytelen és kitartó állat volt abból az időből, amikor még nem keresztezték korszerű fajtákkal (Alistáli Mátyus, 1828). A székely ló rokonai a békási ló és a hucul ló volt, utóbbi egy határon átnyúló megőrzési programnak köszönhetően ma is létező fajta. A székely ló, rokonaihoz hasonlóan a kislovak csoportjába sorolható. Marmagassága 140 cm, fara enyhén túlnőtt. Emellett igénytelen, szívós, biztos járású, ezért kiváló hegyi málhás volt. A Székelyföldön vasút híján ezekkel az erős kislovakkal szállították a betakarított terményt és faanyagot az egyenetlen terepen. Ezek az erős, acélos izületű lovak a hegyvidéki területek erdőgazdálkodásában és mezőgazdaságában végeztek odaadó szolgálatot. A 400 kg-os állatok még nyereg alatt is jól hasznosíthatók voltak, akár ügetésben, akár vágásban, magasan tűzött fejjel és a mellső lábak akció mozgásával. Kis méretüknek és nyugodt vérmérsékletüknek köszönhetően az asszonyok is könnyen gondozták és vették hasznukat. Hankó (1943a) részletes tanulmányt közölt a székely lóról, 80 kanca és két mén méréseivel és fotódokumentációjával. A XX. század elejétől más lófajtákkal (arab, lipicai és kisebb mértékben angol félvér és kis nóniusz) való keresztezéssel igyekeztek növelni a székely ló testméretét és javítani mozgását. Ezek a kísérletek azonban kudarcot vallottak, mivel az utódok nem váltak be a hegyvidéki körülmények közötti elvárásoknak (Hankó, 1943b). A törzskönyvezés megszűnte ellenére a székely ló minden tulajdonságát megőrző egyedek magángazdálkodók kezén a Székelyföld távoli vidékein szétszórtan megmaradtak.

A közelmúltban fajtarekonstrukciós program indult a székely ló megmentésére. A néhány erdélyi székely megyében gyűjtő utakat szerveztek, hogy megtalálják a megjelenésükben, testméreteikben megfelelő egyedeket, valamint, hogy ezek számára származási és egyéb információkkal, fényképekkel ellátott adatbázist hozzanak létre. A fajtarekonstrukciós program két testvéregyesület (2008-ban az erdélyi Méréklye Egyesület, 2020-ban az anyaországi Székely Lovat Tenyésztők Egyesülete) megalakulásával folytatódott, amit sok lótulajdonos fogadott lelkesedéssel (Bodó és mtsai, 2021). A program indulásakor a következő egymásra épülő feladatokat határozták meg: méneskönyv és tenyésztési szabályzat készítése, tenyészállatok felkutatása, törzsállomány kialakítása, részletes küllemi bírálat, teljesítményvizsgálat, versenyek

megrendezése, párosítási terv készítése, és nem utolsósorban társadalmi bázis építése. A törzskönyvezett lovak tényleges száma mára közel 100. Ezek a lovak megjelenésük és használhatóságuk tekintetében megfelelnek a legutóbbi fajtaösszeírás feltételeinek, amelyet Hankó (1943a) részletez. Az alapító egyedek testméretei megegyeznek a fajta eredeti méreteivel (Ficsor, 2016; Gáspárdy és mtsai, 2015a). Az eredmények igazolják, hogy a fajta rekonstrukciója morfológiai szempontból jól halad.

Az adott helyen tenyésztett állatállomány genetikai összetétele pontos lenyomata a történelem során erre a helyre elsőként, majd a későbbiekben eljutott újabb állatok genetikai hatásának. Az érkező egyedek a tenyésztési eljárástól függően (pl. cseppvér keresztezés vagy fajtaátalakító keresztezés) erősebb vagy gyengébb hatást gyakorolnak elsősorban apai oldalról az eredeti állomány sejtmagi genomjának összetételére. Ezzel szemben a mitokondriális DNS az azt létrehozó anyai genetikai hátteret hordozza. Ha nincs nagy veszteség az anyai leszármazás szerint a történelem során, a palacknyak hatás nem befolyásolja erősen a mtDNS mintázatot, akkor a kezdeti diverzitás még a jelenben is kimutatható és fenntartható.

Napjainkban a mitokondriumot érintő genetikai kutatások már a teljes mitokondriális genomot is lefedik. Az Achilli vezette olasz kutatócsoport (Achilli és mtsai, 2012) közzétette azokat a fő újra definiált haplocsoportokat, amelyekbe a régészeti leletek vizsgálata alapján a lovakat besorolták. A mitokondriális DNS jelenleg ismert 83 haplotípusát (HT) a lógenetika 18 haplocsoportba (HG) sorolja, amelyeket A-tól R-ig jelölnek. A legtöbb haplocsoport az ázsiai házasítási központokban fordul elő, és az innen elszármazott állatok utódaiban kevesebb haplocsoport azonosítható. Ezért kezdetben a különböző haplocsoportok bizonyos mértékig földrajzilag elkülönültek. Például az L haplocsoport sokkal gyakoribb lett Európában, mint Ázsiában, míg a Q haplocsoport sokkal gyakoribb volt és marad Közép-Ázsiában, mint Európában. A modern tenyésztők tenyésztési és vásárlási szokásai következtében ezek a haplocsoportok jelentős mértékben keveredtek. Kizárólagos földrajzi helyekkel rendelkező haplocsoportok már nem léteznek. A haplocsoportok előfordulása azonban az egyes régiókon belül továbbra is jellegzetes eloszlást és mintázatot mutat. A tenyésztői előrehaladás megvalósításának legáltalánosabb módja az apaállatok vásárlása és a szaporításban való felhasználása. Ez nem befolyásolja az anyai mitokondriális DNS-t. Ezért a mitokondriális DNS-sel foglalkozó tanulmányokat felhasználhatjuk a fajták anyai összetételének és valószínű eredetének tisztázására.

3.2. Anyag és módszer

3.2.1. A génikus változatosság feltárása a hazai őshonos juhajták prion gén diplotípusaiban

A biológiai mintákat (fülporcsoövetet) a Magyar Juh- és Kecsetenyésztő Szövetség munkatársai gyűjtötték a hím tenyészállat jelöltek (n = 352) kijelölése során TypiFix™ speciális szövetmintavevő fogóval (Agrobiogen GmbH, 2016) a 2013-2015. években. A nőivarban az összes, ugyanezen időtartamban újonnan regisztrált anyajuh (n = 5049) mintáját vettük figyelembe, hogy teljes képet kapjunk a surlókórra való genetikai fogékonyságról. A mintákat az Agrobiogen GmbH Laboratóriumába küldtük a prion fehérje gén (PRNP gén) mutáns kodonjainak tipizálására. A változatokat (haplotípusokat) piroszekvenálással határozták meg. A 136-os kodonban az alanin (A, rezisztensebb) vagy a valin (V), míg a 154-es kodonban az arginin (R, rezisztensebb) vagy hisztidin (H), továbbá a 171-es kodonban pedig az arginin (R, rezisztensebb) vagy a glutamin (Q), ill. hisztidin (H) jelenhetnek meg. Ami a genotípusokat (diplotípusokat) illeti,

a homozigóta A136R154R171/A136R154R171 a legrezisztensebb, míg a homozigóta V136R154Q171/V136R154Q171 a legérzékenyebb (Baylis és mtsai, 2002).

A feldolgozáshoz szükséges egyedi diplotípus adatokat az MJKSZ Microsoft Excel adatbázisából vettük át és a Dell statisztikai program segítségével (Dell Inc., 2015) értékeltük ki. Meghatároztuk a prion haplotípusok relatív gyakoriságát. Chi² teszt segítségével a jelenlegi állapotot (2013–2015) a korábbi állapottal hasonlítottuk össze. Fésüs és mtsai (2004, 2008) voltak, akik a magyar juhajták első vizsgálatait végezték el ezen a területen, közvetlenül az országos mentesítési program (FVM, 2004) életbe lépése előtt. Vizsgálataik nem terjedtek ki a tejelő cigájára, illetve a fehér és fekete rackát egységesen kezelték.

A génikus változatosság elemzéséhez először a következő paramétereket határoztuk meg:

effektív haplotípus szám: $A_e = \frac{1}{\sum p_i^2}$, Shannon információs index: $H_{Shannon} = - \sum_{i=1}^n p_i \ln p_i$

, ahol p_i a haplotípusok gyakorisága és $\ln$ a természetes logaritmus. Megalkottuk a viszonylagos entrópia kifejezésére a relatív Shannon információs indexet (I_{rel} %), ami a tényleges Shannon-érték és az elméletileg legmagasabb Shannon-érték (egyenlő allélgyakorisági feltétel mellett) aránya.

A Nei-féle haplotípus diverzitás: $H_{Nei} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^n \left[1 - \sum p_i^2 \right]$, ahol k a haplotípusok összessége,

p_i a haplotípusok gyakorisága. A V₁₃₆, H₁₅₄, Q₁₇₁ és H₁₇₁ figyelembe vételével számítottuk a káros kodonok arányát (%). Majd, a genotípus gyakoriságok leírására került sor azok időbeni változása és a tényleges genetikai egyensúlyi állapot (Hardy–Weinberg), valamint a kockázati csoportok gyakorisága tekintetében. Ezeket mind a Chi² tesztel ellenőriztük.

3.2.2. A mtDNS kontrollrégiójának felhasználása a zaupel juh utódajtáinak közös eredete vizsgálatában

A véletlenszerű mintavétel elkerülése érdekében a származási adatokra összpontosítottunk. A biológiai mintákat háromgenerációs törzskönyvek felhasználásával, egymástól távoli rokonságban álló egyedektől vettük a waldschaf (Ausztria, n = 27) és a bovec (Szlovénia, n = 21) fajtákban. A ciktaban (Magyarország, n = 70) az ún. „alapító mintavételt” („*founder sampling*”, Maróti-Agóts és mtsai, 2008) alkalmaztuk. Ebben az esetben a mintavételt a teljes, 2000-ben újnyitott törzskönyv feldolgozása előzte meg (Posta és mtsai, 2019). Erre alapozva a legrégebbi családok élő nőstény képviselőitől gyűjtöttünk mintákat (4-5-6 ősi generációval). Minden biológiai minta vétele 2015 és 2017 között történt.

A DNS-t a GenElute Blood Genomic DNA Kit (Sigma-Aldrich) segítségével izoláltuk a gyártó utasításai szerint. Az egyes mintákhoz elkészített 25 µl-es PCR reakcióelegy 2,5 µl dNTP-t (10 mM), 2,5 µl 10*PCR puffert, 1,5 µl MgCl₂-t (25 mM), 2 µl primert (10 µM), 1 µl BSA-t (20 mg/ml), 0,4 µl Taq polimerázt (5 U/µl) (ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA), valamint 10 ng DNS templát és PCR minőségű vizet 25 µl végső térfogatig tartalmazott. Két primerpárt használtunk a vizsgálandó szegmens amplifikálására: egy újonnan tervezett primer párt (Primer Designer 4.0 szoftver) a régió elejére, és egy másodikat Hiendleder és mtsai (1998) leírása alapján. Először a következő amplifikációs protokollt használtuk az újonnan tervezett primerekhez (MtOA_F15400 5'-ACACCCAAAGCTGAAGTTCTAC-3' és MtOA_R16087 5'-GTTGGTTTCACGCGCATGGT-3'): kezdeti ciklus 94 °C 20 másodpercig, majd 34 ciklus 94°C-on 30 másodpercig, 62 °C-on 30

másodpercre, 72 °C-on 45 másodpercre, és a végső felszaporítási lépésben 72 °C-on 7 percre. A második amplifikációs protokoll teljes leírását publikációnkban közöljük (Gáspárdy és mtsai, 2021). Programozható Thermal Cycler 2720 PCR berendezést (Applied Biosystem) használtunk a DNS-szekvencia amplifikálására. A PCR-termékeket a SIGMA GenElute™ PCR Clean Up Kit-tel (Sigma-Aldrich) tisztítottuk a protokoll szerint. A BigDye® Terminator v.3.1 Cycle Sequencing Kit-et (ThermoFisher Scientific) használtuk a szekvenálási reakcióhoz a gyártó által javasolt módon. A szekvencia detektáláshoz egy ABI Prism 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems) készüléket alkalmaztunk a gyártó irányelveinek megfelelően. A szekvencia adatokat Sequencing Analysis Software 5.1 (Applied Biosystems) segítségével elemeztük, és a Sequencher™ 4.1.2 szoftverrel (Gene Codes Corp) igazítottuk. A PCR termék teljes várt mérete 1246 bp volt. Az illesztett CR szekvenciák hossza 1180 bp lett, és megfelelt a 15437–16616 közötti referencia szekvencia pozícióinak (AF010406; Hiendleder és mtsai, 1998).

A mutációk kiértékelését a Fu és Li által kifejlesztett teszttel végeztük el (Fu és Li, 1993), majd populációgenetikai értékelési módszerként a Tajima által javasolt D-tesztet (Tajima, 1989) alkalmaztuk a kimutatott mutációk elemzésére. A teljes vizsgálati minta polimorf bázishelyeinek számát a DNAsp 6.0-s szoftver segítségével határoztuk meg, majd kiszámítottuk a fajtakon belüli és a fajták közötti átlagos nukleotid eltéréseket (Rozas és mtsai, 2017). Jukes és Cantor módszerével határoztuk meg a bázishelyettesítések szekvenciákon belüli korrigált számát (Jukes and Cantor, 1969; Jukes, 1990). Network 10.2.00 szoftver segítségével (fluxus-engineering.com) ábráztuk a haplotípusok megoszlását (Bandelt és mtsai, 1999). A minták haplocsoportokba rendezését a GenBank-i referenciaminták alapján végeztük (A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 (Meadows és mtsai, 2005); O. musimon Muflon HM236184, O. ammon Argali HM236188, O. vignei Urial HM236186 (Hiendleder és mtsai, 2002)). A tanulmányban nyert 118 új szekvenciát a GenBank nyilvános adatbázisában letétbe helyeztük a MW427961-MW428078 számokon.

3.2.3. A mtDNS kontrollrégiójának felhasználása a székely ló rekonstruált állománya matrilineális összetételének meghatározásában

A rekonstruált populáció egyedeiből (n=59, 39 kanca és 20 mén) vérmintákat vettünk a mitokondriális D-hurok szekvenciájának (608 bp) értékelésére 2021 januárjában. A minták a rutin állatorvosi vizsgálat során évente vett mintákból származtak, a lovak fertőző vérszegénységének kimutatására. A kísérletet a tudományos célokra felhasznált állatok védelméről szóló 2010/63/EU európai parlamenti és tanácsi irányelv (Directive 2010/63/EU) alapján végeztük, így etikai jóváhagyásra nincs szükség. Bár a ménnek nem adják tovább a mitokondriális genomot, mintáik alkalmasak a haplotípus diverzitás felmérésére. Továbbá felfedi a mén anyai oldali rokonainak CR haplotípusát.

A DNS-t a GenElute Blood Genomic DNA Kit (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) segítségével izoláltuk a gyártó utasításai szerint. Az egyes mintákhoz készített 25 µL-es PCR reakcióelegy 2,5 µL dNTP-t (10 mM), 2,5 µL 10× PCR puffert, 1,5 µL MgCl₂-t (25 mM), 2 µL primert (10 µM), 1 µL BSA-t (20 mM), 0,4 µL Taq polimerázt (5 U/µL) (ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA) és 10 ng DNS templátot és PCR minőségű vizet 25 µl végső térfogatig tartalmazott. A mitokondriális D-hurkot forward EqCRF 5'-AAACCAGAAAAGGGGGAAAA-3' és reverz EqCRR 5'-TGGCGAATAGCTTTGTTGTG-3' oligonukleotidok segítségével amplifikáltuk (Gointella és mtsai, 2020). A következő amplifikációs protokollt alkalmaztuk: 94 °C-os kezdeti ciklus 20 másodpercre,

majd ezt követte 34 ciklus 94 °C-on 30 másodpercig, 55 °C-on 30 másodpercig, 72 °C-on 45 másodpercig, és egy utolsó felszaporítási ciklust 72 °C-on 7 percig. A PCR termék várt mérete 688 bp volt. Thermal Cycler 2720 PCR berendezést (Applied Biosystem, Waltham, MA, USA) használtunk a DNS-szekvencia amplifikálására. A PCR-termékeket a SIGMA GenElute™ PCR Clean Up Kit-tel (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) tisztítottuk a protokoll szerint. A BigDye® Terminator 3.1-es verziójú Cycle Sequencing Kit-et (ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA) használtuk a szekvenálási reakcióhoz a gyártó ajánlásait követve. A szekvenciadetektáláshoz ABI Prism 3130XL Genetic Analyzert (Applied Biosystems, ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA) használtunk a gyártó útmutatásai szerint.

Az mtDNS D-hurok szekvenciáit egymáshoz illesztettük, a haplocsoportokat és a haplotípusokat MEGA 11 segítségével határoztuk meg (Tamura és mtsai, 2021). A DnaSP 6 (Rozas és mtsai, 2017) szoftvert a genetikai diverzitás indexeinek (haplotípus diverzitás, H_d és nukleotid diverzitás, π) becslésére, valamint Tajima D (Tajima, 1989) és Fu Fs (Fu, 1997) tesztjein alapuló neutralitási tesztek elvégzésére használtuk. E statisztikák kiegészítéseként a demográfiai profilra a páronkénti nukleotid-site különbségekből (*mismatch distribution*) következtettünk. A székely ló haplocsoport gyakoriságait a szakirodalomban talált adatokkal (Achilli és mtsai, 2012) egyoldali különbség teszttel, ismert számú megfigyeléssel (TIBCO Software Inc., 2020) hasonlítottuk össze.

A D-hurok szekvenciák a GenBank-ban vannak letétbe helyezve: OL445148-OL445206.

3.3. Eredmények

3.3.1. A hazai őshonos juhajták prion gén diplotípusainak génikus változatossága

A **2.1. táblázat** mutatja a haplotípusok megoszlását a cikta és a cigája populációkban. A későbbi években (2013–2015) egységesen az ARQ haplotípus a leggyakoribb (49,81-74,93%), ezt követte az ARR (14,19-45,81%). Az ARH (kivéve a tejelő cigáját, ahol ez 9,93%) és a VRQ haplotípusok előfordulása nem tekinthető érdekminek. A cikta fajtában a legrezisztensebb haplotípus (ARR) a kíváncsnál jóval ritkábban fordul elő, mind a korábbi (2004), mind a jelen elemzésben. Ebben a fajtában a χ^2 teszt nem mutat szignifikáns különbséget ($p = 0,519$) a korábbi és a jelenlegi eredmények között. Meg kell azonban említeni, hogy a kontroll kimutatás (Fésüs és mtsai, 2004, 2008) kisebb mintaméreten valósult meg, talán ezért hiányoztak az ARH és a VRQ haplotípusok is. Az őshonos cigája fajta figyelemre méltó fejlődésen ment keresztül a legelőnyösebb ARR haplotípust illetően ($p = 0,006$), valamint a tejelő cigája populációja is magasabb és egyben elfogadhatóbb értékeket mutat a rezisztensebb haplocsoportok vonatkozásában, mint a cikta.

A racka csoport fajtáira vonatkozó korábbi és későbbi adatok a **2.2. táblázatban** található. Általános tendenciaként megállapítható, hogy a haplotípusokban jelentős változások következtek be; a legmarkánsabban és legkedvezőbben a gyimesi racka fajtában ($p < 0,001$).

2.1. táblázat: A cikta és a cigája juhok prion haplotípusainak aránya (%) és prion gén génikus változatossága

Mutatók	Cikta 2004	Cikta 2013–2015	Cigája 2004	Cigája 2013–2015	Tejelő cigája 2013–2015
Haplotípus:	(2n = 138)	(2n = 2290) Chi ² = 3,235; df = 4; p = 0,519	(2n = 128)	(2n = 2122) Chi ² = 14,328; df = 4; p = 0,006	(2n = 1652)
ARR	20,29 (28)	14,19 (325)	28,91 (37)	45,81 (972)	27,48 (454)
AHQ	9,42 (13)	10,70 (245)	3,13 (4)	3,30 (70)	1,27 (21)
ARH	0,00 (–)	0,13 (3)	1,56 (2)	0,42 (9)	9,93 (164)
ARQ	70,29 (97)	74,93 (1716)	65,63 (84)	49,81 (1057)	57,32 (947)
VRQ	0,00 (–)	0,05 (1)	0,78 (1)	0,66 (14)	4,00 (66)
Effektív haplotípus szám	1,84	1,69	1,94	2,18	2,41
Shannon index	0,794	0,745	0,846	0,874	1,087
Relatív Shannon index, %	72,3	46,3	52,6	54,3	67,6
Nei-féle haplotípus diverzitás	0,1647	0,1459	0,1694	0,1927	0,2082
Káros kodonok aránya, %	29,7	32,2	25,0	19,4	25,9

A génikus változatosságot a **2.1.** és **2.2. táblázatban** bemutatott eredmények alapján, együttesen értékeljük. Az effektív haplotípus számot tekintve a legnagyobb variabilitást a későbbi fehér racka populációban találtuk. Itt ennek értéke az ötből (maximum), majdnem elérte a négyet (3,96), ami az adott fajta szinte kiegyenlített haplotípus gyakoriságát tükrözi. A legalacsonyabb effektív haplotípus szám a későbbi cikta populációban volt megfigyelhető (1,69), ami a domináns ARQ haplotípus (74,93%) következménye. Megállapítást nyert továbbá, hogy a kedvező ARR haplotípus frekvenciája növekedésével az effektív haplotípus szám is nőtt (a cigája és gyimesi racka fajtákban).

A vizsgált állományok entrópiáját jellemző Shannon információs index értékei jól korrelálnak az effektív haplotípus számmal. A relatív Shannon információs index (I_{rel} %) értékei nagy tartományban (46,3 és 90,3 között) és időben inkább növekvő mértékben változtak. Nei-féle haplotípus diverzitás értéke 0,1459 és 0,3393 között alakult, ezek követték az effektív haplotípus számban talált tendenciákat. Összességében, a káros kodonok aránya alacsonynak (<30%) tűnik, és idővel javulni látszik, kivéve a cikta fajtát. A fekete racka értékei a káros kodonok arányában (26,8%; 2013–2015) kissé kedvezőbbek a fehér racka értékeinél (30,4%; 2013–2015), amely ellentmondani látszik a fehér racka magasabb ARR és alacsonyabb ARQ gyakoriságával.

A prion genotípusok (diplotípusok) mind a tizenöt lehetséges változata csak a tejelő cigájában került azonosításra. A többi fajtában a genotípusok változatai kisebb számmal jelentek meg; ezekről részletesen közleményünkben adunk számot (Gáspárdy és mtsai, 2018). A leggyakrabban előforduló genotípusok a kevésbé kedvező ARQ-t hordozó genotípusok voltak, fajtától függetlenül. Ezeket követték a kedvezőbb ARR-t hordozó genotípusok a cikta kivételével. A legérzékenyebb homozigóta VRQ/VRQ csak három egyedben fordult elő (a tejelő cigája és a fehér racka fajtákban).

A genotípusok tekintetében a cikta populációk között nem volt szignifikáns különbség ($p = 0,083$) az idő múlásával, sőt a kevésbé kedvező ARQ/ARQ genotípus gyakorisága 10%-kal nőtt. Ezzel

2.2. táblázat: A különféle rackák prion haplotípusainak aránya (%) és prion gén génikus változatossága

Mutatók	Racka 2004	Fehér racka 2013–2015	Fekete racka 2013–2015	Gyimesi racka 2004	Gyimesi racka 2013–2015
Haplotípus:	(2n = 280)	(2n = 1688) Chi ² = 17,585; df = 4; p = 0,001	(2n = 1558) Chi ² = 14,841; df = 4; p = 0,005 (Chi ² = 39,675; df = 4; p < 0,001) ⁺	(2n = 114)	(2n = 788) Chi ² = 55,814; df = 4; p < 0,001
ARR	23,93 (67)	34,48 (582)	30,87 (481)	27,19 (31)	56,98 (449)
AHQ	17,86 (50)	21,92 (370)	8,22 (128)	0,88 (1)	2,92 (23)
ARH	12,14 (34)	15,34 (259)	9,11 (142)	0,00 (–)	2,03 (16)
ARQ	42,50 (119)	24,64 (416)	48,85 (761)	70,18 (80)	34,77 (274)
VRQ	3,57 (10)	3,61 (61)	2,95 (46)	1,75 (2)	3,30 (26)
Effektív haplotípus szám	3,50	3,96	2,86	1,76	2,23
Shannon index	1,388	1,453	1,240	0,715	0,983
Relatív Shannon index, %	86,3	90,3	77,1	51,6	61,1
Nei-féle haplotípus diverzitás	0,2938	0,3393	0,2481	0,1493	0,2091
Káros kodonok aránya, %	32,5	30,4	26,8	25,2	16,4

⁺ a fehér és fekete rackák összehasonlítása 2013–2015-ben

egyidejűleg szignifikáns javulás következett be a cigája és a különböző racka populációkban ($p < 0,001$ minden esetben). A Chi² teszt igazolta, hogy a magyar őshonos juhajták aktuálisan vizsgált populációi teljes Hardy–Weinberg genetikai egyensúlyban vannak ($p \approx 1,000$ minden esetben). A cikta fajtában kiemelendő, hogy az R4 kockázati csoport hiányzik, és az R5-öt csak egy egyed képviseli. Az ARQ magas gyakorisága miatt az R3 csaknem 74%-os gyakorisággal van jelen, és a tenyésztésre legalkalmasabb állatok (R1) csak körülbelül 2,5%-ot képviselnek. A két egymást követő értékelés között statisztikailag igazolt ($p < 0,031$), hogy a cikta juhok kockázati besorolása megváltozott: az R1 növekvő aránya javulásként értelmezhető, de az R3 állatok arányának szintén jelentős növekedése nem kedvező, ami együtt jár az AHQ haplotípus gyakoriságának az ARR rovására történt növekedésével. A többi, a ciklánál kevésbé érzékenynek tartott fajtában azonban mind az R4 (0,85-3,30%), mind az R5 (0,47-5,45%) kockázati csoport nyomokban megtalálható. Az R1 gyakorisága alapján a magyar őshonos juhajták közül a legnagyobb javulást a gyimesi racka érte el.

3.3.2. A zaupel juh utódfajtáinak közös eredete

A teljes vizsgálati minta CR régiójában a monomorf bázishelyek száma 1048 volt, míg a polimorf bázishelyeké (mutációké) 131. Utóbbi esetében 13 szingleton és 118 parszimón mutációt találtunk.

Az **2.3. táblázatban** látható, hogy a megfigyelt mutációk száma pozitív kapcsolatot mutat a vizsgálatba bevont egyedek számával. Az egyedenkénti mutációk átlagos száma azt mutatja, hogy a waldschaf és bovec juhmintákban gyakoribb a mutáció, mint a ciktaéban. Látható, hogy a cikta jellemző a legnagyobb diverzitás, hiszen itt található a legtöbb átlagos nukleotid eltérés (21,251) és a legváltozatosabb nukleotid diverzitás ($18,02 * 10^{-3}$). Ezt a fajtát a waldschaf, majd a bovec juh követi létszamarányosan csökkenő diverzitással.

2.3. táblázat: A mintaszám és a polimorf pozíciók száma

Mutató	Waldschaf	Bovec	Cikta
Mintaszám	27	21	70
Polimorf bázishelyek száma	68	52	108
Egyedenkénti átlagos mutációk száma	2,52	2,48	1,54
Átlagos nukleotid eltérések száma, k	18,661	17,152	21,251
Átlagos nukleotid diverzitás, π	$15,83 * 10^{-3}$	$14,54 * 10^{-3}$	$18,02 * 10^{-3}$

A waldschaf és bovec juhok összehasonlításában az átlagos nukleotid eltérések száma 18,773 volt (**2.4. táblázat**). Itt a Jukes és Cantor szerint számított bázishelyettesítések korrigált száma ($D_{xy}(JC)$) $16,77 * 10^{-3}$ volt, $2,86 * 10^{-3}$ szórással (SD). A waldschaf és cikta közötti átlagos nukleotid különbségek száma 20,806 volt, míg a bázishelyettesítések korrigált száma ($D_{xy}(JC)$) Jukes és Cantor szerint $17,84 * 10^{-3}$, $2,37 * 10^{-3}$ szórással. A harmadik összehasonlításban (bovec juh és cikta) az átlagos nukleotid eltérések száma 21,383, a Jukes és Cantor ($D_{xy}(JC)$) értéke $19,18 * 10^{-3}$, $2,36 * 10^{-3}$ szórással. A fajták közötti megosztott mutációk aránya a waldschaf és a bovec között volt a legnagyobb (36%) és a cikta és a bovec között a legkisebb (26%).

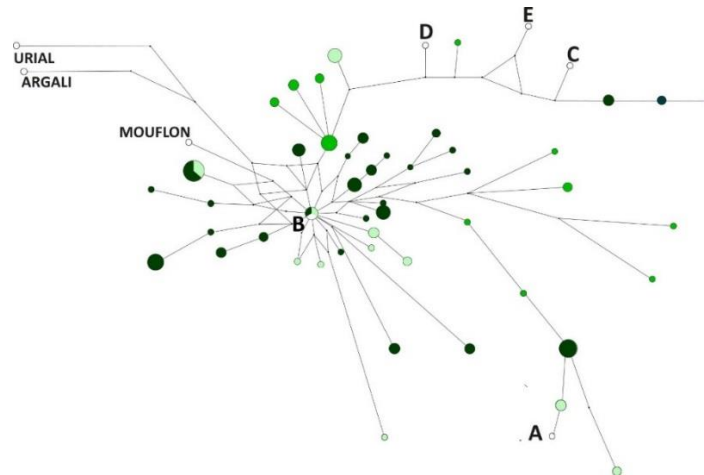
2.4. táblázat: A páronkénti átlagos nukleotid eltérések száma (k) és az átlagos nukleotid diverzitás (π) a három rokon fajtában

Mutató	Waldschaf és bovec	Waldschaf és cikta	Bovec és cikta
Páronkénti átlagos nukleotid eltérések száma, k	18,773	20,806	21,383
Páronkénti átlagos nukleotid diverzitás, π	$15,91 * 10^{-3}$	$17,65 * 10^{-3}$	$18,14 * 10^{-3}$
Közös mutációk száma és aránya, n és %	43, 36%	51, 29%	42, 26%

A teljes vizsgálati populációban elvégzett Tajima teszt szerint a páronkénti átlagos nukleotid eltérések száma (k) 20,880, a páronkénti átlagos nukleotid diverzitás (π) $18,04 * 10^{-3}$ volt. A Tajima D-teszt értéke -0,914, statisztikailag nem szignifikáns ($p > 0,10$). A szignifikáns pozitív érték a genetikai beszűkülés (palacknyak-hatás) vagy egy adott populáció alpopulációira való szétesésének mutatója lenne. Mindeközben a szignifikáns negatív érték a nemkívánatos géntől való megszabadulást jelentő szelekciót, vagy alkalmasint a demográfiai expanziót jelzi. A teljes poolon végzett Fu és Li D^* és F^* tesztjei ($D^* = 1,217$, $p > 0,10$) és ($F^* = 0,562$, $p > 0,10$) nem adtak szignifikáns értékeket. A haplotípus diverzitás (H_d) Fu és Li tesztje 0,973-at eredményezett $5 * 10^{-3}$ szórással. Ezzel szemben a Fu F_s statisztikája -3,296 szignifikáns ($p = 0,013$) értéknek bizonyult.

A haplotípusok teljes száma a teljes vizsgálati populációban 49 volt, az azonosított haplocsoportok száma négy. A haplocsoportok közül a legnépesebb a B (35 haplotípussal) volt, ezt követte az A (10 haplotípussal). Kimutattuk a D és C haplocsoportok megjelenését is, amelyek

egy (egyetlen bovec egyeddel), illetve három haplotípust (hat cikta egyeddel) tartalmaztak. A vizsgált CR-haplotípusok és a referencia-CR-haplocsoportok közötti medián-joining módszerrel számított kapcsolatok hálózata egyértelműen mutatja, hogy a haplotípusok elsősorban a referencia B haplocsoport körül helyezkednek el (**2.1. ábra**).



2.1. ábra: A három rokonfajta kapcsolata a CR haplotípusai és haplocsoportjai szerint. A waldschaf minták – világoszöld, a bovec minták – zöld, a cikta minták – sötétzöld színnel jelöltek. A fehér szín a különböző referenciamintákat: A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 (Meadows és mtsai, 2005); O. musimon Mouflon HM236184, O. ammon Argali HM236188, O. vignei Urial HM236186 (Hiendleder és mtsai, 2002) mutatja. A körök mérete arányos a haplotípusonként megfigyelt egyedek számával.

3.3.3. A székely ló rekonstruált állományának matrilineális összetétele

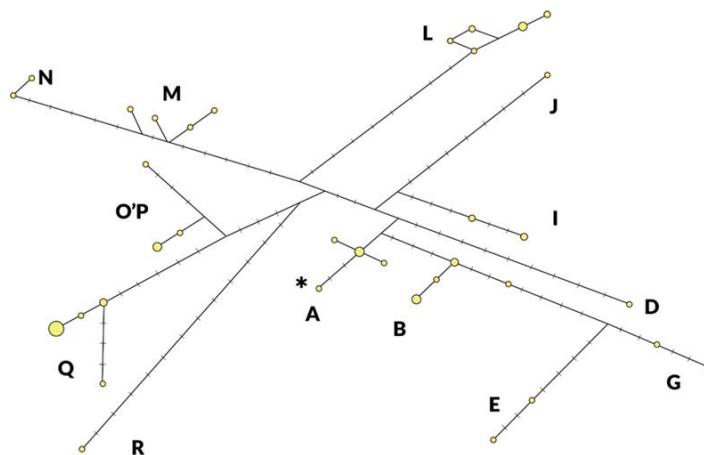
Az 59 rendezett szekvenciában az értékelte nukleotidok száma 608 (konszenzus szerint 15494-től 16101-ig) volt. A hiányok nélkül a nukleotid helyek száma 605 volt. Ebből 537 változatlan (monomorf) és 68 változó (polimorf) hely volt. Ez utóbbi megfelel a mutációk teljes számának, amiből összesen 18 szinglet és 50 parszimón informatív hely volt. A parszimón olyan polimorf bázishely, amelybe két vagy több bázisváltozat lehet jelen, és ezek közül kettő legalább kétszer előfordul.

A nukleotid diverzitás (π) 0,02232 volt, 0,00066 szórással. A Jukes és Cantor módszerrel (π -JC) kimutatott nukleotid diverzitás 0,02271 volt. A nukleotid eltérések átlagos száma (k) 13,503 volt. A vizsgálati populációban összesen 34 haplotípust azonosítottunk az eddig leírt 83-ból. A haplotípus diverzitás (H_d) 0,966, míg a haplotípusú diverzitás szórása 0,013 volt.

Amint a **2.2. ábrán** látható, az ismert 18 haplocsoportból 13 van jelen a rekonstruált székely ló populációban legalább egy képviselővel. Hasonlóan alacsony számú képviselővel találtuk meg az A (5), D (1), E (2), G. (4), I (4), J (1), M (4), N (2), O'P (4) és R (1) haplocsoportokat. Kivételként mutatkoztak a Q, L és B haplocsoportok nagyobb számú (15, 9 és 7) reprezentánssal. A J haplocsoportban azonosított egyedet az összehasonlításban a J-K haplocsoportokhoz tartozóként szerepeltetjük.

2.2. ábra: A székely lóban kimutatott haplocsoportok (A–R) és haplotípusok (sárga körök) megoszlása (n = 59).

A körök mérete arányos a haplotípusonként megfigyelt egyedek számával. A haplotípusokat összekötő szakaszokon a keresztezett vonalak jelzik a köztük lévő mutációk számát. A csillag azt a haplotípust jelöli, amely megegyezik a GenBankban (Xu és Arnason, 1994) közzétett Equine Reference Sequence, NC001640 jelű szekvenciával.



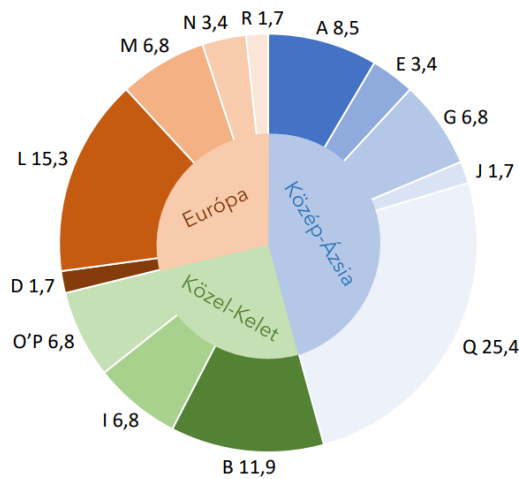
A **2.5. táblázatban** a székely ló haplocsoportjainak gyakorisági értékeit hasonlítjuk össze Achilli elemzésének eredményeivel (Achilli és mtsai, 2012). Látható, hogy földrajzi elterjedtségük szerint mely lovakhoz áll közelebb a székely ló. Nyolc haplocsoport (A, I, J–K, L, M, N, O’P és R) esetében a székely ló beolvadt a három földrajzi régió gyakorisági értéktartományába. Két esetben (D és G haplocsoport) a gyakoriságok a három földrajzi régió frekvenciaértékei alatt

2.5. táblázat: A székely ló haplocsoport-gyakoriságai Achilli és mtsai (2012) elemzésével összevetve

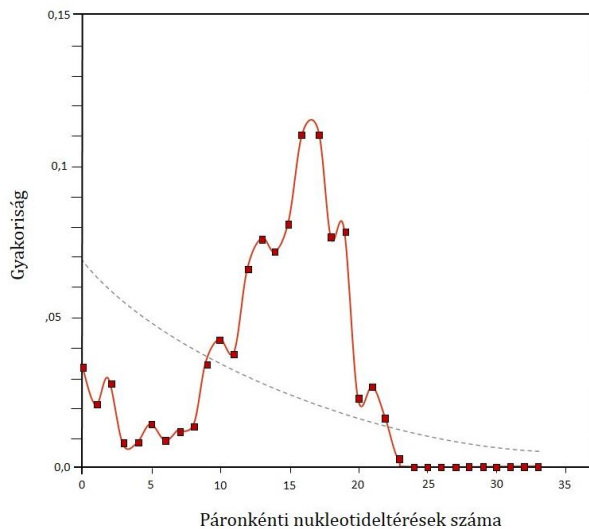
Haplocsoport	Közép-Ázsia n, %		Közel-Kelet n, %		Európa n, %		Székely ló n(σ), %	
Teljes mintaszám, n	587	100	192	100	1249	100	59	100
A	70	11,9	15	7,8	56	4,5	5(1)	8,5
B	10	1,7	21	10,9	117	9,4	7(3)	11,9
C	21	3,6	6	3,1	5	0,3	-	-
D	17	2,9	4	2,1	57	4,6	1	1,7
E	13	2,2	1	0,5	6	0,5	2(1)	3,4
E-G	4	0,7	2	1,0	13	1,0	-	-
F	18	3,1	-	-	-	-	-	-
G	96	16,4	16	8,3	109	8,7	4(1)	6,8
H	8	1,4	-	-	13	1,0	-	-
I	36	6,1	22	11,5	100	8,0	4(2)	6,8
J-K	38	6,5	7	3,7	7	0,6	1(1)	1,7
L	79	13,5	43	22,4	475	38,1	9(2)	15,3
M	24	4,1	10	5,2	91	7,3	4(2)	6,8
M’N	5	0,9	-	-	1	0,1	-	-
N	17	2,9	6	3,1	106	8,5	2	3,4
O’P	39	6,6	16	8,3	17	1,4	4(2)	6,8
Q	81	13,8 ^a	20	10,4 ^a	48	3,9 ^b	15(4)	25,4 ^a
R	11	1,9	3	1,6	28	2,2	1(1)	1,7

maradtak. Viszont, három esetben (B, E és Q haplocsoport) a gyakoriságok meghaladták azokat. A Q haplocsoport esetében a gyakoriság szignifikánsan magasabb volt ($p < 0,006$).

A körgrafikon (2.3. ábra) a székely ló matrilineális háttérének összetételét mutatja a földrajzi területekre legjellemzőbb haplocsoportok szerint. Az ábra azt is szemlélteti, hogy a székely ló egyrészt a három földrajzi területen élő lópopulációk genetikai mintázatában osztozik valamennyi haplocsoportjával, másrészt a három legnépesebb haplocsoportjával is. Az ázsiai lovakra (akhal-teke) jellemző HG (pl. Q) szerint a vizsgált állomány jelentős mértékben ázsiai eredetű (feltehetően más e régióból hozott magyar lovakhoz hasonlóan). A rekonstruált székely ló anyai háttérét az európai (pl. L) és a közel-keleti (pl. B) lovakra jellemzőbb matrilineális származás egészíti ki.



2.3. ábra: A székely ló haplocsoport (A–R) összetételének (külső gyűrű) százalékos aránya a földrajzi területekre legjellemzőbb haplocsoport (belső gyűrű) szerint. A kézzel jelölt közép-ázsiai lovakban az A, E, G, J–K és Q haplocsoportok gyakoribbak, mint más lovakban. A székely lóban ezek a haplocsoportok az összes 45,8%-ban vannak jelen. Ezzel szemben az európai és közel-keleti lovakra jellemző haplocsoportok 28,8, illetve 25,4%-kal jelennek meg. Ezekből az értékekből arányosan következtetünk a rekonstruált székely lóállomány eredetére.



2.4. ábra: A székely ló páronkénti nukleotid eltérések gyakorisági eloszlása folytonos piros vonallal (a szaggatott szürke vonal a várható eloszlást jelenti állandó populációméret esetén)

A Tajima D teszt eredménye $-0,26556$ volt, ami statisztikailag nem volt szignifikáns ($p > 0,10$). Fu és Li D^* teszt statisztikája szerint, amely a $-0,44031$ értéket adta, nem volt szignifikáns ($p > 0,10$). A Fu és Li F^* tesztet tekintve a $-0,44723$ eredmény szintén nem volt szignifikáns ($p > 0,10$). Fu és Li F_s statisztikája $-6,566$ volt szignifikáns hiba valószínűséggel ($p < 0,001$).

A folytonos vonallal összekapcsolt pontok a szekvencia eltérések köztes (a multimodális és az unimodális közötti átmenet) megfigyelt eloszlását tükrözik (2.4. ábra). A szaggatott vonal a várható eloszlást jelenti állandó populációméret esetén; ennek lefolyása mérsékelt.

3.4. Eredmények értékelése

3.4.1. A hazai őshonos juhajták prion génje génikus változatosságának értékelése

Nagyszámú mintavételi állományon elvégzett vizsgálataink igazolják, hogy a magyar őshonos juhajták eltérő surlókérral szembeni örökletes rezisztenciával rendelkeznek, ezek közül a cikta a legalacsonyabbal. A fajta kockázati besorolása (különösen az ARR haplotípus tekintetében) nem javult. Ugyanakkor, a többi fajtában a surlókérr-rezisztencia szelekciója határozottan sikeres volt. Fontos, hogy a fogékony (VRQ alléllal rendelkező) állatokat kizárjuk a tenyésztésből. Törekedni kell az 1. vagy 2. kockázati csoportba tartozó kosok felhasználására. A ciktaban még mindig gyakori az ARQ haplotípus és a 3. kockázati csoport, amit ugyanakkor fajtaspecifikusnak kell tekinteni.

Az eliminációs programnak köszönhetően világszerte megnőtt a surlókérr-rezisztens juhok aránya (leginkább az intenzív fajtákban; Drögemüller és mtsai, 2001), amit az ARR haplotípus gyakoriságának növekedése bizonyít. Más fajtákban a magyar őshonos fajtainknál szerényebb, nem kielégítő eredményekkel találkozhatunk. Például Cameron és mtsai (2014) szerint a kanadai arcott fajtában nagyobb volt a VRQ allélok gyakorisága (15%), valamint nagyobb arányban voltak jelen a hátrányos rizikó csoportok (R4 és R5 10% felett). Viorca és mtsai (2008) az ARR/ARR genotípus gyakoriságát 14,63%-nak találták a curkán juh hátszegi ökotípusában (123 kos); ez a mi gyimesi rackánkban 35,28% volt. Baylis és mtsai (2004) megnyugtatóan megerősítette a surlókérr lényegesen alacsonyabb kockázatát az ARQ/ARQ genotípusban, mint az ARQ/VRQ vagy a VRQ/VRQ esetében. Ez a megfigyelés vezethetett a cseh eradikációs program módosított szelekciós feltételéhez, miszerint tenyésztési engedélyt csak ARQ-hordozó kosok kapnak (Stepanek és Horin, 2017). A rezisztens egyedek és különösen a rezisztens kosok fokozatos kiválasztását össze kell kapcsolni a surlókérr lehetséges előfordulásának csökkentésével. Másrészt a termelékenység és a genetikai diverzitás fenntartására is gondolni kell. Egyes vizsgálatok (pl. Nagy és mtsai, 2009) kimutatták, hogy az ARR haplotípust hordozó merinók napi gyarapodása alacsonyabb, mint az ARR-t nem hordozó egyedeké. Álvarez és mtsai (2007, 2009) arra a következtetésre jutottak, hogy a szelektív fajtafenntartó programban az ARR heterozigótákat kell elsősorban kiválasztani a továbbtenyésztésre, ugyanakkor nem szabad a nemkívánatos kockázati csoportba tartozó (R4 és R5) egyedeket sem teljes mértékben kizárni a tenyésztésből, azért, hogy az őshonos juhajták diverzitásának csökkenését elkerüljük.

Azt találtuk, hogy a génikus változatosság átmenetileg növekedhet a szelekciós folyamat megkezdését követően. A végső cél a prion haplotípusok entrópiájának csökkentése az ARR haplocsoport kizárólagos rögzítése mellett. A relatív Shannon információs index (I_{rel} %) érzékenyebb, mint a Shannon információs index és különösen előnyös, ha nem azonos haplotípus (allél, STR) számokat kell összehasonlítani (Gáspárdy és mtsai, 2014b). Ezt jól szemlélteti a ciktaban, hogy a haplotípusok számának növekedése (3-ról 5-re) ellenére az ARQ elsőpró túlsúlya miatt az entrópia csökkent (72,3-ról 46,3%-ra). Megfigyeltük, hogy a surlókérr mentesítési program megkezdését követően a prion gén entrópiája nőni kezdett, mert a haplotípus változatok arányában kiegyenlítődéssel reagáltak a fajták. A program folytatásában az rendezetlenség

csökkenése valószínűsíthető. A kártékony kodonok aránya (%) hasznos mutatója lehet a felszámolási programnak. Ennek legalacsonyabb, egyúttal legkedvezőbb aránya (16,4%) a gyimesi racka későbbi állományában volt megfigyelhető. Ipate és mtsai (2013) vizsgálatai nyomán a káros kodonok aránya 26,8% volt romániai curkán hímvivarában (153 kos).

A χ^2 teszt igazolta, hogy a magyar őshonos juhajták populációi Hardy–Weinberg genetikai egyensúlyban vannak. A genetikai egyensúly elfogadható magyarázata a teljes mintavételben (minden anyajuh és kosjelölt) és a várt és megfigyelt értékek közötti kis eltérésben található. A Hardy–Weinberg egyensúly létrejöhet akár a prionhoz kapcsolódó fehérjéjén öt egynukleotidos polimorfizmusa esetén is, ahogy arról Kim és Jeong (2017) a koreai natív feketekecske populációban beszámoltak.

3.4.2. A zaupel juh utódajtái közös eredetének értékelése

A három zaupel utódajtában viszonylag magas fajtánkénti átlagos nukleotid diverzitást figyelhettünk meg. De igaz ez a hármójuk alkotta közös állományra is ($\pi = 18,04 \cdot 10^{-3}$). A cigájában, egy másik őshonos magyar juhajtában (130 egyed) a nukleotid diverzitás alacsonyabbnak ($11,84 \cdot 10^{-3}$) adódott (Gáspárdy és mtsai, 2022). Ezekből arra lehet következtetni, hogy a vizsgált rokon fajták önmagukban, de főként összességükben változatosabb genetikai összetételt mutathatnak, mint egy adott másik fajta. Mindkét hegyi racka fajtában, a gyimesi rackában és curkánban az átlagos nukleotid diverzitás még ennél is alacsonyabb volt (mindkettő $5 \cdot 10^{-3}$), és mindkét fajta Tajima D-értékei statisztikailag igazoltan a mínusz tartományba esnek (gyimesi racka -1,734 és curkán -1,814) (Kusza és mtsai, 2015). A magyar racka Romániában tenyésztett változatában Dudu és mtsai (2016) a zaupel leszármazottakéhoz hasonló értékeket találtak a kontrollrégió és a citokróm b gént együttes feldolgozásával; $H_d = 0,958$ és $SD = 9 \cdot 10^{-3}$.

Wassmuth és mtsai (2002) azt találták, hogy a steinschaf minden egyede (beleértve a bovec juhokat is) a B haplocsoportba tartozik. A waldschafban azonban az állatok több mint felében találtak A haplocsoportot. Ez azt mutatja, hogy nem minden zaupel juh leszármazottként kezelt állat vezethető vissza ugyanarra a házasított ősrre (tőzegjuh vagy *Ovis aries palustris*). 11 osztrák juhajta közül a legrövidebb genetikai távolságot Baumung és mtsai (2006) az alpesi kőjuh és a waldschaf között mutatták ki mikroszatellita, nukleáris információk alapján. A rézkori juh, amely Oliveri és mtsai (2012) szerint szintén a B haplocsoportba tartozik az egyik összekötő láncszeme lehet a tőzegjuh és távoli őse, az *Ovis ammon* egyik ázsiai alfaja közötti kapcsolatnak.

A fajták azonosságát támasztja alá a Tajima D-teszt értéke (-0,914, $p > 0,10$), valamint a Fu és Li's D* és F* tesztek értéke (1,217, $p > 0,10$ és 0,562, $p > 0,10$). Ezen értékek szerint a fajták között a polimorf helyek számában és a páronkénti átlagos nukleotid eltérések számában korlátozott a különbség. Ezek az eredmények azt mutatják, hogy a vizsgált zaupel leszármazottak közössége genetikai egyensúlyi helyzetben van, az ettől való eltérés nem veszélyezteti, és nincs a közösség demográfiai bővülését támogató erő. Ugyanakkor, e közös populációban az érzékenyebb Fu-féle Fs statisztika (-3,296, $p = 0,013$) szignifikáns negatív értéke egy térbeli expanziót követő idegen génbeáramlást mutat. Az Fs statisztika értéke esetünkben alacsonynak tekinthető, hiszen több hasonló juhkutató klasztereiben ez az érték a negatív tartományon belül nagyobb mértékben csökken, és jóval kisebb hibavalószínűséggel: pl. -7,48 ($p = 0,001$, Liu és mtsai 2016), -10,88 ($p < 0,001$, Guo és mtsai 2005), a cikta és a cigája között -41,261 ($p < 0,001$, Gáspárdy és mtsai (2022), és -76,28 ($p < 0,001$, Sulaiman és mtsai. 2011).

Feldolgozásunk során négy haplocsoportot különítettünk el. A B haplocsoport (ez a Közel-Keleten háziastott európai juhokra jellemző) minden zaupel leszármazottban (waldschaf, bovec és cikta) érvényesült 81%-, 62%-, illetve 80%-ban. Ezt követte az A haplocsoport (ez az indiai szubkontinensre jellemző, 77%; Lv és mtsai, 2015) gyakorisága. Az előbbi megfigyeléssel (Wassmuth és mtsai, 2002) ellentétben ez a haplocsoport a waldschaf állatoknak sokkal kevesebb, mint felében (19%) volt megtalálható. A bovec juhok jelentős arányban hordozzák az A haplocsoportot (33%), míg ez a haplocsoport a ciktaban is megtalálható, de kevésbé jellemzően (11%). Az A haplocsoport mai jelenléte Közép-Európában nem lehet meglepő. Magyarország területe, ami földrajzi elhelyezkedése folytán nagy valószínűséggel sorolható a gyapjútermelés legkorábbi kontinentális központjai közé, Európa legrégebbi, az A haplocsoportba tartozó maradványok mintáival szolgál. Sabatini és mtsai (2019) azt feltételezte, hogy az A haplocsoportú bronzkori juhok (Kr. e. 1500) jelenléte Magyarországon (Százhalombatta-Földvár) bizonyíték lehet arra, hogy a bronzkorban új, jobb gyapjútermelő képességű juhok érkeztek Európába.

A C haplocsoport vált le először a filogenetikai fejlődés során a B haplocsoporttól. A feldolgozásunk különleges eredménye, hogy a cikta fajtaban (hat egyeddel) kimutattuk a C haplocsoportot. A C haplocsoport 9%-os előfordulása e fajta még összetettebb anyai hátterére utal. Ez azt jelenti, hogy az anyajuhok a múltban Magyarországra a közelebbi és távolabbi területekről egyaránt érkezhetek. Így, akár Kis-Ázsiából (Meadows és mtsai, 2007), Kaukázusból (Tapio és mtsai, 2006), Grúziából (Kunelauri és mtsai, 2019) és a Kaszpi-tó régióból (Lv és mtsai, 2015) vagy Mongóliából (Ganbold és mtsai, 2019) és Kínából (Guo és mtsai, 2005; Chen és mtsai, 2006), ahol legjobb tudomásunk szerint a C haplotípus Európán kívül megtalálható. Ezenkívül Lv és mtsai (2015) szignifikánsan magasabb C haplocsoport gyakoriságot találtak a zsírfarkú fajtaban, mint rövid farkú fajtaban, továbbá a C csoporton belül az észak-kínai fajtaban a legmagasabb szintű haplotípus variabilitást. Északkelet-Indiában Sharma és mtsai (2020) igazolni tudták a ritka C anyai leszármazási vonalat (a veszélyeztetett tibeti és bonpala fajtaban) annak ellenére, hogy az indiai juhajtában az A haplocsoport túlsúlya (89%) ismeretes. A szerzők szerint e két fajta India ezen agroökológiai régiójába a tibeti kereskedőkkel vándorolt, akik teherhordó állatként használták azokat különféle áruk szállításában.

A másik újdonság a nagyon ritka D haplocsoport 5%-os szintű felfedezése a szlovén bovec juhajtában, amely fajta így szintén három haplocsoportot képvisel. Mariotti és mtsai (2013) a szomszédos Olaszország bergamasca (17%) és a laticauda (7%) fajtaiban mutatták ki a D haplocsoport jelenlétét. Bár vizsgálatunkban a szlovén bovec egyedet a D haplocsoporthoz tartozónak azonosítottuk, valójában az inkább a D és az E közé esett, mivel 33 mutációra van a GenBank-i D-től, és 37 mutáció választja el a GenBank-i E-től.

A C és D haplocsoportba tartozó juhok vagy az ősemberrel együtt jelentek meg Európában, vagy későbbi vándorlási időszakban érkeztek ide Ázsiából. A magyarországi őshonos juhok tekintetében az utolsó ilyen „hiányosan feljegyzett” időszaknak a 16-17. századi Oszmán Birodalom tekinthető. Ekkor jelenhettek meg azok a zsírfarkú juhok, mint például a karakül és a kivircik (melyekben a C haplocsoport gyakorisága 6%, illetve 4%; Demirci és mtsai, 2013), amelyek aztán beolvadtak a helyi populációkba. A bovec juhokban talált D haplotípus valószínűleg a bergamasca alpesi juh génállományának beolvadásával magyarázható földrajzi közelsége miatt. Elképzelhetőnek tarjuk, hogy a C és D haplocsoport más őshonos fajtaban is kimutatható Magyarországon és Szlovéniában vagy más környező országokban, mint ahogy a C haplocsoportot a kecskeméti sárgafejű zárvány fajtaban megtaláltuk (Gáspárdy és mtsai, 2023b). Tiszta E haplocsoportot sem mi, sem mások nem észlelték még Európában.

3.4.3. A székely ló matrilineális összetételének értékelése

Megállapítjuk, hogy a vizsgált székely ló állomány a CR alapján közel fele arányban keleti eredetű, amelyet kisebb mértékben egészít ki az európai és közel-keleti lovakra jellemzőbb anyai háttér. Ezt különösen az összehasonlításban szereplő lovakénál gyakoribb Q haplocsoportja erősítette meg ($p < 0,006$).

A székely ló esetében példát látunk arra, hogy a távoli, markáns anyai háttér az intenzív átkeverezés ellenére is fennmaradt. A kelet-bolgár lófajta, mint modern háta, őshonos kanca (kamchia) alapon jött létre arab és angol telivérek keresztezésével. Az anyai háttérben azonban az egyedek nagy része (35%) hordozza az ázsiai lovakra jellemző Q haplocsoportot (Hristov és mtsai, 2020). Öt iráni őshonos lófajta szekvencia analízise ($n = 95$, 247 bp) 27 haplotípust állapított meg, 38 polimorf hellyel és 12 haplocsoporttal (Moridi és mtsai, 2013). Ezek a mutatók mind magasabb értékeket kaptak a székely lóban (34, 68, illetve 13). Az iráni fajtákban azonban a leggyakoribb haplotípusok az X2 haplocsoportban találhatók a korábbi besorolás szerint (Cieslak és mtsai, 2010). Az X2-t Elsner és mtsai (2016) azonosították késő vaskori ló leletekben, Svájcban. Ezek az ősi ló maradványok (kelta és római) Közép-Európában a főbb haplocsoportokban (B, D, F, I, X2, X3) képviseltetik magukat, kivéve a mai közép-ázsiai lovakra jellemzőket (pl. A, G, Q). Priskin és mtsai (2010) kutatásai szerint a Kárpát-medencében talált ősi (avar és magyar honfoglalás kori) és a közelmúltbeli (Magyarországon a hucul és Türkmenisztánban az akhal-teke) ló haplotípusok egyike sem alkotott külön klasztert Jansen és mtsai (2002) rendszerezése nyomán. Az avar minták egyharmada a D haplocsoportba, egynegyede az A csoportba került. A régi magyar és a mai akhal-teke egyedek fele pedig az A csoportba. A huculok fele az F-hez tartozott. Kusza és mtsai (2013) szerint a magyar hucul lovak ($n = 71$) jellemzően A, D és F haplocsoportot hordoznak, amit a szerzők a távol-keleti és az ibériai-félszigeti modern lovakkal való szoros kapcsolatukkal magyaráztak. Hangsúlyozzák a 22 távoli anyai vonalat és ezek egy részének egyedi haplocsoportozásához tartozását, amelyek alapot adnak a sokféleség megőrzéséhez. Úgy gondolják, hogy a hucul és számos európai ló olyan ősök leszármazottja, akik közvetlenül a Földközi-tenger térségéből érkeztek. A cleveland bay fajtában ($n = 96$; A, B, C, D) a szerzők (Dell és mtsai, 2020) az A, B és D haplocsoportok jelenlétét a spanyol és észak-afrikai lovakból származtatják. Szerintük a fajta anyai úton az őshonos brit póniból csak a C tekintetében fejlődött ki. C1 klaszterét Jansen és mtsai (2002) az exmoor, fjord, izlandi és skót highlandi pónikhoz kötik. A lengyel hidegvérű lóban (73 kanca, 46 szegregációs hely, 15 különböző haplotípus) két fő haplocsoportot (A, B) találtak Myčka és mtsai (2022). Ez a szintetikus fajta a helyi kancák és a nyugat-európai hidegvérű fajták importménéjeivel való keresztezés eredménye. Ivanković és mtsai (2009) vizsgálata szerint a posavina ($n = 20$), a horvát hidegvérű ($n = 20$) és a muraközi ($n = 15$) a D, F, valamint B, H, ill. C, A haplocsoportok dominanciáját mutatták a Jansen-féle csoportosítás (Jansen és mtsai, 2002) nyomán. Ezek a fajták Horvátország veszélyeztetett őshonos fajtái, és bizonyítottan számos ősi anyai leszármazási vonalat hordoznak. E lófajták szekvenciái a belga és arab lovakéhoz állnak a legközelebb. Ezek közül a muraközi ló abban a tekintetben hasonlítható a székely lóhoz, hogy ez a fajta is fajtarekonstrukcióban vesz részt. Hristov és mtsai (2017) tanulmánya rávilágít, hogy a rila-pirin fajta kétségtelenül ázsiai-specifikus haplocsoportokat (A, E, Q, J és C) mutat, amelyek együttesen az anyai háttér felét tették ki. Az oroszországi Trans-Bajkál régió zabaikalskaya lovában ($n = 31$) 31 haplotípust és 8 haplocsoportot (B, C, G, H, L, M, Q és R) mutattak ki Khrabrova és mtsai (2021). A leggyakoribb haplocsoportok a G (16,3%) és a Q (25,81%) voltak. A Q haplocsoport hasonló domináns prevalenciáját a székely lóban is meg találtuk.

A rekonstruált székely ló állomány genetikai sokféleségét a polimorf helyek és haplotípusok magas száma is mutatja. Ezt megerősíti továbbá a magas haplotípus diverzitás ($H_d = 0,966$) és

nukleotid diverzitás ($\pi = 0,02232$). Az alkalmazott tesztek becsült értékei azonban minden esetben negatívak voltak (Tajima D teszt, Fu és Li F^* teszt, valamint Fu F_s statisztikája -0,26556, -0,44723 és -6,566) és nem szignifikánsak ($p > 0,10$). Csak a Fu F_s statisztika mutatott nagyobb negatív értéket és bizonyult szignifikánsnak ($p < 0,001$). Ez utóbbi a ritka haplotípusok, vagy a közelmúltbeli szelektív mutációk bőségére utal. Ehhez képest a teszt szignifikáns pozitív értéke genetikai beszűkülésről tájékoztatna. A CR páronkénti nukleotid különbségeinek mintázata felhasználható a rekonstruált székely lóállomány jelenlegi demográfiai összetételének (status praesens) megállapítására, inkább, mintsem a múltbeli populációnövekedés kimutatására. Ebből kifolyólag azt a következtetést vonhatjuk le, hogy ezeknek az állatoknak egyike sincs olyan szoros anyai rokonságban egymással.

3.5. A genotípus ellenőrzésével megvalósított kutatások következtetései, javaslatok és eredményeinek hasznosíthatósága

3.5.1. Az őshonos juhajták prion génjének génikus változatossága tekintetében

A hazai őshonos juhajták sűrűlőkör elleni örökletes ellenálló képességét vizsgáltuk a prion gén kodon változatait alapul véve. Megállapítottuk, hogy a vizsgálati években (2013-2015) a juhajták (a cikta kivételével) ellenálló képessége a korábbi kimutatásokhoz képest javulást mutatott, amit a kedvező haplotípusok (ARR, AHQ és ARH) arányának, ezen haplotípusokból kialakult genotípusok (diplotípusok) arányának, továbbá a kedvező rizikócsoportok (R1-R2) arányának növekedése eredményezett.

A jövőben folytatódik a sűrűlőkör rezisztencia fokozása a VRQ haplotípust hordozó tenyészállatok kizárásával. A rezisztencia nemesítés főleg az apai oldalon végezhető, de ezt hatékonyan erősíti az anyai oldal minél nagyobb körű genotipizálása. A csökkent rezisztenciát meghatározó haplotípusok (AHQ, ARH és ARQ) eliminálása hosszú ideig tarthat, különösen, ha teret engedünk más fontos, a ritka fajta tulajdonságait megőrző szelekciós kritériumoknak is.

Beigazolódott, hogy a prion gén változatait, és a sűrűlőkör mentesítés helyzetét részletesebben vizsgálhatjuk a génikus változatosság elemzésével. Az e révén kapott eredmények hozzájárulnak az állományokban bekövetkező változások hatékonyabb monitorozásához és új szempontból világítják meg a helyzetet. A kártékony kodonok aránya (%) hasznos mutatója lehet a sűrűlőkör elleni szelekciós programnak. A relatív Shannon információs index ($I_{rel} \%$) érzékenyebben tárja fel az időbeli változást, mint a Shannon információs index, ezért javasolható alkalmazása a későbbi állapotot feltáró munkákban.

3.5.2. A zaupel juh utódajtáinak közös eredete tekintetében

A fajtatörténeteken alapuló munkahipotézisünket genetikai elemzésekkel és azok statisztikai vizsgálatával igazoltuk. A B haplotípus és a három fajtában talált közös mutációk magas aránya, kiegészítve a Tajima D-, Fu és Li's D^* és F^* tesztekkel, amelyek nem adtak szignifikáns értékeket (mindegyikben $p > 0,10$), megerősítették, hogy ezek hasonlóak egymáshoz és valóban közös őstől, a zaupel juhtól származnak.

A Fu-féle haplotípus-frekvenciákon alapuló Fs statisztika a ritka allélgazdagság jelenségének kontrollja. Ennek szignifikáns negatív értéke ($-3,296$, $p = 0,013$) a populáció bővülésének (*genetic hitchhiking*) mutatója, ami térbeli expanziót követő idegen génbeáramlás következménye. A fajták közös mutációinak aránya a waldschaf és a bovec között volt a legnagyobb (36%) és a cikta és a bovec között a legkisebb (26%). Ez utóbbi két eredményből arra következtetünk, hogy a zaupel leszármazottakban az idő és a földrajzi távolódás függvényében megkezdődött a genetikai szegregáció. Látjuk, hogy a zaupel leszármazottak demográfiai története kis mértékben eltér egymástól, ami a változatos anyai háttér, azaz más genetikai hátterű anyajuhok fajtákba való bekerülésének a jele. Ezért, felvethető a fajták között a nőivarú tenyészállatok megokolt cseréje. A háziállatfajtáink fejlődésében általában azt tapasztaljuk, hogy az idegen fajták javító hatású apáinak több generáción át tartó használata a helyi anyaállat állományon (folytatható keresztezések különböző formáiban) hoz létre új fajtát (pl. merinósítás) az adott területen.

Az Európára jellemző B és A haplocsoportok mellett a C és D haplocsoportok jelenlétét is sikerült kimutatnunk Közép-Európában. Mélyrehatóbb vizsgálatok más juhajtók összetett anyai genetikai hátterét is igazolhatják. Felmerül a kérdés, hogy ha egy fajtát egységes genetikai hátterűnek tekintünk, akkor a fajtataársaiktól eltérő mtDNS haplotípusú egyedeket ki kell-e zárni az őshonos fajták megőrzéséből, vagy érdemes ezeket fenntartani.

Emellett munkánk felhívja a figyelmet az „alapító mintavétel” fontossága mellett a matrilineáris vonalak (családok) fenntartására és a családon belüli szelekció fontosságára. Az anyai oldal fokozott hangsúlyozását az is indokolja, hogy a nőstények nagyobb arányban vannak jelen, mint a hímek, és hosszabb ideig maradnak tenyésztésben, így nagyobb letéteményesei lehetnek a genetikai diverzitás megvalósításának és fenntartásának.

A tanulmányban nyert 118 új szekvenciát a GenBank nyilvános adatbázisában letétbe helyeztük a MW427961-MW428078 számokon. Ez hozzáférést enged másoknak is tág teret adva újabb összehasonlító vizsgálatoknak. Az egyedi eredményekről tájékoztattuk a tenyésztőket és javasoltuk a MJKSZ-nek a családok kódolását az országos törzskönyvben.

3.5.3. A székely ló rekonstruált állományának matrilineális összetétele tekintetében

A Székely Lótenyésztők Egyesületével együttműködve leraktuk a fajta DNS archívumának alapjait. A jövőbeni cél az, hogy új mintákkal gazdagítsuk ezt (2022-ben 12 további mintavétel történt). A kancák tenyésztése és a ménék szelekciója már a fajtán belül is elvégezhető az anyai származásról rendelkezésre álló mtDNS információk alapján. Bízunk abban, hogy a most megszerzett közvetlen molekuláris genetikai ismeretekkel elkezdődhet az a szelekciós munka, amely hozzájárul a székely ló fenntartható tenyésztéséhez és hasznosításához.

A fajtarekonstrukciós folyamat során nagyon fontos a genetikai és fenotípusos felügyelet megvalósítása. Az utóbbit a hagyományos testmérték rögzítés mellett a videofelvétel állóképeinek felhasználásával (VATEM) kezdtük meg.

A fajtafenntartás környezetét illetően fel kell hívni a figyelmet az abban bekövetkező változásokra. Háziállatainkat érinti a globális klímaváltozás; sok fajta, mint a székely ló is a természettel szoros kapcsolatban lévő állat. Az éghajlatváltozás Erdélyben az erdei növényzet csökkenésével és a hegyoldalak eróziójával, azaz a hagyományos használati környezet megváltozásával jár. Fontos kiemelni a székely lovak hagyományos módon való rendszeres és újabbakkal kiegészített használatát, lépést tartva a technikai fejlődéssel a felszerelésben és a mesterséges környezet

vonatkozásában. A fajta képességeinek összhangban kell lennie a megfelelő és változatos környezettel. A veszélyeztetett munkalófajta klasszikus alkalmazása mellett (erdészetben, mezőgazdaságban) a tenyésztők törekednek újak kialakítására is (lovas turizmus, gyermeklovaglás, lovas terápia, katonai hagyományőrzés, lovas íjászat) fontos szerepet betöltve a társadalom életében. Ezek által a ló hasznosítása még sokrétűbbé válik, ugyanakkor a szolgáltatások révén biztos jövedelemhez jutnak a ló tulajdonosai.

A székely ló D-hurok szekvenciáit a GenBank-ban (nyilvántartási azonosító: OL445148-OL445206) helyeztük letétbe dokumentálás céljával és hozzáférést biztosítva másoknak további kutatáshoz.

4. A KÖRNYEZET ELLENŐRZÉSÉVEL MEGVALÓSÍTOTT KUTATÁSOK

4.1. A környezet ellenőrzésével megvalósított kutatásaink irodalmi áttekintése

A vérplazma melatonin koncentrációja lovakban

A melatonin 232 dalton (D) molekulatömegű fehérjehormon. Ennek a hormonnak az emlős szervezetre gyakorolt hatása összetett, ide tartozik a cirkadián ritmus és a pigmentsejtek működésének szabályozása. A melatonin a cirkadián és éves ciklikus események egyik szabályozója, így alapvető szerepet játszik a szaporodási folyamatokban is. A cirkadián periodicitás felfogható más biológiai ritmusok endogén koordináló jeleként (Carcangiu és mtsai, 2018; Giannetto és mtsai, 2020). A melatonin a tobozmirigy (epifízis) választja ki a nap sötét óráiban, és az egyik fő hormonális hírvivőnek tekinthető, amelyen keresztül a külső fényinformáció eljut az egész testbe. A legújabb tanulmányok szerint a melatonin több különböző élettani folyamat időzítésében is szerepet játszik, beleértve a sejt anyagforgalmát is.

A lovak szaporodási ciklusát a nappali fény, a környezeti hőmérséklet és a táplálóanyag beviteli szintje befolyásolja. Az ivari aktivitás megindulásának fő kiváltó tényezője a tavasszal növekvő nappali fény, amely csökkent melatonin termelődést eredményez, és áthangolja a hipotalamusz-hipofízis-petefészek tengely (HPOA) működését (Nolan és mtsai, 2017). A hormon hatásának idegi útja a következő: melanopszinképződés a retinában – látóideg – retino-hipotalamikus rostok – nyaki koponyaganglion. A hosszú nappalos emlősökben, mint például a lovakban, a fényhiányra kialakuló melatonintermelés gátolja a hipotalamusz GnRH és a hipofízis FSH és LH termelését (Talpur és mtsai, 2018). A kancákba az átlagos melatonin koncentráció nem változik szignifikánsan a tüsző- ($24,66 \text{ pg mL}^{-1}$) és a sárgatest ($23,28 \text{ pg mL}^{-1}$) fázisában (Altinsaat és mtsai, 2009). Ősszel, a növekvő melatonin koncentráció segíti az anösztuszos időszak kialakulását és a majdani ciklikus petefészek-aktivitásra történő felkészülést (Sharp és mtsai, 1979; Grubaugh és mtsai, 1982; Kilmer és mtsai, 1982). A hosszan tartó sötétség gátolja a HPOA-t; az anösztuszos időszakban a hipotalamusz GnRH és a hipofízis LH termelése kicsi (Hart és mtsai, 1984; Sharp és mtsai, 1987). Az északi féltekén a melatonin koncentrációja júniusban (15 óra világos: 9 óra sötét) a legalacsonyabb, $23,52 \text{ pg mL}^{-1}$ és a legmagasabb decemberben (9 óra világos: 15 óra sötét), $42,41 \text{ pg mL}^{-1}$ (Altinsaat és mtsai, 2009). Tapasztalatok azt mutatják, hogy a legmagasabb természetes termékenység a nyár közepére, a legtöbb világos órák idejére esik. A nyáron elvégzett melatonin kezelés önmagában, további exogén szteroidok nélkül is anösztuszt válthat ki lovakban (Ovid és mtsai, 2018). Ez a fajta beavatkozás megakadályozza, hogy az ivarzás zavarja a ló használhatóságát bemutatókon, versenyeken és a munkában. A melatonin intravénás beadása a proösztusz során csökkentette az ösztadiol (E2) és a progeszteron (P4) koncentrációját a következő luteális fázisban (Cleaver és mtsai, 1993). Négy hétig tartó, lassan felszívódó melatonin implantátum (20 mg) jelentősen megemelte a nappali melatonin koncentrációt a szaporodási időszakban: $76,51 \text{ pg mL}^{-1}$ (kezelt) szemben a $9,97 \text{ pg mL}^{-1}$ -rel (placebo) (Peltier és mtsai, 1998). Természetes fényviszonyok között a lovak vérének melatonin koncentrációja jellegzetes cirkadián ritmust mutat (Guerin és mtsai, 1995). A lovak 24 órás sötétben tartása esetén a melatonin hormon koncentrációja nem mutat szignifikáns változást, így a cirkadián ritmust nem kizárólag a melatonin tartja fenn (*period* és *timeless* gének szerepe). Következésképpen a melatonin önmagában, ellentétben a kortizol koncentrációjával, nem elegendő a cirkadián események jellemzésére (Murphy és mtsai, 2011). Természetes körülmények között a ló melatonintermelését és -gátlását túlnyomórészt a fény szabályozza, nem

pedig az endogén mechanizmus (Piccione és mtsai, 2013). A 3 luxnál erősebb mesterséges fény megzavarhatja a normál éjszakai melatonin hormonszintézist. A kancák szaporodási időszakának korai kiváltását a napi természetes napfényt megelőző, vagy követő, azt mesterségesen meghosszabbító fénykiegészítés segítheti elő (Burkhardt, 1947; Kooistra és Ginther, 1975; Murphy, 2019). Nincs különbség a melatonintermelés gátlásában, ha mindkét szemet, vagy csak az egyiket éri kék színű kiegészítő megvilágítás (Walsh és mtsai, 2013). A tél során alkalmazott megfelelő hullámhosszúságú kiegészítő mesterséges fény a petefészek korai aktiválódását és ovulációt idézhet elő, meddő kancákban is, lehetővé téve a lótenyésztők számára, hogy megfeleljenek a galoppversenyek által támasztott időkorlátoknak (Nagy és mtsai, 2000).

Emberben a melatonin és metabolitjai védik az anya-placenta-magzat kapcsolatot az antioxidáns enzimaktivitás serkentésével (Reiter és mtsai, 2009). Az anyai melatoninnak kulcsszerepe van a magzat központi idegrendszerének fejlődésében. A NOS (nitrogén-monoxid-szintáz) és a ciklooxygenáz gátlása révén a melatonin gyulladásgátló hatású. Döntő szerepet játszik a placenta egészséges fejlődésében. Ez utóbbi nemcsak melatoninreceptorokkal rendelkezik, hanem ezt a vegyületet termeli is, biztosítva a placenta homeosztázisát (Reiter és mtsai, 2013). A melatonin génexpressziója a méhsejtekben cirkadián ritmust mutat (Olcese és mtsai, 2013). A várandósság alatt a melatonin koncentrációja emelkedik, különösen a 24. hetet követően, és a szülés késő esti vagy kora reggeli idejére éri el csúcspontját (Cagnacci és mtsai, 1998). A melatonin a szülés endogén kiváltója. Szoros kapcsolat van a melatonin és az oxitocin vérkoncentrációja között a terhesség és a szülés során (Kivelä és mtsai, 1991). A protein-kináz C-n keresztül fokozza az oxitocin által kiváltott méhösszehúzódásokat (Mårtensson és mtsai, 1996), és érzékenyvé teszi a miometriumot az oxitocinra (Karpovitch és mtsai, 2018). Ugyanakkor a γ -hidroxi-butirát, melatonin1, melatonin2 és μ -opioid receptorokon keresztül szorongásoldó és fájdalomcsillapító hatású (Wilhelmsen és mtsai, 2011).

A felszőr fejlődése és tulajdonságai lovakban

A lófélék szezonálisan szaporodnak, tenyészidőszakukat március és május között kezdik. A galopp versenyzésben általánosan törekednek az év eleji születésre (január-február), hiszen az ebből származó csikók lesznek a korosztályukban a legidősebbek, egyúttal a legfejlettebbek és a legnagyobb eséllyel nyerik a 2 és 3 éves korosztályi versenyeket. Ez az igény mesterségesen előrehozott szaporodási időszakot tesz kívánatossá (Chemineau és mtsai, 2008). Ahhoz, hogy a tenyésztők a fiatal lovaikkal megfeleljenek az elvárásoknak, szükséges, hogy a tenyészidőszak kezdési dátuma február 15-e legyen. Így ennek a kezdő dátumnak a betartása érdekében a kancákat már a megelőző év végétől mesterséges megvilágítással kezelik. Ezek a mesterséges megvilágítási programok utánozzák a nagy nappali óraszámú természetes körülményeket, amelyek a ciklikus nemi működés korai beindulásához, ovulációhoz és ezáltal az aktív reprodukzív időszak kezdetéhez vezetnek (Murphy és mtsai, 2014; Kim és mtsai, 2022). Gooley és mtsai (2003) leírták, hogy a melatonin gátlásához szükséges fényszint nem a látással függ össze, hanem a szuprachiasmatikus magvak (SCN) ingerléséhez szükséges fény mértékével. Fölismerve a fény, a melatonin és a szőrfejlődés közötti összefüggést, vizsgálatok irányultak arra, hogy milyen hatással lehet a vemhesség utolsó hónapjaiban adott mesterséges fénykiegészítés a magzati fejlődésre és az újszülött csikó szőrzetére, valamint a kancák időelőtti vedlésére (Nolan és mtsai, 2017).

A szőrnövekedés ciklikus, a szőrtüszők működésében az aktív (anagén) és a nyugalmi (telogén) fázisok váltakoznak. Az emlős fajok szőrtüsző-ciklusának fő szabályozói ugyanazok. A prolaktin az egyik alapvető szabályozó (Craven és mtsai, 2006). A szőrzet növekedésének ciklusát és váltódását az évszakok befolyásolják. Collery és mtsai (2023) igazolták a központi cirkadián óra

gének kifejeződésének ritmikusságát a szőrtüszőkben, amit erősen befolyásol a lovak istállóiban megvilágítása. A ló téli szőrszála vastagabbak, mint a nyáriak (Osthaus és mtsai, 2018). A lovak hosszú szőroket (pl. sörény) termelő tüszői sajátos ciklussal rendelkeznek, ezeket nem befolyásolja a fény vagy a hőmérséklet (Stenn és Paus, 2001).

A magzati szőr a vemhesség 270. napján kezd el növekedni. A megszületés utáni szőrnövekedés mértéke körülbelül havi 1 cm a csikókban (Montillo, 2014), és hasonló intenzitású hajsza növekedés figyelhető meg az emberekben is (Russel és mtsai, 2012). A születéskor gyűjtött szőrminták kortizol- és androszteron származékainak mérésével lehetővé válik a prenatális mellékvese aktivitásának és a stresszes eseményeknek az újszülött kori szőrfejlődésre gyakorolt hatásának vizsgálata. A csikó szőrzete nem csak az anya endokrin eseményeit tükrözi, hanem talán annak glükokortikoid-koncentrációját is, amely a prenatális betegségek lehetséges biomarkereként szolgál (Lanci és mtsai, 2022). Így, a közvetlenül a születés után vett szőrminták visszatükrözik a vemhesség utolsó harmadának hormonális hatásait. Nolan és mtsai (2017) által végzett vizsgálat szerint a fénykezelt kancacsoport csikói szőrének hossza és súlya szignifikánsan kisebb volt, mint a kontroll csikóké. O'Brian és mtsai (2020) értékelték a kiegészítő világítás hatásait a felnőtt lovak és pónik szőrére a nyári napéjegyenlőség és a téli napforduló között. Az előbbiekhöz hasonlóan azt találták, hogy az istállózott lovak a fénykiegészítés és a melegebb környezet eredményeként rövidebb és könnyebb szőrzetet növesztenek, valamint magasabb vedlési pontszámot kaptak. Lutzer és mtsai (2022a) azt vizsgálták, hogy az ellés előtti, a ló egyik szemére helyezett kék LED-es fénymaszkkal meghosszabbított nappali megvilágítás milyen hatással van a kancák vemhességére és újszülött csikóik tulajdonságaira. Megállapították, hogy a december közepétől alkalmazott kiegészítő megvilágításban részesített kancák korábban csikóztak, mint a kontrollkancák. A kezelt kancáktól született csikók kisebb méretűek voltak, és születéskor szőrzetük szignifikánsan rövidebb volt, de súlyukban nem különböztek a kontroll csikóktól. A magzat ki van téve a kancák belső környezete ritmusainak, például a hőmérsékletnek és az endokrin profiloknak, beleértve a melatonin koncentrációt is.

Kunii és mtsai (2015) és Harada és mtsai (2015) választott telivér csikókat osztottak kísérleteikben két csoportra. Míg az egyik csoportot (kezelt) meghosszabbított fotoperiódusnak vetették alá december végétől április elejéig, illetve május elejéig, addig a kontrollcsoportot kizárólag természetes fényviszonyok között nevelték. A fénykiegészítés folyamatos fenntartott napi 14,5 világos órát és 9,5 sötét órát jelentett. Nem találtak szignifikáns különbséget a két csoport szőrzetének állapotában, januárban. Áprilisban, azonban a kezelt csoport csikói már vedleni kezdtek. Kunii és mtsai (2015) azt is kimutatták, hogy a meghosszabbított fotoperiódus a csikókban a keringő prolaktin szint korai emelkedését segíti elő. Ennek alapján föltételezhető, hogy a prolaktin játszhatott szerepet a téli szőrzet időelőtti levedlésében.

4.2. Anyag és módszer

4.2.1. A vérplazma melatonin koncentrációjának meghatározása a vemhesség végén mesterséges fénykiegészítésben részesített angol telivér kancákban és csikóikban

Ötvenhárom kancát és 53 csikójukat használtuk fel ebben a vizsgálatban, amelyet 2018. január 9. és 2018. április 30. között végeztünk egy angol telivér tenyészménésben az északi szélesség 53°-án. A természetes nappalok hossza a vizsgálat megkezdésekor 7 óra és 50 perc, a vizsgálat végén 14 óra és 53 perc volt. Minden vemhes kancát nappal a legelőn tartottak, ahol ad libitum

lelhetettek 16:00 óráig, majd éjszakára egyéni boksokba vezettek. Itt a kancák ad libitum férhettek hozzá a réti szénához. Ezenkívül a kereskedelembe kapható Red Mills Stud Cubes koncentrátumot (14% nyersfehérje, 4,5% nyerszsír, 10% nyersrost) biztosítottak: 1 kg reggel és 2-3 kg este. Az ivóvíz szabadon elérhető volt.

A kancák és csikók jugularis vénájából 10 ml vérmintát vettünk ellés után heparinizált vakutainerekbe. A kancák éjszaka, 19:00 és 05:00 között hozták világra a csikókat. Ezzel párhuzamosan, 19:30-tól 09:30-ig került sor folyamatosan a vérvételre is. Csaknem valamennyi ellés természetes sötétségben történt, mivel a hajnalodás 7:20 és 5:20 között, a napkelte pedig 8:00 és 6:00 között volt a vizsgált időszakban. A ló melatonintermelése igen érzékeny a környezeti fényre. Ezért, a minta, ha felkapcsolt fehér istállóvilágítás mellett került levételre téves koncentrációt mutat (Fitzgerald és Schmidt, 1995). Ennek elkerülése érdekében a mintákat következetesen az Equilume Stable Light System (Luminaire) által biztosított halvány vörös fény, vagy piros lámpa használatával gyűjtöttük a természetes sötétben (< 1 lux) vagy fél sötétben, a külső természetes megvilágítás körülményeinek megfelelően (néhány állat korlátozott természetes fényhatásnak volt kitéve a mintavételi időszak utolsó 3 órájában). Az ellett kancákat a mintavétel idejére kötőfékkel, a csikókat kézzel fogva rögzítettük. A vérminta gyűjtése megelőzte a fényben végzett rendszeres állatorvosi vizsgálatokat. A kutatáshoz kiválasztott egyedek vérmintái a lovak fertőző kevésvérűsége (Equine infectious anaemia) kimutatására és a csikók egészségi állapotának felmérésére szolgáló rutin állatorvosi eljárások során évente veendő mintákból származtak (Austin, 2013; Pirrone és mtsai, 2014) az előzetes egyeztetés alapján, amely magában foglalta az éjszakai csikózás időpontjához közeli mintavételt is. A klinikai állategészségügyi eljárások során nyert minták további kutatási célú felhasználása az EU irányelv (Directive 2010/63/EU) értelmében nem minősül állatkísérletnek, így etikai engedély nem szükséges.

A mintákat 5 °C-on tároltuk a 2000 g-vel 10 percig végzett centrifugálásig. A plazmát Eppendorf-csövekbe gyűjtöttük, és azonnal betettük a -20 °C-os tárolóba. A melatonin koncentráció meghatározásához univerzális Melatonin ELISA Kit-et (ab285251, Abcam plc, Cambridge, UK; analitikai érzékenység 4,7 pg mL⁻¹; tartomány 7,8-500 pg mL⁻¹; intra-assay pontosság <5%; inter-assay CV < 13%) használtunk a gyártó utasításai szerint. Minden mintát két sorozatban mértünk, és ezek átlagértékét tekintettük egyedi eredménynek. A kancák és a csikók melatonin eredményeit összevontuk a normalitásvizsgálathoz. Ez megerősítette a melatonin adatok normál eloszlását (Shapiro-Wilk W = 0,98369, p = 0,12785, Kolmogorov-Smirnov d = 0,06587, p > 0,20; Lilliefors p < 0,20).

A szoptatás előtti kolosztrum minőségét is meghatároztuk Brix refraktométerrel (20 °C-on) a helyszínen, hogy megbecsüljük a kolosztrum IgG sűrűségét (Brix %). Ez is normális eloszlást követett (Shapiro-Wilk W=0,96890, p = 0,16418; Kolmogorov-Smirnov d = 0,10321, p > 0,20; Lilliefors p < 0,20).

Az adatfeldolgozáshoz a következő változókat rögzítettük és számítottuk ki: a vemhesség hossza (az utolsó hágatástól az ellésig eltelt napok száma), a csikó születési súlya (a születés utáni 12 órán belül elektronikus mérleggel mérve, kg-ban), a csikó neme (az újszülött állat nemi szerve szerint: kanca csikó vagy méncsikó), a kanca súlya (csikózást megelőző egy hónapon belül becsült súly, kg-ban), kanca életkora (csikózáskor, években), a téli napfordulótól a csikózásig eltelt napok (az előző év december 21-e és az aktuális csikózás napja közötti napok száma), a csikózás órája (a csikózás pillanatának pontos ismerete alapján a születési órák adatait egymást követő kétórás időkeretekbe rendezve a statisztikai feldolgozáshoz, például 19:00-21:00, 21:00-23:00 stb.), a csikózástól a vérvételig eltelt percek (a csikózás és a vérmintavétel közötti időszak, amely 10 perctől 720 percig tartott), a nemzedék (a kanca-csikó kapcsolatban lévő állatok kategóriái:

kancák vagy csikók), a kezelés (fénykezelt csoport, $n = 28$ kanca-csikó pár; kontrollcsoport, $n = 25$ kanca-csikó pár).

A fénykezelt állatok számára minden egyedi állást Luminaire Equilume Stable Light System-tel szereltek fel. Ez a lámpatest az adott természetes nappali fényt nagy intenzitású kék komponenssel (468 nm, 80 lux) napi 15 órás megvilágításra (ami megfelel a kísérlet végére jellemző természetes nap hosszának) egészítette ki. A kezelt kancák kiegészítő megvilágítása 41 nappal a csikózás számított időpontja előtt kezdődött, azzal a céllal, hogy a kancákat mielőbb újra lehessen vemhesíteni. A csikókat az anyjuk világítási csoportja szerint kódoltuk.

A melatonin koncentráció tendenciáinak kiszámításához általános hierarchikus lineáris modellt (GLM) alkalmaztunk (Statistica 14. verzió, TIBCO Software Inc., 2020) a következő fix hatásokkal: csikó neme, csikózás órája (kezelésbe ágyazva), nemzedék és kezelés. A vemhesség hosszát, a csikó születési súlyát, a kanca súlyát és a kanca életkorát, valamint a téli napfordulótól a csikózásig eltelt időt (kezelésbe ágyazva), valamint a csikózástól a vérvételig eltelt időt (kezelésbe és nemzedékbe ágyazva) mint kovariánst vettük be a modellbe. Lineáris modellünket *backward* eliminációval változtattuk, a kevésbé releváns hatások kijelölését megszüntetve. Az egyes vizsgált hatásokhoz tartozó p -értéket, a legkisebb négyzetek módszerével számított átlagot (LSM) és szórását (SD) adjuk meg az elemzés szerint. A plazma melatonin koncentrációját az ellés pillanatára és az ellés utáni 6. órára kovariáns korrekcióval becsültük. Közleményünkben (Gáspárdy és mtsai, 2023a) grafikusán ábrázoljuk a melatonin koncentrációkat a csikózási órák (95%-os konfidencia intervallumokkal) függvényében. A kolosztrum fajsúlyát ugyanazzal a GLM-mel értékeltük (kivéve a generációt, ami nem volt beépítve).

4.2.2. A felszőr mechanikai tulajdonságainak vizsgálata a vemhesség végén kiegészítő megvilágítást kapott kancákban és csikóikban

A vizsgálat január elejétől április végéig ugyanabban a telivér tenyészménésben, ugyanazon egyedeken zajlott mint amit a 4.2.1. fejezetben bemutatunk. A kísérlet megkezdése és a vizsgálati csoportok kialakítása előtt a vemhes kancákat azonos a helyen tartottuk együtt, azonos körülmények között. Mindegyik kancát egyaránt érintették az évszakos hőmérsékletváltozások is. A kísérletben a kezelt csoport kancáinak kiegészítő megvilágítása 41 nappal a várható csikózásuk időpontja előtt kezdődött meg. Számukra az Equilume Stable Light System (Luminaire) világítótestét szerelték fel minden állásba, amik a természetes nappali fényt napi 15 órára egészítették ki. A kontroll kancákat a természetes fényperiódusnak megfelelő fényviszonyok mellett tartottuk, nappal a fénykezelt kancákkal együtt a legelőn, éjszaka pedig sötét istállóban.

Összesen 120 egyed (60 kanca és 60 újszülött csikója) jelöltünk ki. A felszőr mintákat (beleértve a szőrhagymát is) a lapocka tájékról gyűjtöttük az ellés után 12 órán belül, és felcímkézett zacskókban tároltuk a feldolgozásig. A csikókat ebben a kísérletben is az anyjuk világítási csoportja szerint kódoltuk a feldolgozás számára. Az egyes egyedek mintáiból 6 reprezentatív szőrszálát véletlenszerűen választottunk ki feldolgozásra, így minden mechanikai tulajdonság jellemzése közel 720 megfigyelésen alapul (ez a szám kisebb a mérési hibák és egyes minták kiugró értékeinek kizárása miatt).

Először a szőr hosszát mértük meg, majd némi előkészítés után a többi tulajdonságot is megmértük, illetőleg kiszámoltunk. A lemért szőrmintákat két ragasztócsík segítségével papírkeretre rögzítettük. Miután a szőrhossz 15 és 20 mm között alakult, és a papírkeret

szabványos belső mérete 10 mm volt, a szőrszál alapi részét az alsó keret szélére mint alappontra illesztettük. Ez a körülmény lehetővé tette a szőrnövekedés végső periódusának utólagos megfigyelését a bőrhöz legközelebb eső 10 mm-es szakaszon. A mikroszkópos elemzéshez a papírkeretet egy speciális kiképzésű tárgylemezre rögzítettük.

Az OLYMPUS BX 51M mikroszkóp (Olympus, Austin, TX, Egyesült Államok) és az OLYMPUS Stream Motion Imaging Software (1.9.4-es verzió) segítségével az egyes szőrszálak átmérőjét három ponton vettük fel: a „bazális ponton” (az alapponton a keret alsó szélén), a „mediális ponton” (a keret közepén, 5 mm-re az alapponttól) és a szőrszál vége felé eső „apikális ponton” (a keret felső szélén, 10 mm-re az alapponttól) μm -ben. Az egyes szőrszálak megnyúlását (ΔL , μm), valamint a szakítóerőt (legnagyobb, vagy maximális terhelés, F_{max} , N) Zwick-Z005 szakítógéppel (Zwick, Ulm, Németország) és egy 20 N-os erőmérő cellával, a Zwick TestXpert 11.0 program alkalmazásával mértük. A szőrmintákat szobahőmérsékleten és 50%-os relatív páratartalom mellett vizsgáltuk.

A vizsgált mechanikai tulajdonságokat az alábbi sorrendben határoztuk meg: átlagos szőrhossz (a szőrszál átlagos hossza mm-ben); átlagos csúcsátmérő (μm -ben, a keret felső szélén mérve); átlagos középső átmérő (μm -ben, a keret közepén mérve); átlagos apikális–mediális változás (a csúcsi és mediális átmérők közötti átlagos %-os különbség); átlagos alapátmérő (μm -ben, a keret alsó szélén mérve); átlagos apikális–bazális változás (a csúcsi és bazális átmérők közötti átlagos %-os különbség); átlagos megnyúlás (ΔL , a feszültség-nyúlás görbe lineáris rugalmas tartományában mért nyúlás μm -ben); átlagos szakítóerő (F_{max} , az átlagos maximális terhelés Newtonban (N) 10 mm/perc szakadási sebesség mellett, amelyet egy adott szőrszál elszakadásakor mértünk); átlagos szakítószilárdság (legnagyobb feszültség, TS: a maximális terhelés (F_{max}) és a legszűkebb átmérőnél (d) mért keresztmetszeti felület (A) átlagos aránya ($F_{\text{max}}/A = F_{\text{max}}/\pi \cdot (0,5 \cdot d)^2$) N/mm²-ben (vagy MPa-ban).

A Dixon-tesztet használtuk az alapadatok kiugró értékeinek tesztelésére. Néhány megfigyelést kizártunk, ahol adataink köz/terjedelem aránya (Q) meghaladta a Dixon-táblázat kritikus értékét (Q_{crit}). Ezután a Shapiro–Wilk normalitástesztet végeztük el. Az átlagos megnyúlás esetében ez szignifikáns ($p < 0,001$) eredményt hozott, így a nyúlás nyers adatainak természetes (e alapú) logaritmus transzformációját ($\Delta L \rightarrow e\text{LOG } \Delta L$) elvégezve sikerült annak eloszlását normalizálni. Az alapstatisztika átlagértékei előzetesen azt mutatják, hogy a csikók felsőre hosszabb és durvább, mint anyjuké, így erősebb és ellenállóbb. A vizsgált tulajdonságok alapstatisztikáit és eredményeit közleményünk (Gáspárdy és mtsai, 2024) részletesen tartalmazza.

A szőrszál jellemzőit általános lineáris modell (GLM) segítségével értékeltük. Ezt a modellt kétszer alkalmazva először a kategória (négy osztályban: kontroll kancák, kontroll kancák csikói, fénykezelt kancák és fénykezelt kancák csikói), majd a kezelés (két osztállyal: kontroll és fénykezelt kancák), ill. a nemzedék (két osztállyal: kancák és csikók) szerepelt fix hatásként a csikó ivara mellett. Kovariánsnak tekintettük a kanca életkorát, a vemhesség hosszát, a téli napfordulótól a csikózásig eltelt napokat, a kanca és a csikó súlyát (a kovariánsok meghatározását a 4.2.1. fejezet ismerteti). A normális eloszlást követő mechanikai tulajdonságokban a kapott eredményeket a legkisebb négyzetes átlaggal (LSM), az átlag hibájával (SEM) adjuk meg. A normalizált átlagos megnyúlás esetében geometriai átlagot, valamint a felső és alsó 95%-os konfidencia határt visszatranszformálás ($e\text{LOG } \Delta L \rightarrow \text{BACK } \Delta L$) után adjuk meg. Tukey HSD post hoc tesztjét használtuk a kategória-, kezelés- és nemzedék osztályai közötti szignifikáns különbségek kimutatására. Az összes adatot a TIBCO Statistica ver. 13. (TIBCO Software Inc., 2017) programmal készítettük elő és dolgoztuk fel.

4.3. Eredmények

4.3.1. A mesterséges fénykiegészítés hatása a vérplazma melatonin koncentrációjára

A **3.1. táblázat** tartalmazza a regressziós modellben szereplő összes hatást, valamint azok számított mutatóit. A melatonin koncentrációt legkevésbé befolyásoló tényező a kanca életkora ($p = 0,862$). Így ez került elsőként elhagyásra, és a lineáris modellt újra futtattuk. Minden következő lépésben a modell legnagyobb p -értéket kapott hatását elimináltuk, mindaddig, amíg olyan hatás nem maradt, aminek p -értéke kisebb lett, mint $0,05$. A csikó születési súlyának és vemhesség hosszának hatása viszonylag magas p -értékkel bírt ($0,727$ és $0,643$), ami azt jelzi, hogy ezek és a melatonin koncentrációja egymástól teljesen független változók. A téli napfordulótól a csikózásig eltelt napoknak (kezelésbe ágyazva), a kanca súlyának és a csikó ivarának a melatonin koncentrációra gyakorolt hatása szintén elhanyagolható volt ($p = 0,350$, $0,295$ és $0,161$). A csikózás órájának (kezelésbe ágyazva) hatása a melatonin koncentrációra meglehetősen közel volt a statisztikai szignifikáns állapothoz ($p = 0,108$). A regressziós modellből ez a hatás került ki utolsóként.

A vérminták átlagosan $326,4$ perccel a csikózást követően kerültek levételre. A csikózástól a vérvételig eltelt percek szignifikánsan jelzik előre a melatonin koncentrációt a kezelés ($p = 0,038$) és a nemzedék ($p = 0,020$) hatásokban. A csikózástól a vérvételig eltelt percek függvényében a melatonin koncentráció eltérő kezdeti értékről indul, és eltérő intenzitással csökken a kezelés hatás osztályaiban. A kontrollcsoport kezdeti értékei magasabbak voltak ($y_{\text{kontroll}} = 36,34 - 0,0315 \cdot x$, $p < 0,001$), mint a fénykiegészítésben részesült csoport értékei ($y_{\text{fénykezelt}} = 25,86 - 0,0192 \cdot x$, $p < 0,023$). Idővel azonban mindkét csoportban csökkentek, és a $12.$ óra végére közel azonos szinteket értek el. A nemzedék hatás osztályaiban meg lehetett állapítani, hogy az anyák melatonin koncentrációja magasabb szintről indult és erőteljesebben csökkent ($y_{\text{kanca}} = 34,58 - 0,0358 \cdot x$, $p < 0,001$), mint a csikóké ($y_{\text{csikó}} = 27,63 - 0,0186 \cdot x$, $p < 0,001$).

Mind a nemzedék, mind a kezelés hatása statisztikailag szignifikánsnak bizonyult ($p = 0,009$, illetve $< 0,001$; **3.2. táblázat**) a vérplazma melatonin koncentrációjára. A csikózást követő $6.$ órára korrigált melatonin feltűnően alacsonyabb koncentrációt ért el a csikónemzedékben és a fénykiegészítésben részesített állatokban ($20,85$ és $18,96 \text{ pg mL}^{-1}$), mint az anyai generációban és a kontroll állatokban ($22,86$ és $24,75 \text{ pg mL}^{-1}$). A csikózást követő $6.$ órára ($360.$ percre) korrigált értékeket a kovariáns átlagához ($326,4$ perc) közel kapott értékeknek is tekinthetjük. A melatonin koncentráció és egyben a köztük lévő különbségek nagyobbak, ha az összehasonlítást az ellés pillanatára becsült értékeken végezzük ($27,63$ és $25,86 \text{ pg mL}^{-1}$, illetve $34,58$ és $36,35 \text{ pg mL}^{-1}$).

A vizsgált hatások egyike sem mutatott szignifikáns kapcsolatot, beleértve a kezelést ($p = 0,455$), a kolosztrum fajsúlyával. A teljes vizsgált kancapopuláció átlagos Brix %-a $23,45$ volt ($SD = 4,68$). Ez az érték a 20 - 30 tartományba esik, ami a kancatej "jó" immunglobulin G (IgG) ellátását tükrözi. Minden csikó klinikailag normálisan jött a világra, és a születést követő két órán belül külső segítség nélkül szopta a kolosztrumot.

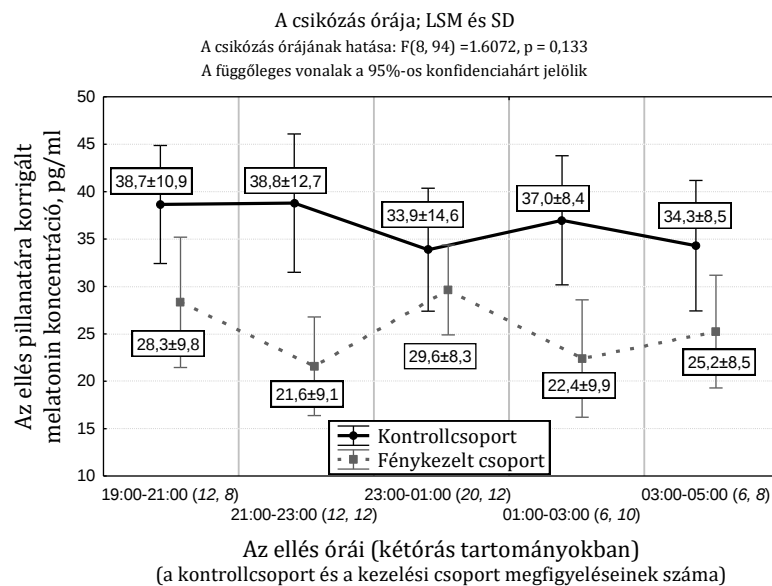
3.1. táblázat: A melatonin koncentrációval kapcsolatban figyelembe vett hatások p-értékei és LSM átlagai (a kezdeti modell p-értéke = 0,847; a végső modell p-értéke < 0,001)

Hatások	Eltávolítás sorrendje	P-érték	LSM
Kanca életkora	1.	0,862	8,3 év
Csikó születési súlya	2.	0,727	54,5 kg
Vemhesség hossza	3.	0,643	351,6 nap
Téli napfordulótól a csikózásig eltelt napok (kezelésbe ágyazva)	4.	0,350	85,6 nap
Fénykezelt		0,920	
Kontroll		0,179	
Kanca súlya	5.	0,295	590,5 kg
Csikó ivara	6.	0,161	ménccsikó: 20,5 pg mL ⁻¹ kanca csikó: 23,1 pg mL ⁻¹
Csikózás órái (kezelésbe ágyazva)	7.	0,108	23:50 óra
Fénykezelt 19:00-21:00		0,443	22,1 pg mL ⁻¹
Fénykezelt 21:00-23:00		0,305	15,4 pg mL ⁻¹
Fénykezelt 23:00-01:00		0,220	23,4 pg mL ⁻¹
Fénykezelt 01:00-03:00		0,453	16,2 pg mL ⁻¹
Fénykezelt 03:00-05:00		referencia	19,0 pg mL ⁻¹
Kontroll 19:00-21:00		0,278	27,0 pg mL ⁻¹
Kontroll 21:00-23:00		0,289	27,2 pg mL ⁻¹
Kontroll 23:00-01:00		0,915	22,3 pg mL ⁻¹
Kontroll 01:00-03:00		0,551	25,4 pg mL ⁻¹
Kontroll 03:00-05:00		referencia	22,7 pg mL ⁻¹
Csikózástól a vérvételig eltelt percek (kezelésbe ágyazva)	maradt	0,038	326,4 perc
Fénykezelt		0,023	
Kontroll		<0,001	
Csikózástól a vérvételig eltelt percek (nemzedékbe ágyazva)	maradt	0,020	326,4 perc
Kanca		<0,001	
Csikó		<0,001	
Nemzedék	maradt	0,009	lásd 3.2. táblázatot
Kezelés	maradt	<0,001	lásd 3.2. táblázatot

3.2. táblázat: A korrigált plazma melatonin koncentrációk alakulása a nemzedék és a kezelés fix hatásai szerint (ahol a csikózástól a vérvételig eltelt perc volt a regresszor)

Fix hatás	Megfigyelések száma	Az ellés pillanatára korrigált plazma melatonin koncentráció, pg mL ⁻¹		Az ellést követő 6. órára korrigált plazma melatonin koncentráció, pg mL ⁻¹	
		LSM	SD	LSM	SD
Nemzedék (p = 0,009):					
Kanca	53	34,58	13,77	22,86	8,25
Csikó	53	27,63	12,43	20,85	8,20
Kezelés (p < 0,001):					
Fénykezelt	56	25,86	11,79	18,96	8,76
Kontroll	50	36,35	16,93	24,75	8,68

A **3.1. ábrán** látható az ellés időpontjára korrigált vérplazma melatonin koncentráció megoszlása a csikózási órák szerint. Sem a kontroll, sem a fénykezelésben részesített csoport értékei nem mutatnak igazolt változást a vizsgált éjszakai időszakban.



3.1. ábra: Az ellés pillanatára korrigált melatonin koncentráció a csikózás órájának függvényében

4.3.2. A felszór mechanikai tulajdonságainak változása a vemhesség végén alkalmazott kiegészítő megvilágítás hatására

A **3.3. táblázatban** látható, hogy kategórián belül jelentős különbségek adódtak a szőr hosszában. A kancák rövidebb szőrűek voltak, mint a csikók ($p < 0,05$), a csikók közül pedig a

fénykezelt kancákból született csikók szőrzete kimutathatóan rövidebb volt, mint a kontrollcsikóké ($p < 0,05$).

3.3. táblázat: Az átlagos szőrhossz és a csúcsátmérőhöz képest az alapátmérőben történő átlagos változás eredményei

Hatás	n	Átlagos szőrhossz, mm		n	Apikális-bazális átmérő változás, %	
		LSM	SEM		LSM	SEM
Kategória:		$p < 0,001$			$p < 0,001$	
Kontroll kancák ⁺	28	17,0 ^a	0,51	28	-24,6 ^a	2,28
Kontroll kancák csikói ⁺⁺	31	21,8 ^c	0,50	30	28,6 ^b	2,28
Fénykezelt kancák ⁺	27	16,2 ^a	0,53	26	-31,1 ^a	2,39
Fénykezelt kancák csikói ⁺⁺	28	19,8 ^b	0,52	28	24,4 ^b	2,34
Kezelés:		$p = 0,011$			$p = 0,036$	
Kontroll állatok	59	19,4 ^b	0,37	58	2,0 ^b	1,67
Fénykezelt állatok	55	18,0 ^a	0,38	54	-3,5 ^a	1,74
Nemzedék:		$p < 0,001$			$p < 0,001$	
Kancák	55	16,6 ^a	0,36	54	-28,0 ^a	1,61
Csikók	59	20,8 ^b	0,34	58	26,5 ^b	1,56

^{a-c} eltérő betűk szignifikáns különbségeket mutatnak (Tukey-féle $p < 0,05$),

⁺ - az apikális-bazális átmérő változásban további GLM kancákra korlátozva (kontroll és kezel): $p = 0,024$,

⁺⁺ - az apikális-bazális átmérő változásban további GLM a csikókra korlátozva (kontroll és kezel): $p = 0,330$.

Csak a nemzedék volt szignifikáns hatással a szőr átlagos csúcsi átmérőjére ($p < 0,001$). Vagyis az anyák szőre nem csak rövidebb, de az apikális részen vékonyabb ($57,7 \mu\text{m}$) is, mint utódaiké ($70,9 \mu\text{m}$) a születéskor. A kezelésben ez nem igazolódott be. Ez a helyzet kedvező a kutatás számára, mert megerősíti a vizsgálatba vont kancák azonos kezdeti állapotát.

Az átlagos középső átmérővel kapcsolatban is megállapítható, hogy a nemzedék és a kategória bizonyítottan befolyásolja ezt a szőrtulajdonságot. A kancák szőrzete vékonyabb ($50,0 \mu\text{m}$), mint a csikóké ($85,6 \mu\text{m}$). A középső átmérőben (ami a csikózás előtti 20. napot, 5 mm-es szőrnövekedéssel és a fénykezelés 20. napját jellemzi) sem tapasztaltunk különbséget a kontroll és a fénykezelt állatok között.

Az átlagos apikális-mediális változás megerősíti a generációk és kategóriák közötti különbségeket. Megerősíti a korábbi megállapításokat, miszerint a kancák szőre vékonyodik ($-13,4\%$), a csikóké pedig megvastagodik ($21,2\%$) a vemhesség vége felé (körülbelül 40-től 20 nappal a csikózás előtt). A vékonyodás intenzívebb volt a fénykezelt kancákban ($-15,4$ vs. $-11,4\%$), de ezt a statisztikai teszt nem erősítette meg.

Az átmérők korábban megfigyelt tendenciája az átlagos alapátmérőben is folytatódott. Ez jelentős különbségben nyilvánult meg az anyák és az utódaik átmérője között ($41,6$ vs. $88,9 \mu\text{m}$, $p < 0,001$). Mindazonáltal, ami még fontosabb, a kezelésen belül is jelentkezett szignifikáns ($p = 0,006$) különbség: a bazális szálmérő a kontroll állatokban $68,0$, a fénykezelt állatokban $62,5 \mu\text{m}$. A kategórián belül sem a kezelt és kontroll kancák átlagértékei, sem a kezelt és kontrollcsikók átlagértékei között nem volt kimutatható igazolt különbség, annak ellenére, hogy ezek egyre nagyobb eltérést mutatnak.

Az apikális és a bazális átmérők közötti különbség a nemzedékek szerint beigazolódott (**3.3. táblázat**). A változás mértéke kancákban $-28,0\%$, csikókban $26,5\%$ volt. Lényegesek a kategóriaosztályok értékei, annak ismeretében, hogy a kezelés:nemzedék kölcsönhatás nem volt

szignifikáns ($p = 0,563$). A kancaszőr vékonyodása intenzívebb volt a kezelt csoportban, mint a kontrollban (-31,1 vs. -24,6%), és a csikószőr megvastagodása kevésbé volt kifejezett a fénykezelt, mint a fénytel nem kezelt kancákból születettek csoportjában (24,4 vs. 28,6%). Ez a különbség szignifikánssá válik, amennyiben kategórián belül csak a kancákat vetjük egymással össze ($p = 0,024$). A kancák szőrének csikózás kori alapátmérőjét negatívan és szignifikánsan befolyásolja a téli napforduló óta eltelt idő (béta = -0.4807, $p = 0,002$). Ez a körülmény összefüggésbe hozható a vedléssel.

Sem a kategóriának, sem a kezelésnek, sem a generációnak nincs igazolt hatása az átlagos nyúlásra, annak ellenére, hogy a kontroll- és a kezelt állatok között többnyire látszólag nagy különbségeket találtunk (a visszatranszformált geometriai átlagok a kontrollban 335 és a fénykezeltben 262 μm). Ezt a mérési tartományok átfedésével magyarázhatjuk. Mindenesetre úgy tűnik, hogy a kezelt állatok szőrzete kevésbé rugalmas, mint a kontroll állatoké. Mivel a papírkeret standard belső mérete 10 mm (10 000 μm) volt, a kapott értékek a nyúlás százalékos értékeként is értelmezhetők. Tehát a százalékos megnyúlás (lineáris fajlagos nyúlás, ϵ) értéke 3% körül változott.

A 3.4. táblázat azt mutatja, hogy az átlagos szakítóerőt mindhárom hatás befolyásolja. Eszerint a kezelést és a generációt tekintve a kontroll állatok és a csikók szőrzete lényegesen ellenállóbb, mint a fénykezelt állatoké, illetve a kancáké. A kategóriát tekintve nincs különbség a kontroll- és a kezelt kancák között. Azonban jelentős különbség van ebben a mechanikai tulajdonságban a kontroll- és a kezelt kancák csikói között. Elgondolkodtató, hogy az anyák fénykezeltése valóban befolyásolja a csikó szőrének minőségét, gyengíti azt. Ezt a jelenséget igazolja a szignifikáns kezelés:nemzedék kölcsönhatás ($p = 0,002$). Továbbá, az átlagos szakítóerőt pozitívan és szignifikánsan befolyásolja a csikó születési súlya ($p = 0,002$, regressziós együttható (béta): 0,2135). Ez azt sugallja, hogy minél nehezebb az újszülött csikó, annál ellenállóbb a szőrzete.

3.4. táblázat: Az átlagos szakítóerő (F_{max}) és az átlagos szakítószilárdság (TS) eredményei

Hatás	n	Átlagos szakítóerő, N		n	Átlagos szakítószilárdság, MPa	
		LSM	SEM		LSM	SEM
Kategória:		$p < 0,001$			$p < 0,001$	
Kontroll kancák	29	0,098 ^a	0,0130	28	64,9 ^a	7,899
Kontroll kancák csikói	30	0,272 ^c	0,0130	30	121,6 ^b	7,911
Fénykezelt kancák	26	0,085 ^a	0,0138	26	70,8 ^a	8,289
Fénykezelt kancák csikói	28	0,178 ^b	0,0134	28	82,2 ^a	8,111
Kezelés:		$p < 0,001$			$p = 0,062$	
Kontroll állatok	59	0,185 ^b	0,0095	58	93,3	5,791
Fénykezelt állatok	54	0,131 ^a	0,0100	54	76,5	6,029
Nemzedék:		$p < 0,001$			$p < 0,001$	
Kancák	55	0,091 ^a	0,0092	54	67,9 ^a	5,578
Csikók	58	0,225 ^b	0,0090	58	101,9 ^b	5,406

^{a-c} - eltérő betűk szignifikáns különbségeket mutatnak (Tukey-féle $p < 0,05$)

Az átlagos szakítószilárdság összetett mutató, eredményei hasonló tendenciákat tükröznek, de kissé visszafogottabban. A kategória és a generáció hatása szignifikáns volt ebben a szőrtulajdonságban is. **A 3.4. táblázat** azt mutatja, hogy a csikók szőrzete erősebb, mint a kancáké. Különösen igaz ez a kontrollanyákból született csikókra, amit a szignifikáns kezelés:nemzedék kölcsönhatás is megerősít ($p = 0,004$). Ezek bizonyítékok arra, hogy a kiegészítő fénykezelés negatív hatással van a csikók szőrének erősségére. Itt is, mint korábban, a

csikó születési súlya pozitív és szignifikáns hatással van erre a szőrtulajdonságra ($p = 0,013$, regressziós együttható (béta): $0,2311$). Más szóval, minél nehezebb a csikó, annál erősebb a szőrzete.

4.4. Eredmények értékelése

4.4.1. A melatonin koncentráció értékelése

Sikerült a ló vérplazma melatonin koncentrációját az ellést követő 12 óra folyamán, nagy adatsoron először meghatározni. Az a hipotézis, hogy az anyaállatok és utódaik melatonin koncentrációja azonos, nem igazolódott be. Az ellés idejére korrigált melatonin koncentráció a kancákban $34,58 \text{ pg mL}^{-1}$ volt. Az újszülött csikók ezen értéke alacsonyabbnak bizonyult, mint az anyai koncentráció ($27,63 \text{ pg mL}^{-1}$). A 12 óra során a koncentráció általános csökkenését állapítottuk meg, azonban ezek lefutása eltérően alakult a vizsgálat csoportosítása szerint. Emberben a császármetszés után huszonnégy órával a plazma melatonin koncentrációja szignifikánsan a nem terhes kontroll páciensek koncentrációja alá csökkent (Ejaz és mtsai, 2021). Ezek az eredmények összhangban vannak azzal a ténnyel, hogy a szüléskor a placenta a megnövekedett plazma melatonin fő extrapineális forrása (Hardeland és mtsai, 2017). Bár a patkány méhlepényében nem termelődik melatonin (Tamura és mtsai, 2008), föltételezhető, hogy a kancában, hasonlóan az emberhez (Ejaz és mtsai, 2021), a méhlepény elvesztése magyarázhatja a kancák melatonin szintjének hirtelen leesését. Egy embereken végzett vizsgálat szerint (Ejaz és mtsai, 2021) az anyai plazma melatonin szintje a terhesség alatt nő, a koncentráció a harmadik trimeszterben és néhány nappal a szülés előtt (császármetszés) körülbelül 3-szor magasabb (500 pg mL^{-1}), mint az első trimeszterben, és szintén figyelemre méltóan magasabb, mint a nem terhes kontrollokban.

Az utódnemzedék értékei arra utalnak, hogy a plazma melatonin koncentrációja mérsékelten változik (bár alacsonyabb kezdeti szintről) a megszületést követő vizsgált időszak alatt. Mivel a kancák és a csikók első óráikat ugyanabban a környezetben töltötték, ez a megállapítás nem magyarázható azzal, hogy csak a kancákat érte volna több fényt a hajnalodás során. A lassú csökkenés magyarázható lehet a csikó saját független melatonin szekréciójával. Az is lehet azonban, hogy az idegpályák, amik fényingert adnak át a tobozmirigynek, érettsége még nem alakult ki az újszülöttekben. Ezért a külső fény kevésbé csökkenti a melatonin szekréciót és koncentrációt ebben a korcsoportban. Kilmer és mtsai. (1982) kutatásában, ahol a csikók 1 és 11 hetes életkorúak voltak, a megszületés után a csikók melatonin koncentrációja változatlan maradt, az anyák viszont a természetes körülmények között kialakuló cirkadián változásokat mutatták. Az újonnan vemhesült kancákban a tavaszi napfény hosszának növekedése a keringő melatonin koncentráció további csökkenését és a prolaktin koncentrációjának emelkedését okozta.

A melatonin koncentrációja nem változott a csikózás órájának függvényében. Ebből arra következtethetünk, hogy a melatonin koncentráció napi ciklusa elmarad az ellés éjszakai óráiban; A melatonin a csikózás pillanatában éri el legmagasabb koncentrációját, annak valós idejétől függetlenül. Ezt a megállapítást támasztja alá, hogy a csikózás és a mintavétel folyamatosan történt. Több kanca-csikó pár volt, amelyektől éjfél előtt vettünk mintát. Hasonlóan változatlan

éjszakai melatonin koncentrációt figyelték meg Rapacz és mtsai (2010) a márciusban mintázott kancákban, amely csak napkeltét követően kezdett csökkenni.

A kancákban az éjszakai melatonin csúcs júniusban általában eléri a 23,52 pg mL⁻¹-t, míg decemberben a 42,41 pg mL⁻¹-t (Altinsaat és mtsai, 2009). Vizsgálatunkban a csikózás átlagosan egy héttel a tavaszi napéjegyenlőség előtt következett be, így a várható éjszakai csúcs ennek a két értéknek az átlaga (kb. 33,0 pg mL⁻¹). A korrigált melatonin koncentráció az általunk értékelt összevont kanca állományban csikózaskor 34,58 pg mL⁻¹, ennél magasabb (különösen, ha csak a kontroll kancákat vesszük figyelembe) volt.

Második hipotézisünk beigazolódott. A vemhesség végén alkalmazott nappali fénykiegészítés csökkentette az elléskori éjszakai melatonin termelődését a kancában. Ezenkívül e kancák csikói lényegesen alacsonyabb melatonin-készlettel érkeztek a világra, mint a kontrollcsikók. Ennek ellenére a későbbiekben a kontroll anyák melatonin koncentrációja hasonlóan alacsonyabb szintet mutatott 12 órával a csikózás után, mint a kiegészítő megvilágítással kezelt kancák. Nem ismert tény, hogy a kiegészítő fény hatása károsnak tekinthető-e a csikó általános egészségi állapotára és fejlődésére nézve, ha a későbbi teljesítmény a születéskori melatonin koncentráció függvénye. Ez, azonban, annak ellenére feltételezhető, hogy a kiegészítő megvilágítás és a kolosztrum IgG-tartalma között nem találtunk szignifikáns összefüggést. Egy közelmúltbeli vizsgálatban a kékfény-kiegészítés csökkentette a csikók születési magasságát, de nem okozott különbséget a születési súlyukban (Lutzer és mtsai, 2022a). A kísérlet folytatása megerősítette, hogy a következő 12 hónapban nem volt megfigyelhető szignifikáns fejlődési különbség a kontrollcsikók és a fénykezelt kancákból született csikók között sem (Lutzer és mtsai, 2022b).

4.4.2. A felszőr mechanikai tulajdonságainak értékelése

A lóban elvégzett néhány korábbi szőrvizsgálathoz képest jelen vizsgálat során a szőr újabb jellemzőit vizsgáltuk részletesen. A kiegészítő megvilágítás hatására a korábbi megfigyelések a szőrhossz rövidülését tapasztalták. Kísérletünk eredményei megerősítik Nolan és mtsai (2017) korábbi munkájának eredményeit, ahol az alacsony intenzitású, rövid hullámhosszú kék fénnel kezelt kancák csikóinak szőrzete rövidebbnek és könnyebbnek bizonyult, mint a kontrollcsikóké. A meghosszabbított fotoperiódus felelős a cirkadián jel fejlődő magzathoz történő továbbításáért, akár úgy, hogy az anyai melatonin átjut a placentán, hogy aztán a magzati melatoninreceptorokhoz kötődjön, akár közvetve a kanca változó endokrin értékeire adott válaszként. Vizsgálatunkban 10%-os különbség volt a szőr rövidülésében a kiegészítő fénnel kezelt kancák csikóinak javára, ez Nolan és mtsai (2017) tanulmányában körülbelül 25% volt. O'Brian és mtsai (2020) figyelemmel voltak a hőmérsékletre is. Tapasztalataik szerint azonban a fény- és hő kiegészítés nem csökkentette szignifikánsan sem az istállózott, sem a szabadon tartott connemara pónik szőrének hosszát vagy súlyát, amikor a fénykezelés a téli napforduló után 1 hónappal kezdődött. A mi vizsgálatunkban sem befolyásolta a felnőtt állatok szőrhosszát a téli napforduló utáni meghosszabbított fotoperiódus; de a csikókét igen.

A szőr különböző pontjain mért átmérők abszolút értékeinél az átmérők időbeli változása még árulkodóbb. Az apikális és a bazális átmérő változásának iránya és mértéke nemzedékenként szignifikánsan különbözött (kancákban -28,0% vs. csikókban 26,5%). A kezelés szerint a kancák szőrfinomodása intenzívebb volt a kezelt csoportban (-31,1 vs. -24,6%), a csikók szőrvastagodása pedig kevésbé volt kifejezett a kezelt csoportban (24,4 vs. 28,6%). A szőr átmérőjének több helyen való vizsgálata kiegészíti a korábbi ismereteket. Eszerint, a fénnel kezelt egyedek felszőre nem

csak azért könnyebb súlyú, mint a kontrolloké, mert rövidül, hanem azért is, mert vékonyodik (kancák), illetőleg csekélyebb mértékben vastagodik (csikók). Vizsgálatunkban a kancák szőrének csikózaskori alapátmérőjét negatívan és szignifikánsan befolyásolja a téli napforduló óta eltelt idő. Tehát a kanca szőrzete egyenletesen vékonyodik a vedlés előtt, ami összhangban van DeBoer és mtsai (2023) megállapításával. Intenzívebb csökkenés figyelhető meg azonban a kiegészítő kék fénnel kezelt kancák esetében.

Vizsgálatunkban a kancákat az év elején 41 napon át tették ki fénykiegészítésnek. Ebben az időszakban gyorsabb a szőr növekedése (januárban és februárban csaknem 10 mm/hó), mint az év más időszakaiban (Gardela és mtsai, 2020). Az átmérő három helyen történő mérése lehetővé tette a fénykiegészítés csikózás előtti hatásának értékelését. Megállapíthatjuk, hogy legalább egy hónapos fénykezelés a szőrszál jelentős vékonyodásához vezet. Az átlagos szakítóerőben a csikók között jelentősebb különbséget igazoltunk, mint az anyák között. A kezelt csoportba tartozó csikók szőre 35%-kal igazoltan gyengébb, mint a kontroll kancák csikóié.

A kezelési csoportba tartozó csikók szőrének átlagos nyúlása is 22%-kal kisebb értéket vett fel, mint a kontrolloké. Az angol telivér lovak általunk mért százalékos szőrmegnyúlása (3%) elmarad a más fajtákban (konik és hucul) megállapított értékektől (52 és 46%; Roman és mtsai, 2016). Elképzelhető, hogy alacsonyabb értékünk részben az alapadatok normalizálásából, a fajtajellegből, vagy abból adódik, hogy esetünkbe a lineáris fajlagos nyúlást, nem a szakadási nyúlást adtuk meg.

A szakítószilárdság eredményei szerint a kontroll (kezeletlen) kancákból született csikók szőre erősebb, a fénykezelt kancák csikóinak a szőre gyengébb, csakúgy, mint a kancáké, kezeléstől függetlenül. Kísérletünkben a szakítószilárdság 100 N/mm² (KPa) körül volt. Más források hasonló vagy valamivel magasabb értékeket közölnek a durvább sörény (Roman és mtsai, 2016) és fark (Yang és mtsai, 2020; Elasticity in Biological Materials) szőrszálaikról.

A csikók születési súlya pozitívan és jelentős mértékben befolyásolta az átlagos maximális terhelést és az átlagos szakítószilárdságot, ami azt jelenti, hogy minél nehezebb, ezáltal bizonyosan fejlettebb a csikó, annál erősebb a szőrzete. Lutzer és mtsai (2022b) nyomán a csikók marmagassága, szőrének súlya és hosszúsága kisebb volt a fénykezelt kancákból született csikókban. Ugyanakkor, a kritikus vérparaméterek a megszületéskor nem tértek el a kontrollcsikókéktól. A kompenzáló növekedésnek köszönhetően egy éves korukban e csikók marmagassága is elérte a kontrollét.

4.5. A környezet ellenőrzésével megvalósított kutatások következtetései, javaslatok és eredményeinek hasznosíthatósága

4.5.1. A mesterséges fénykiegészítésnek a melatonin koncentrációra gyakorolt hatása tekintetében

A gondosan megválasztott mintavételnek és a melatonin kutatásban eddig publikáltaknál nagyobb mintaszámnak köszönhetően kutatási eredményeinket megbízhatónak találjuk. A vizsgálat eredményei azonban szilárdabb alapokon nyugodnának, ha a minták nemcsak az ellés utáni közvetlen időszakból, hanem a vemhesség – különösen az ellést megelőző - időszakából is rendelkezésre állnának. Ezen túlmenően, az utódok melatonin koncentrációjának monitorozása a további vizsgálatok elvégzését indokolja, hangsúlyosan a csikó általános egészségi állapotára.

Miután az anyai melatonin ellátásnak kulcsszerepe van a placenta egészséges fejlődésében és a magzat központi idegrendszerének kialakulásában felvetődik a vemhesség alatti melatonin termelés mértéke és az utód életképessége közötti kapcsolat. Továbbá, feltételezhető, hogy a vemhesség végi magasabb melatonin termelés összefüggésbe hozható a csikózásra való felkészüléssel és az utódok túlélési esélyeinek biztosításával. Hasznosnak tűnhet az immunglobulinok passzív átvitele mellett (LeBlanc és mtsai, 1992), a csikó vérének melatonin koncentrációját is bevonni a biokémiai panelbe (Austin, 2013; Pirrone és mtsai, 2014), az újszülöttek egészségi állapotának átfogóbb megállapítása érdekében.

A kísérlet alapot szolgáltat a melatonin további, eddig meg nem valósított vizsgálatára. Megemlítjük, hogy a melatonin koncentráció vemhesség alatti nyomon követését más fajokban (szamár és juh), elnyert újabb pályázat segítségével a graduális és a PhD-képzés keretében végzett kutatásainkba bevettük, elvégeztük és megkezdtük az eredményeink publikálását.

4.5.2. A mesterséges fénykiegészítésnek a felszőr mechanikai tulajdonságaira gyakorolt hatásának tekintetében

A tanulmányunk azt sugallja, hogy a kis intenzitású, rövid hullámhosszú kiegészítő fény kancákon a téli napfordulót követő, a vemhesség utolsó 41 napjában történő alkalmazása jelentősen befolyásolta a szőr mechanikai tulajdonságait, különösen a csikók esetében. Ez a csikókban a szőr hosszának és átmérőjének, valamint a maximális terhelésének és szakítószilárdságának csökkenéséhez vezetett.

A fénykezelt állatok szőrének rövidülése és elvékonyodása kétségtelenül befolyásolja a szőrzet sűrűségét és mélységét, valamint a szőrzet egyéb értékeit. Érdeemes lehet megvizsgálni a kezelt állatok szőrének hőszigetelő értékét és hőveszteségét különböző környezeti hőmérséklet és szélesebbesség mellett.

A kísérlet eredményei felhívják a figyelmet és segítik a szakembereket a mesterséges fénykiegészítést annak összetett rendszerében körültekintően felhasználni. Az eredményeinek jelentős része az oktatási tananyag részét képezi, valamint a lovak szőrköntösének újabb szempontokból is történő vizsgálata (pl. farok szőr, kémiai összetétel tömegspektrometriás vizsgálata) azóta több szakdolgozatos hallgató kutatási területét képezi.

5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

Az értekezésben a PhD-fokozat megszerzése (1997) után, a precíziós állattenyésztés adta új lehetőségek elemzését célul tűző, nemzetközi együttműködésben végzett kutatómunkám új tudományos eredményeit foglalom össze az értekezés témakörei szerint és számozással.

5.1. A fenotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásokban

1. Elsőként határoztam meg a fő tej alkotók napi viszonylagos energiamennyiségét, ennek alakulását és sorrendiségét a laktáció során *online* mért adatokból nagy tejtermelésű holstein-fríz állományban. Megállapítottam, hogy a főbb tejösszetevők szintézisének az intenzitása sajátos sorrendet követ: a laktáció legkorábbi szakaszában a legfontosabb vegyülettípus a zsír (44. tejelő nap, legmagasabb napi relatív energiamennyiség (HRDE) 6,8%J). Később, a tejelésben töltött második hónap után a laktóz (66. tejelő nap, HRDE 11,22%J), majd a laktáció harmadik hónapját követően a fehérje (104. tejelő nap, HRDE 10,45%) kap viszonylagos prioritást.

2. Elsőként állapítottam meg, hogy a laktáció alatt bármikor klinikai tőgygyulladással diagnosztizált nagy tejtermelésű tehenek tejének elektromos vezetőképessége a laktáció tizenharmadik hetétől szignifikánsan meghaladja az egészséges társaik értékeit. Továbbá, elsőként állapítottam meg a tej fejes alatt mért elektromos vezetőképességének öröklődhetőségét ($h^2 = 0,56$) és ismételhetőségét ($R = 0,59$) tejhasznú tehenállományban.

3. Elsőként mutattam ki a kérődzés *online* szerzett aktivitásának és a szubklinikai hiperketonaemia és méhmegbetegedés közötti kapcsolatot. A szubklinikai hiperketonaemia esetében az egészséges és beteg napok értékei közötti különbség a kérődzés aktivitásában szignifikáns volt (-64,3 perc, $p < 0,01$). A méhmegbetegedéssel diagnosztizált esetekben a többszörre ellett tehenek kérődzés aktivitása szignifikánsan csökkent (-43,7 perc, $p < 0,01$) az első laktációs szakasz beteg napjaiban.

5.2. A genotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásokban

4. Elsőként értékeltem a magyar őshonos juhajtákban a prion gén változatait a génikus változatosság - részben az általam bevezetett relatív Shannon indexre és a káros kodonok arányára alapozottan - kimutatásával. Az effektív haplotípus számot tekintve megállapítottam, hogy ennek a fehér rackában található a legnagyobb (3,96) és a ciktaban pedig a legkisebb (1,69) értéke. A relatív Shannon információs index (I_{rel} %) értékei nagy tartományban (cikta 46,3-tól fehér racka 90,3-ig) változtak, egymással összehasonlíthatóan, és pontosabban írták le a prion gén változatainak entrópiáját, mint az eredeti Shannon index. A Nei-féle haplotípus diverzitás értéke 0,1459 (cikta) és 0,3393 (fehér racka) között alakult, ezek követték az effektív haplotípus számban talált tendenciákat. A káros kodonok aránya alacsony ($< 30\%$) és idővel javulni látszó, kivéve a cikta fajtát. Ez önálló mutatónak tekinthető, mert a fehér racka káros kodonjainak aránya úgy vett fel magasabb értéket (30,4%) szemben a fehér rackával (26,8%), hogy egyúttal a kizárólag kedvező kodonokat hordozó ARR haplotípus aránya is magasabb (34,48%) volt, mint a fekete rackáé (30,87%).

5. A zaupel juh három utódfajtáját (waldschaf, bovec és cikta) a mtDNS kontroll régiója alapján elsőként összehasonlítva kimutattam, hogy a cikta jellemző a legnagyobb genetikai diverzitás (legtöbb átlagos nukleotid eltérés: 21,251 és legváltozatosabb nukleotid diverzitás: $18,02 \cdot 10^{-3}$). A teljes vizsgálati populációban elvégzett Tajima D-teszt ($-0,914$, $p > 0,10$), Fu és Li D^* és F^* tesztjei ($D^* = 1,217$, $p > 0,10$ és $F^* = 0,562$, $p > 0,10$) nem adtak szignifikáns értékeket, vagyis a három leszármazott fajta történeti elkülönülése nem okozott genetikai sodródást. Ugyanakkor, az érzékenyebb Fu-féle F_s statisztika szignifikáns enyhén negatív értéke ($F_s = -3,296$, $p = 0,013$) a haplotípusok gyakorisága alapján mérsékelt idegen génbeáramlást, az idő és a földrajzi távolódás függvényében megkezdődő genetikai szegregációt jelez. A fajták eltérő anyai összetételét a cikta és a bovec fajtákban elsőként azonosított C és D haplocsoportok megjelenése is okozza.

6. A székely ló fajtarekonstruált állományában elsőként végeztem molekuláris genetikai vizsgálatot. Meghatároztam a fajtának a hipervariábilis D-hurok szekvenciára alapozott diverzitását (a ló 18 haplocsoportjából 13-at (A, D, E, G, I, J, M, N, O'P, R, Q, L és B)) mutattam ki az új haplocsoport-nomenklátúra szerint. Megállapítottam az összetett anyai hátterét, miszerint a rekonstruált állomány jelentős mértékben ázsiai eredetű (45,8%), az európai és közel-keleti lovakra jellemző haplocsoportok kisebb arányban (28,8, illetve 25,4%) jelennek meg.

5.3. A környezet ellenőrzésével megvalósított kutatásokban

7. Elsőként vizsgáltam a postpartum vérplazma melatonin koncentrációt kancákban és csikóikban mesterséges fénykiegészítés alkalmával. Megállapítottam, hogy a csikók születéskori melatonin szintje alacsonyabb az anyjuk elléskori értékeinél (27,63 vs. 34,58 pg mL⁻¹, $p = 0,009$). Igazoltam, hogy a vemhesség végén alkalmazott kiegészítő megvilágítás a kancákban és utódaikban is a kontrollnál alacsonyabb elléskori melatonin koncentrációhoz vezet (25,86 vs. 36,35 pg mL⁻¹, $p < 0,001$). Továbbá, az elléskori vérplazma melatonin koncentráció értékei nem mutatnak igazolt változást a csikózás órája szerint vizsgált éjszakai időszakban.

8. Elsőként elemeztem a felszőr átmérőjének és mechanikai tulajdonságainak (fajlagos nyúlás, átlagos szakítóerő és átlagos szakítószilárdság) változását a vemhes kanca mesterséges fénykiegészítésének függvényében. Igazoltam az átlagos apikális-mediális szálátmérő változás alapján, hogy a vemhes kancák 41 napos kiegészítő megvilágítása a kancák szőrének intenzívebb vékonyodását ($-31,1\%$, $p = 0,024$) okozza a kontrollhoz ($-24,6\%$) képest. A fénykiegészítés következményeként csikók szőrének szakítóereje (0,178 vs. 0,272 N, $p < 0,001$) és szakítószilárdsága (82,2 vs. 121,6 N/mm², $p < 0,001$) igazoltan gyengül a kontrollhoz képest.

6. A DOLGOZAT ELKÉSZÍTÉSÉHEZ FÖLHASZNÁLT SAJÁT KÖZLEMÉNYEK JEGYZÉKE

Gáspárdy A, Schwartz Z, Zöldág L, Veresegyházy T, Fekete S (2004) Changes in daily energy amounts of main milk components (lactose, protein and fat) during the lactation of high yielding dairy cows. ACTA VETERINARIA HUNGARICA, 52(4):457–467.

Gáspárdy A, Ismach G, Bajcsy ÁCs, Veress Gy, Márkus Sz, Komlósi I (2012) Evaluation of the on-line electrical conductivity of milk in mastitic dairy cows. ACTA VETERINARIA HUNGARICA, 60(1):145–155.

Gáspárdy A, Efrat G, Bajcsy ÁCs, Fekete SGy (2014) Electronic monitoring of rumination activity as an indicator of health status and production traits in high-yielding dairy cows. ACTA VETERINARIA HUNGARICA, 62(4):452–462.

Gáspárdy A, Holly V, Zenke P, Maróti-Agóts Á, Sáfár L, Bali Papp Á, Kovács E (2018) The response of prion genic variation to selection for scrapie resistance in Hungarian indigenous sheep breeds. ACTA VETERINARIA HUNGARICA, 66(4):562–572.

Gáspárdy A, Berger B, Zabavnik-Piano J, Kovács E, Annus K, Zenke P, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2021) Comparison of mtDNA control region among descendant breeds of the extinct Zaupeel sheep revealed haplogroup C and D in Central Europe. VETERINARY MEDICINE AND SCIENCE, 7:2330–2338.

Gáspárdy A, Wagenhoffer Zs, Furlinger D, Halmágyi M, Bodó I, Maróti-Agóts Á (2023) Matrilineal Composition of the Reconstructed Stock of the Szekler Horse Breed. AGRICULTURE, 13(2):456.

Gáspárdy A, Gallagher G, Bartha B, Cseh S, Fekete SGy, Somoskői B (2023) Plasma melatonin concentration during the early post-partum period in Thoroughbred mares and their foals. ACTA VETERINARIA HUNGARICA, 71(2):119–127.

Gáspárdy A, Gallagher G, Bartha B, Haaland H, Fekete SGy (2024) The effect of supplemental lighting during the late gestation period on post-partum mechanical properties of mare and foal guard hair. VETERINARY SCIENCES, 11(1):49.

7. ÖSSZEFOGLALÁS

Az értekezésben a fenotípus, a genotípus és a környezet ellenőrzésével megvalósított precíziós állattenyésztési kutatásainkat foglalom össze. Az összefoglalást a fenti három fő terület részére bontva mutatom be.

A fenotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásaink a tejhasznú szarvasmarhában a tejalkotóknak, a tej elektromos vezetőképességének és a kérődzés aktivitásának *online* mérésére és az így keletkezett alap adatok feldolgozására összpontosított.

A tejalkotók *online* mérésének célja a tejben lévő laktóz, fehérje és zsír napi energiamennyiségének és ezek laktáció alatti változásának megállapítása, valamint összehasonlítása volt. Egy kibucból 309 izraeli holstein-fríz tehén három laktációjával került be a vizsgálatba az 1996-tól 2000 végéig terjedő időszakból. Megállapítottuk a tejösszetevők és a tejhozam laktáció alatti lefutását, valamint meghatároztuk ezek abszolút és a relatív energiamennyiségét és értékeltük a laktáció során bekövetkező változásukat. Az eredményeink azt mutatták, hogy a tejnek és különböző összetevőinek energiatartalma változik a laktáció során. Az egyes összetevők energiamennyiségei a laktáció különböző időszakaiban válnak dominánssá. Először, a 40-50. nap között a zsírból származó energia mennyisége éri el a csúcst. A laktóz csúcspontja körülbelül a laktáció 80. napján van, a fehérje pedig az utolsó, körülbelül a laktáció 100-110. napján. A legmagasabb napi relatív energiamennyiségben hasonló tendenciákat tapasztaltak. Úgy tűnik, hogy ez a sorrendiség állandó, és élettaninak tekinthető. Feltételezhető, hogy a tejösszetevők előállítása a különböző időpontokban szabályozott, és periódusonként csak egy összetevő jut viszonylagos uralomra. Az tejalkotók negatív és pozitív hatással vannak egymás termeltetésére, amelyek ezáltal kölcsönhatásban állnak egymással, és nem függetlenek egymástól.

A tej elektromos vezetőképessége *online* mérésének célja ennek pontosabb elemzése a klinikai tőgygyulladásban szenvedő tehenekben a diagnózis napjai körül és az öröklődhetőségének, valamint az ismételhetőségének becslése volt egy nagyüzemi tehenészet adatai alapján. Megállapításra került, hogy az ellést követően az EC-értékek általánosan csökkennek, azonban kiderült, hogy a tizenharmadik héttől kezdődően jelentős különbségek mutatkoznak a klinikai tőgygyulladással diagnosztizált és az egészséges tehenek csoportjai között. A klinikai tőgygyulladás kimutatásának napját megelőzően szignifikáns ($p < 0,001$) EC-növekedést figyeltünk meg. Ez a magasabb érték (körülbelül 11 mS) 4 napig megmaradt, majd fokozatosan visszatért a normál szintre. A különböző bikáktól született leányivadékok EC-je eltérően reagált tőgygyulladás esetén. Az EC öröklődhetősége magasnak tűnik ($h^2=0,56$, ismételhetősége 0,59). Ezért az EC ismerete előnyös a tőgygyulladás kimutatására és előre jelzésére, valamint a csökkentésére irányuló szelekcióban az apaállatok kiválasztásakor.

A kérődzés aktivitás *online* mérését azért tűztük ki célul, hogy a kérődzéssel töltött idő és az állatok egészségi állapota közötti kapcsolatot eddig még nem vizsgált két kóros állapot vonatkozásában elemezzük. Ebben a vizsgálatban monitoroztuk a napi kérődzési aktivitást (RA), és ennek összefüggését a tényleges élőszúlyal (LW), a tejhozammal (MY), valamint két betegséggel (szubklinikai hiperketonaemia - SHK, méhbetegség - UD) izraeli holstein-fríz tehenek megfigyeléseiből. A vizsgált minta rendkívül szignifikáns választ adott, amely azt mutatja, hogy a kiválasztott betegségek csökkentették az RA-t és a LW-t, míg a MY-t nem. Megállapítható, hogy az

RA változása (LW-vel kiegészítve) az egészségi állapot hasznos általános indikátora, beleértve a szubklinikai hiperketonaemiát és a méhbetegséget a klinikai tünetek megjelenését megelőzően.

A genotípus ellenőrzésével megvalósított kutatásaink a juhban a prionfehérje gén, a juhban és a lóban az anyai filogenetikai háttér diverzitásának meghatározásával foglalkozott a veszélyeztetett háziállatfajták megőrzése szempontjából.

A magyar őshonos juhajtók helyzetét vizsgáltuk a surlókórrezisztencia genetikai háttere alapján. A vizsgálat célja a prion haplotípusok, -genotípusok és kockázati kategóriák relatív gyakoriságának becslése, valamint az elmúlt évtizedben elért surlókór felszámolási program hatékonyságának feltárása volt. A prion gén génikus változatosságának elemzésével újszerű megközelítést valósítottunk meg. Megállapítottuk, hogy a kártékony mutáns kodonok arányának (%) kimutatása hasznos indikátora lehet a felszámolási program sikerességének. A nagy mintaszám alapján bebizonyosodott, hogy a cikta fajta kockázati kategória szerinti besorolása nem javult, ebből kifolyólag surlókór rezisztenciája alacsonynak tekinthető. Ugyanakkor, a gyakori ARQ genotípus és a 3. kockázati kategória a fajtára jellemzőnek tekinthető. Ezen genotípusok gondos használata megengedett, és hozzájárul a fajta diverzitás fenntartásához. A többi fajtában (cigája, tejelő cigája, fehér racka, fekete racka és gyimesi racka) a prion gén génikus alakulása a surlókórrezisztencia elleni szelekcióra adott válaszként határozottan sikeres volt.

A juh mitokondriális DNS vizsgálatunkban elsőként hasonlítottuk össze a már kihalt zaupel juh három élő leszármazott fajtájában a kontroll régió szekvenciáját. Vizsgálatainkat a waldschaf (Ausztria), a bovec (Szlovénia) és a cikta (Magyarország) közös eredetének bizonyítására végeztük el. Összesen 118 biológiai mintát vettünk a három fajta nem rokon képviselőitől 2015 és 2017 között. Egy újonnan tervezett primer pár bevonásával szaporítottuk fel a vizsgálandó szegmenst (1180 bp). A teljes vizsgálati populációban a haplotípusok száma összesen 49 volt. Ezek többsége a B haplocsoportba esett. A Tajima D-teszt értéke a teljes vizsgálati populációban $-0,914$ ($p > 0,10$), vagyis a három leszármazott fajta történeti elkülönülése nem okozott genetikai sodródást, ezek együttesen genetikai egyensúlyban vannak. A Fu Fs statisztikájának szignifikáns, enyhén negatív értéke ($F_s = -3,296$, $p = 0,013$) a haplotípusok gyakorisága alapján mérsékelt idegen génbeáramlást jelez. Új megfigyelésként számolunk be a cikta és a bovec juhokban a C és D haplocsoportok megjelenéséről. A genetikai információk megerősítették a fajtáknak a fajtatörténetből ismert közös eredetét.

A ló mitokondriális DNS vizsgálatunkban a 2012-ben indult fajtarekonstrukciós projekt keretében összegyűjtött székely ló alapító populáció ($n=59$) D-hurok szekvencia által meghatározott anyai genetikai összetételének feltárása volt a cél. A székely ló a Kárpátok hegyi lova volt, amelynek hivatalos méneskönyve a második világháború után megszűnt. Ennek ellenére a székely ló minden tulajdonságát megőrző egyedei elszórta távoli vidékeken fennmaradtak. A D-hurok 68 polimorf helyet mutatott ki. A haplotípusok száma 34 volt, a haplotípus diverzitás (H_d) 0,966 és a nukleotid diverzitás (π) 0,02232. A Fu-féle F_s statisztika értéke $-6,566$ szignifikáns volt ($p < 0,001$), ami elveti a stabil populáció státuszát. Tizenhárom haplocsoport (HG) található közel arányosan, hasonló számú képviselővel (HG(n) – A (5), D (1), E (2), G (4), I (4), J (1), M(4), N(2), O'P(4) és R(1)). Ezzel szemben a Q, L és B HG több lóban fordult elő (15, 9 és 7). A nagyszámú polimorf hely és haplotípus alapján az alapító állomány változatosnak tekinthető. Mivel a HG Q az ázsiai lovakra jellemző, a vizsgált székely ló állomány haplotípus-eloszlása a honfoglaláskor keletről behozott magyar lovak keleti eredetét tükrözheti. Ezt egészíti ki a székely lóban az európai (pl. L) és a Közel-Keletről (pl. B) származó lovak génállománya.

A környezet ellenőrzésével a ló fajban megvalósított kutatásainkban a mesterséges fénykiegészítés okozta kezelt kancákban, valamint újszülött csikóikban bekövetkező változások (vérplazma melatonin koncentráció, felszór mechanikai tulajdonságai) megállapítására vállalkoztunk.

Egyfelől a kancák és újszülött csikóik plazma melatonin koncentrációjának meghatározását tűztük ki célul az ellés utáni korai időszakban. Vérmintát vettünk 53 kanca-csikó pár jugularis vénájából az ellést követő tizenkét órán belül. A plazma melatonint ELISA módszerrel határoztuk meg. Az ellés időpontjára GLM-mel korrigált melatonin koncentráció a kancákban $34,58 \text{ pg mL}^{-1}$ volt; ez szignifikánsan alacsonyabbnak adódott az újszülött csikókban ($27,63 \text{ pg mL}^{-1}$). A melatonin koncentráció azonban a 12. óra végére eltérő mértékben csökkent; az utódokban enyhébb fokban, mint az anyákban. A vemhesség végén alkalmazott mesterséges fénykiegészítés mintegy 10 pg mL^{-1} -rel csökkentette a melatonin koncentrációt mind a kancákban, mind a csikóikban a kontrollokhoz képest. A melatonintermelés mértéke kapcsolatban állhat a kancák ellésre való felkészülésével, és biztosítja az utódok túlélési esélyeit, ezért a melatonin a csikózás pillanatában érheti el csúcspontját, függetlenül annak tényleges idejétől. Az újszülött csikók alacsony melatonin koncentrációjának hatása összefüggésbe hozható a csikó egészségével és a későbbi teljesítményével. Ezért, az utódok melatonin koncentrációjának monitorozása a későbbi fejlődési szakaszukban további vizsgálatokat tesz indokolttá.

Másfelől a felszörök mechanikai tulajdonságait tanulmányoztuk olyan angol telivér egyedekben, amelyek a vemhesség végén kiegészítő kék fénynek voltak közvetlenül (kancák), vagy közvetetten (csikóik) kitéve. A vizsgálathoz 60 kancát és 60 csikóját választottuk ki. Az felször mintákat közvetlenül az ellést követően (12 órán belül) vettük a lapocka tájékról. A fénykezelt kancák csikói szignifikánsan ($p < 0,05$) rövidebb szőrt növesztettek, mint a kontroll kancák. Kimutattuk a fénykezelés általános hatását a szőr bazális átmérőjének elvékonyodására ($p < 0,005$). A fénykezelt kancák és csikóik szőrmintáinak maximális terhelése ($0,098$ és $0,085 \text{ N}$) szignifikánsan alacsonyabb volt, mint a kontrollé ($0,272$ és $0,178 \text{ N}$). A fénykezelt kancák csikói szőrmintáinak szakítószilárdsága ($82,2 \text{ N/mm}^2$) szignifikánsan alacsonyabb volt, mint a kontrollcsikóké ($121,6 \text{ N/mm}^2$). Bár a fajlagos nyúlásban (ΔL) nem találtunk szignifikáns különbséget, a kontroll állatok (kancák és csikók együtt) szőrzete rugalmasabb volt, mint a kezelt állatoké (335 vs. $262 \text{ }\mu\text{m}$). Összegzésképpen elmondható, hogy a vemhes kancák kiegészítő kékfény-kezelése mind a kancák, mind a csikók esetében csökkenti a szőr mechanikai tulajdonságainak értékeit, a felszört rövidebbé, vékonyabbá és gyengébbé teszi.

8. SUMMARY

In the dissertation, I summarize our research on precision livestock farming by controlling the phenotype, genotype and environment. I present the summary divided into parts of the three main areas above.

Our research, carried out by controlling the phenotype in dairy cattle, focused on the online measurement of the milk constituents, the electrical conductivity of the milk and the activity of rumination, and the processing of the basic data thus generated.

The aim of the online measurement of the milk constituents was to examine the changes of the daily energy amount of lactose, protein and fat throughout the lactations, and compare them to each other. Three hundred and nine Israeli Holstein Friesian cows in three lactations from one kibbutz were investigated; information was given for a period of five years, during the years 1996 to the end of 2000. The distribution of milk components and milk yield during lactation, and the changes of the absolute and of the relative energy amount in the different milk component were calculated and evaluated. Results showed the changes in energy content of the milk and its different components throughout the lactation. Each component, fat, lactose and protein is dominant in different period during the lactation. The energy amount from fat is reaching a peak first between days 40-50. The lactose has a peak at about day 80 of lactation and the protein is the last one with a peak approximately at day 100-110 of lactation. It seems that this peak sequence is constant and is considered to be physiological. It might be suggested that there is a regulation between the secretions of the different components at different times, and only one component dominant at each period. One component has a negative and positive influence at the secretion on the other components, which are interacting on each other and are not independent totally.

The aim of the online measurement of the electrical conductivity (EC) of milk was to more accurately analyse it in cows suffering from clinical mastitis around the days of diagnosis and to estimate its heritability and repeatability based on data from a large-scale dairy operation. Shortly after calving the EC value generally decreases, however, it was discovered that from the thirteenth week onwards, substantial differences arise between the mastitic and healthy group of cows. We also observed a significant ($p < 0.001$) increase in EC before the diagnosis of clinical mastitis. This higher value (around 11 mS) remained for 4 days and gradually returned back to the normal level. The EC of daughters sired by different bulls responded differently in case of mastitis. The heritability estimate of EC seems medium-high ($h^2=0.56$, and repeatability of 0.59). Therefore, the monitoring of EC can be a beneficial method in detecting mastitis and should be considered in sire selection.

The aim of the online measurement of rumination activity was to analyse the relationship between the time spent in rumination and the health status of the animals in relation to two pathological conditions that have not yet been investigated. We monitored online the daily rumination activity (RA), and its connection with actual live weight (LW) and milk yield (MY), and with two diseases (subclinical hyperketonaemia - SHK, uterine disease - UD) in 96 cows resulting from 1638 observations in Israel. The studied sample has given a highly significant response showing that the selected diseases had a diminishing impact on RA and LW, while without an influence on MY. It can be concluded that the change of RA (completed by LW) is a useful general

indicator of health state, included both the subclinical hyperketonaemia and the uterine disease before clinical symptoms.

Our research carried out by checking the genotype dealt with the determination of the diversity of the prion protein gene in the sheep and the maternal phylogenetic background in the sheep and the horse species from the point of view of the preservation of endangered domestic animal breeds.

We studied the present status of Hungarian indigenous sheep breeds based on the genetic background of scrapie resistance. The aim of this investigation was to estimate the relative frequency of prion haplotypes, genotypes and risk categories, as well as to reveal the efficiency of the scrapie eradication programme achieved over a decade. A novel approach in the characterisation of prion gene using its genic variation was also implemented. It was established that the proportion of deleterious sites (%) can be a useful indicator of the eradication programme. Based on a large sample size, it was confirmed that the scrapie resistance of the Cikta breed is low, and the classification of this breed according to risk category has not improved. However, the frequent genotype ARQ and risk category 3 can also be considered characteristic of the breed. The careful use of these genotypes is permitted and will contribute to the maintenance of breed diversity. The response of prion genic variation to selection for scrapie resistance in the other breeds (Tsigai, Milking Tsigai, White Racka, Black Racka and Gyimes Racka) was definitely successful.

In one of our mitochondrial DNA studies, we compared the control region sequence in three descendant breeds of the extinct Zaupeel sheep, firstly. The investigation was carried out in order to prove the common origin of Waldschaf (Austria), Bovec sheep (Slovenia) and Cikta (Hungary). A total of 118 biological samples were taken from non-related representatives of the three breeds between 2015 and 2017. A newly designed primer pair was also used to amplify the segment (1180 bp) to be tested. The total number of haplotypes in the whole study population was 49. The majority of which fell into haplogroup B. The Tajima D-test value in the entire study population was -0.914 ($p > 0.10$), meaning that the separation of the three descendant breeds did not cause genetic drift, these are collectively in genetic equilibrium. The significant, slightly negative value of the Fu's F_s statistic (-3.296, $p = 0.013$) based on haplotype frequencies demonstrated a moderate foreign gene flow. As a novel observation haplogroups C and D appeared in Cikta and Bovec sheep, respectively. The genetic information confirmed the common origin of the breeds known from the breed history.

In our other mitochondrial DNA study, the aim was to reveal the maternal genetic composition based on the D-loop sequence of the founding population of the Szekler Horse ($n=59$) collected in the framework of the breed reconstruction project. The Szekler Horse was a small-sized mountain horse of the Carpathian Mountains whose official stud book ceased to exist after WWII. Despite that, individual horses preserving all the characteristics of the Szekler Horse remained scattered in remote areas, so a breed re-construction project could have started in 2012. D-loop showed 68 polymorphic sites. The number of haplotypes was 34, with haplotype diversity (H_d) 0.966 and nucleotide diversity (π) 0.02232. The value of Fu's F_s statistic (-6.566) was significant ($p < 0.001$), which rejects a stable population status. Thirteen haplogroups (HG) are found with a nearly equal number of representatives (HG(n) – A (5), D (1), E (2), G (4), I (4), J (1), M (4), N (2), O'P (4) and R (1)). In contrast, the Q, L, and B HGs occurred in more horses (15, 9, and 7, respectively). Based on a large number of polymorphic sites and haplotypes, the founder stock is considered diverse. Since the HG Q is characteristic of Asian horses, the examined stock haplotype distribution reflects the eastern origin of the Szekler Horse and might it reflect that of the other

Hungarian horses brought from the East during the Conquest. It is complemented by the gene pool of horses from Europe (e.g., L) and the Middle East (e.g., B).

By controlling the environment, in our research carried out in the horse species, we undertook to determine the changes that occur in treated mares and their new-born foals as a result of artificial light supplementation.

On the one hand, we aimed to determine the plasma melatonin concentration in mares and their new-born foals in the early post-partum period. Blood samples were collected from the jugular vein of 53 mare-foal pairs within twelve hours after parturition. Plasma melatonin was assayed by ELISA. The melatonin concentration adjusted for the moment of parturition using a GLM in mares was 34.58 pg mL^{-1} ; it was significantly lower in the new-born foals (27.63 pg mL^{-1}). However, the melatonin concentration declined differently by the end of the twelve hours, it decreased less in the offspring as in the mothers. An artificial light supplementation at the end of gestation reduced the melatonin concentration both in mares and their foals by about 10 pg mL^{-1} , compared to the controls. An elevated melatonin production may be related to preparation of mares for parturition and ensures the chances of survival of offspring, therefore the melatonin may reach its peak at the moment of foaling regardless of its actual time. The effect of low melatonin concentration in newborns might be associated to the foal's health and subsequent performance. The need to monitor the melatonin concentration in the offspring in later ages justifies further studies.

On the other hand, we investigated the mechanical properties of the guard hairs of Thoroughbred mares exposed or not to supplemental blue light at the end of the gestation. Here, 60 mares and their 60 foals were selected for the investigation. Hair samples were collected from the shoulder just after (within 12 h) the parturition or birth. The foals of the light-treated mares developed significantly ($p < 0.05$) shorter hair than those of the control mares. A general effect of light treatment on basal hair diameter thinning could be demonstrated ($p < 0.005$). The maximum force of hair samples of light-treated mares and foals (0.098 and 0.085 N, respectively) was significantly lower than that of the controls (0.272 and 0.178 N, respectively). The tensile strength (82.2 N/mm^2) of the foal hair samples of the light-treated mares was significantly lower than that of the control foals (121.6 N/mm^2). Although no significant difference was found in the elongation (ΔL), the hair of the control animals (mares and foals together) was more elastic than that of the treated animals (335 vs. 262 μm). In conclusion, the supplemental blue light treatment of the pregnant mares has a decreasing effect on both mares and their foals on the mechanical properties of the hair, making it shorter, thinner, and weaker.

9. IRODALOMJEGYZÉK

- Achilli A, Olivieri A, Soares P, Lancioni H, Hooshkar Kashani B, Perego, UA, Nergadze SG, Carossa V, Santagostino M, Capomaccio S, Felicetti M, Al-Achkar W, Penedo MCT, Verini-Supplizi A, Houshmand M, Woodward SR, Semino O, Silvestrelli M, Giulotto E, Pereira L, Bandelt H-J, Torroni A (2012) Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 109:2449–2454.
- Adlung R (1912) *Die Schafhaltung in Württemberg*. Illustrierte Landwirtschaftliche Zeitung, 32:450–453.
- AFRC Technical Committee on Responses to Nutrients, Report No. 11. (1998): Response in the yield of milk constituents to the intake of nutrients by dairy cows. CABI Publishing, Wallingford, Oxon, UK, ISBN: 0-85199-284-6.
- Agnew KW, Mayne CS, Doherty JG (1996) An examination of the effect of method and level of concentrate feeding on milk production in dairy cows offered a grass silage-based diet. *Anim Sci.* 63(1):21–31.
- Agrobiogen GmbH (2016) Scrapie Resistenz. Agrobiogen GmbH Biotechnologie. URL: <http://www.agrobiogen.de>. (hozzáférés: 2016.03.25.)
- Alistáli Mátyus NJ (1828) Nemzeti Lovag
- Altinsaat Ç, Üner AG, Sulu N, Ergün A (2009) Seasonal variations in serum concentrations of melatonin, testosterone, and progesterone in Arabian horse. *Ankara Üniv. Vet. Fak. Derg.* 56:19–24.
- Áldásy P, Süveges T (1964) A juhok súrlókorjának hazai előfordulása. *Magy. Allatorvosok.* 19(11):463–465.
- Álvarez I, Royo LJ, Gutiérrez JP, Fernández I, Arranz JJ, Goyache F (2007) Genetic diversity loss due to selection for scrapie resistance in the rare Spanish Xalda sheep breed. *Livest. Sci.* 111:204–212.
- Álvarez I, Gutiérrez JP, Royo LJ, Fernández I, Goyache F (2009) Quantifying diversity losses due to selection for scrapie resistance in three endangered Spanish sheep breeds using microsatellite information. *Prev. Vet. Med.* 91:172–178.
- Auldist MJ, Coats S, Rogers GL, McDowell GH (1995) Changes in the composition of milk from healthy and mastitic dairy cows during the lactation cycle. *Aust. J. Exp. Agric.* 35:427–436.
- Austin SM (2013) Assessment of the equine neonate in ambulatory practice. Review article. *Equine Vet. Educ.* 25:585–589.
- Bae DH, Welch JG, Gilman BE (1983) Mastication and rumination in relation to body size in cattle. *J. Dairy Sci.* 66(10):2137–2141.
- Bajcsy ÁC, Szenci O, Doornenbal A, Van der Weijden GC, Csorba C, Kocsis L, Szucs I, Ostgard S, Taverne MAM (2005) Characteristics of bovine early puerperal uterine contractility recorded under farm conditions. *Theriogenology*. 64(1):99–111.
- Balivo A, D'Errico G, Genovese A (2024) Sensory properties of foods functionalised with milk proteins. *Food Hydrocoll.* 147:109301.
- Bandelt H, Forster P, Röhl A (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.* 16:37–48.
- Baumung R, Cubric-Curik V, Schwend K, Achmann R, Sölkner J (2006) Genetic characterisation and breed assignment in Austrian sheep breeds using microsatellite marker information. *J. Anim. Breed. Genet.* 123(4):265–271.
- Baylis M, Goldmann W, Houston F, Cairns D, Chong A, Ross A, Smith A, Hunter N, McLean AR (2002) Scrapie epidemic in a fully PrP-genotyped sheep flock. *J. Gen. Virol.* 83:2907–2914.

- Baylis M, Chihota C, Stevenson E, Goldmann W, Smith A, Sivam K, Tongue S, Gravenor MB (2004) Risk of scrapie in British sheep of different prion protein genotype. *J. Gen. Virol.* 85:2735–2470.
- Beauchemin KA, Rode LM, Elison MV (1997) Chewing activities and milk production of dairy cows fed alfalfa as hay, silage or dried cubes of hay or silage. *J. Dairy Sci.* 80(2):324–333.
- Berckmans D (2017) General introduction to precision livestock farming. *Anim. Front.* 7(1):1–11.
- Biszkup M, Balogh P, Babay-Török B, Pajor G, Márton A (2023) Hogyan segítik a digitális érzékelők az állatjólét javítását – legeltetett húsmarhaállományon keresztül bemutatva. *Animal Welfare, Etológia és Tartástechnológia.* 19(2):168–174.
- Blikslager AT, Jones SL, Grondahl M-L, Merritt AM, Malbert CH (2004) Pathophysiology of the gastrointestinal tract. In *Veterinary Pathophysiology* (Eds. Dunlop, R.H., Malbert, C.H.), Blackwell, Oxford, UK. pp. 111–142.
- Bodó I, Hecker W (1992) (eds.) *Lótenyésztők kézikönyve.* Mezőgazda Kiadó: Budapest, Magyarország, pp. 158.
- Bodó I (2000) (ed.) *Living Heritage – Old Historical Hungarian Livestock.* Agroinform Publishing and Printing Ltd., Budapest. 125 pp.
- Bodó I, Hecker W, Surján Gy (2021) *A székelő ló.* Pharma Press Nyomdaipari Kft.: Budapest, Magyarország, pp. 50–53.
- Bohm J (1878) (ed) *Die Schafzucht nach ihrem jetzigen rationellen Standpunkt*, 2nd part. Die Züchtung des Schafes. 1st ed. Wiegandt, Hempel & Baren, Berlin, Germany. pp. 545–547.
- Bostedt H, Dedié K (1996) Infektionsbedingte Erkrankungen des Gesamtorganismus. Viruskrankheiten. Traberkrankheit. In *Schaf-und Ziegenkrankheiten* (eds. Bostedt, H., Dedié, K.), Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart. pp. 73–75.
- Bökönyi S (1958) A budai Várpalota ásatásának állatcsont anyaga. In *Budapest Régiségei - A Budapesti Történeti Múzeum Évkönyve XVIII.* (ed. Gerevich, L.), Akadémiai Kiadó, Budapest, Magyarország. pp. 455–486.
- Bökönyi S (1978) „Vadakat terelő juhász...”. Magvető, Budapest, pp. 164. ISBN: 9632706625.
- Burgoyne RD, Duncan JS (1998) Secretion of milk proteins. *J. Mammary Gland Biol. Neoplasia.* 3:275–286.
- Burkhardt J (1947) Transition from anoestrus in the mare and the effects of artificial lighting. *J. Agric. Sci.* 37:64–68.
- Butler WR (1997) Review: Effect of protein nutrition on ovarian and uterine physiology in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 81(9):2533–2539.
- Cagnacci A, Soldani R, Melis GB, Volpe A (1998) Diurnal rhythms of labor and delivery in women: modulation by parity and seasons. *Am. J. Obstet. Gynecol.* 178:140–145.
- Cameron C, Bell-Rogers P, McDowall R, Rebelo AR, Cai HY (2014) Prion protein genotypes of sheep as determined from 3343 samples submitted from Ontario and other provinces of Canada from 2005 to 2012. *Can. J. Vet. Res.* 78:260–266.
- Carcangiu V, Giannetto C, Luridiana S, Piccione G (2018) Features of the daily rhythms of blood melatonin and glucose in goats during different natural photoperiod. *Chronobiol. Int.* 35:329–335.
- Cavero D, Tolle KH, Rave G, Buxade C, Krieter J (2007) Analysing serial data for mastitis detection by means of local regression. *Livest. Sci.* 110(1-2):101–110.
- Cerri RLA, Burnett TA, Madureira AML, Silper BF, Denis-Robichaud J, LeBlanc S, Cooke RF, Vasconcelos, JLM (2021) Symposium review: Linking activity-sensor data and physiology to improve dairy cow fertility. *J. Dairy Sci.* 104:1220–1231.
- Chemineau P, Guillaume D, Migaud M, Thiéry J, Pellicer Rubio M, Malpoux B (2008) Seasonality of Reproduction in Mammals: Intimate Regulatory Mechanisms and Practical Implications. Special Issue: 16th International Congress on Animal Reproduction. *Reprod. Domest. Anim.* 43(Suppl. 2):40–47.

- Chen S-Y, Duanb Z-Y, Sha T, Xiangyu J, Wu SF, Zhang Y-P (2006) Origin, genetic diversity, and population structure of Chinese domestic sheep. *Gene*. 376(2):216–223.
- Cieslak M, Pruvost M, Benecke N, Hofreiter M, Morales A, Reissmann M, Ludwig A (2010) Origin and History of Mitochondrial DNA Lineages in Domestic Horses. *PLoS ONE*. 12:e15311.
- Cinkulov M, Popovski Z, Porcu K, Tanaskovska B, Hodzić A, Bytyqi H, Mehmeti H, Margeta V, Djedović R, Hoda A, Trailović R, Brka M, Marković B, Vazić B, Vegara M, Olsaker I, Kantanen J (2008) Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *J. Anim. Breed. Genet.* 125(6):417–426.
- Cleaver BD, Sharp DC (1993) Treatment with melatonin alters plasma levels of estradiol, progesterone, but not LH during the estrous cycle of pony mares. *Biol. Reprod. Suppl.* 1 48:88 abstr.
- Cohen Y (2006) Alteration in cow live weight at the course of milk production cycles. Szakdolgozat, SZIE-ÁOTK Budapest, pp. 37.
- Collery A, Browne JA, O'Brien C, Sheridan JT, Murphy BA (2023) Optimised stable lighting strengthens circadian clock gene rhythmicity in equine hair follicles. *Animals*. 13:2335.
- Couderc JJ, Rearte DH, Schroeder GF, Ronchi JL, Santini FJ (2006) Silage chop length and hay supplementation on milk yield, chewing activity, and ruminal digestion by dairy cows. *J. Dairy Sci.* 89(9):3599–3608.
- Craven AJ, Nixon AJ, Ashby MG, Ormandy CJ, Blazek K, Wilkins RJ, Pearson AJ (2006) Prolactin delays hair regrowth in mice. *J. Endocrinol.* 191:415–425.
- DeBoer M, Konop A, Fisher B (2023) Changes in Hair Coat Length and Diameter in Blanketed and Nonblanketed Adult Horses in the Winter. *J. Equine Vet. Sci.* 120:104191.
- Dell Inc. (2015) Dell Statistica (data analysis software system), version 13. <http://www.software.dell.com>.
- Dell AC, Curry MC, Yarnell KM, Starbuck GR, Wilson PB (2020) Mitochondrial D-loop sequence variation and maternal lineage in the endangered Cleveland Bay horse. *PLoS ONE*. 15:e0243247.
- Demelash B, Etana D, Fekadu B, (2005) Prevalence and risk factors of mastitis in lactating dairy cows in Southern Ethiopia. *Intern. J. Appl. Res. Vet. Med.* 3(3):189–198.
- Demirci S, Baştanlar EK, Dağtaş ND, Pişkin E, Engin A, Özer F, Yüncü E, Doğan ŞA, Togan I (2013) Mitochondrial DNA diversity of modern, ancient and wild sheep (*Ovis gmelinii anatolica*) from Turkey: new insights on the evolutionary history of sheep. *PLoS One*. 8(12):e81952.
- De Mol RM, Ouweltjes W (2001) Detection model for mastitis in cows milked in an automatic milking system. *Prev. Vet. Med.* 49(1-2):71–82.
- Dexler H (1931) Traberkrankheit. In *Tierheilkunde und Tierzucht. Eine Enzyklopädie der praktischen Nutztierkunde* (eds. Stang, V., Wirth, D.), Urban & Schwarzenberg, Berlin–Wien. pp. 807.
- Digitális Jólét Program (2019) Digitális Jólét Program, Magyarország Digitális Agrár Stratégiája, 2019-2022. 2019. augusztus. <https://digitalisjoletprogram.hu/files/24/2e/242e263bd2b441f6f30cf400e06e1e4a.pdf> (hozzáférés: 2024.04.11.)
- Directive 2010/63/EU of the European Parliament and of the Council of 22 September 2010 on the protection of animals used for scientific purposes. <http://data.europa.eu/eli/dir/2010/63/oj> (hozzáférés: 2022.04.02).
- Drögemüller C, Leeb T, Distl O (2001) PrP genotype frequencies in German breeding sheep and the potential to breed for resistance to scrapie. *Vet. Rec.* 149:349–352.
- Dudu A, Ghiță E, Costachea M, Georgescu SE (2016) Origin and genetic diversity of Romanian Racka sheep using mitochondrial markers. *Small Rum. Res.* 144:276–282.

- Dymova MA, Zadorozhnyo AV, Mishukova OV, Khrapov EA, Druzhkova AS, Trifonov VA, Kichigin IG, Tishkin AA, Grushin SP, Filipenko ML (2017) Mitochondrial DNA analysis of ancient sheep from Altai. *Anim. Genet.* 48:615–618.
- EAAP PLF European Federation of Animal Science, Commission on Precision Livestock Farming. <https://eaap.org/study-commissions/precision-livestock-farming/> (hozzáférés: 2024.02.22.)
- Ejaz H, Figaro JK, Woolner AMF, Thottakam BMV, Galley HF (2021) Maternal serum melatonin increases during pregnancy and falls immediately after delivery implicating the placenta as a major source of melatonin. *Front. Endocrinol.* 11:623038.
- Elasticity in Biological Materials. Department of Materials Science & Metallurgy. University of Cambridge. Dissemination of Information Technology for the Promotion of Materials Science. Available online: <https://www.doitpoms.ac.uk/tlplib/bioelasticity/printall.php> (hozzáférés: 2023.09.15.)
- Elsner J, Deschler-Erb S, Stopp B, Hofreiter M, Schibler J, Schlumbaum A (2016) Mitochondrial d-loop variation, coat colour and sex identification of Late Iron Age horses in Switzerland. *J. Archaeol. Sci. Rep.* 6:386–396.
- European Commission (2001) Regulation (EC) No 999/2001 of the European Parliament and of the Council of 22 May 2001, laying down rules for the prevention, control and eradication of certain transmissible spongiform encephalopathies. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/HTML/?uri=CELEX:32001R0999> (hozzáférés: 2018.09.28.)
- Ferencakovic M, Curik I, Pérez-Pardal L, Royo LJ, Cubric-Curik V, Fernández I, Álvarez I, Kostelic A, Sprem N, Krapinec K, Goyache F (2013) Mitochondrial DNA and Y-chromosome diversity in East Adriatic sheep. *Anim. Genet.* 44(2):184–192.
- Fésüs L, Zsolnai A, Horogh G, Anton I (2004) A juhok surlókérdője 2. Prion genotípus gyakoriságok hazai őshonos állományainkban. *Magy. Allatorvosok.* 126:670–675.
- Fésüs L, Zsolnai A, Anton I, Sáfár L. (2008) Breeding for scrapie resistance in the Hungarian sheep population. *Acta Vet. Hung.* 56:173–180.
- Ficsor Cs (2016) A székesly ló fajta-regenerálását támogató küllemtani összehasonlító vizsgálat M.Sc. szakdolgozat. Szent István Egyetem, Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, Gödöllő
- Fitzgerald BP, Schmidt MJ (1995) Absence of an Association between Melatonin and Reproductive Activity in Mares during the Nonbreeding Season. *Biol. Reprod.* 52:425–434.
- Fleming SA (2002) Ketosis of ruminants (acetonaemia). In *Large animal internal medicine* (ed. Smith, B.P.), 3rd ed., Mosby, Inc., St. Louis, Missouri. pp. 1241–1247.
- Foster J, Hunter N (1998) Transmissible spongiform encephalopathies: transmission, mechanism of disease, and persistence. *Curr. Opin. Microbiol.* 1:442–447.
- Fox PF, McSweeney PLH (1998) Dairy Chemistry and Biochemistry, Springer, New York, USA, 457.
- Fu YX (1997) Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics.* 147:915–925.
- Fu YX, Li WH (1993) Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics.* 133(3):693–709.
- FVM (2004) A Földművelésügyi és Vidékfejlesztési Minisztérium 22/2004. (II. 27.) FVM rendelete a fertőző szivacsos agyvelőbántalmak megelőzéséről, az ellenük való védekezésről, illetve leküzdésükről szóló 69/2003. (VI. 25.) FVM rendelet módosításáról. https://jogkodex.hu/jsz/2004_22_fvm_rendelet_7045475 (hozzáférés: 2015.07.15.)
- Galon N (2010) The use of pedometry for estrus detection in dairy cows in Israel. *J. Reprod. Dev.* 56(S):S48–S52.
- Ganbold O, Lee S-H, Seo D, Paek WK, Manjula P, Munkhbayar M, Lee JH (2019) Genetic diversity and the origin of Mongolian native sheep. *Livest. Sci.* 220:17–25.

- Gardela J, Carbajal A, Tallo-Parra O, Olvera-Maneu S, Álvarez-Rodríguez M, Jose-Cunilleras E, López-Béjar M (2020) Temporary relocation during rest periods: Relocation stress and other factors influence hair cortisol concentrations in horses. *Animals*. 10:642.
- Garnsworthy PC (1988) (ed.) Nutrition and lactation in the dairy cow. Anchor-Brendon Ltd., Tiptree, Essex, England, ISBN: 0-408-00717-6
- Gáspárdy A, Efrat G, Bajcsy ÁCs, Fekete SGy (2014a) Electronic monitoring of rumination activity as an indicator of health status and production traits in high-yielding dairy cows. *Acta Vet. Hung.* 62(4):452–462.
- Gáspárdy A, Kukovics S, Anton I, Zsolnai A, Komlósi I (2014b): Hazai cigája változatok biokémiai és DNS polimorfizmusainak áttekintő vizsgálata. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 63:123–135.
- Gáspárdy A, Ficsor Cs, Simon L, Bodó I (2015a) A possible rescue of Székely Horse. The breed “Székely ló” is extinct, but the type “Székely ló” lives on (in remote areas of the Carpathian Mountains). Paper on “Unrecognised and Isolated Populations of rare Breeds and Varieties” 9th European Seminar on Agrobiodiversity and Annual Meeting of the SAVE Network, Lake Kerkini National Park, Greece, 11-13 September 2015. https://www.save-foundation.net/images/konferenzen/2015/Andras_Gaspardy_Szekely_Horse_2015.pdf
- Gáspárdy A, Efrat G, Ari M, Harnos A, Bajcsy ÁCs, Fekete SGy (2015b): A kérődzés aktivitásának online követése szubklinikai tőgygyulladásban szenvedő tehenekben. *Magy. Allatorvos*. 137(4):283–291.
- Gáspárdy A, Holly V, Zenke P, Maróti-Agóts Á, Sáfár L, Bali Papp Á, Kovács E (2018) The response of prion genic variation to selection for scrapie resistance in Hungarian indigenous sheep breeds. *Acta Vet. Hung.* 66(4):562–572.
- Gáspárdy A, Berger B, Zabavnik-Piano J, Kovács E, Annus K, Zenke P, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2021) Comparison of mtDNA control region among descendant breeds of the extinct Zaupeel sheep revealed haplogroup C and D in Central Europe. *Vet. Med. Sci*. 7:2330–2338.
- Gáspárdy A, Zenke P, Kovács E, Annus K, Posta J, Sáfár L, Maróti-Agóts Á (2022) Evaluation of maternal genetic background of two Hungarian autochthonous sheep breeds came from different geographical directions. *Animals*. 12(3):218.
- Gáspárdy A, Gallagher G, Bartha B, Cseh S, Fekete SGy, Somoskői B (2023a) Plasma melatonin concentration during the early post-partum period in Thoroughbred mares and their foals. *Acta Vet. Hung.* 71:119–127.
- Gáspárdy A, Tully E, Harmat L, Szabó L, Hegedűs L, Maróti-Agóts Á, Zenke P (2023b) A kecskeméti sárgafejű juh összetett filogenetikai hátterének és haplotípus-diverzitásának feltárása az mtDNS kontrollrégiója alapján. *Magy. Allatorvos*. 145(1):55–64.
- Gáspárdy A, Gallagher G, Bartha B, Haaland H, Fekete SGy (2024) The effect of supplemental lighting during the late gestation period on post-partum mechanical properties of mare and foal guard hair. *Vet. Sci*. 11(1):49.
- Gengler N (2019) Symposium review: Challenges and opportunities for evaluating and using the genetic potential of dairy cattle in the new era of sensor data from automation. *J. Dairy Sci*. 102:5756–5763.
- Giannetto C, Carcangiu V, Luridiana S, Parmeggiani A, Piccione G (2020) Twenty-four-hour rhythm patterns of plasma melatonin in short-day and long-day breeders maintained under natural environmental conditions. *Chronobiol. Int*. 37:974–979.
- Giontella A, Sarti FM, Cardinali I, Giovannini S, Cherchi R, Lancioni H, Silvestrelli M, Pieramati C (2020) Genetic Variability and Population Structure in the Sardinian Anglo-Arab Horse. *Animals*. 10:1018.
- Golf AR (1939) Die geschichtliche Entwicklung der deutschen Schafzucht und -Haltung in rassischer und wirtschaftlicher Richtung. 1st band. Die Zucht des Schafes. *Handbuch der*

- Schafzucht und Schafhaltung*. 1st ed. Doehner, H., (Eds.), Verlag von Paul Parey, Berlin, Germany. pp. 57, 63–65.
- Goodling RC, Rogers GW, Cooper JB, Rune B (2000) Heritability estimates for electrical conductivity of milk and correlations with predicted transmitting abilities for somatic cell scores. *J. Dairy Sci.* 83(Suppl.1):71(Abstr.)
- Gooley JJ, Lu J, Fischer D, Saper CB (2003) A broad role for melanopsin in nonvisual photoreception. *J. Neurosci.* 23:7093–7106.
- Grubbaugh W, Sharp DC, Berglund LA, McDowell KJ, Kilmer DM, Peck LS, Seamans KW (1982) Effects of pinealectomy in Pony mares. *J. Reprod. Fertil. Suppl.* 32:293–295.
- Guerin MV, Deed JR, Kennaway DJ, Matthews CD (1995) Plasma melatonin in the horse: measurements in natural photoperiod and in acutely extended darkness throughout the year. *J. Pineal Res.* 19:7–15.
- Guo J, Du LX, Ma YH, Guan WJ, Li HB, Zhao QJ, Li X, Rao SQ (2005) A novel maternal lineage revealed in sheep (*Ovis aries*). *Anim. Genet.* 36(4):331–336.
- Györkösi I, Borka Gy, Kovács K (2008) Az állatvédelem etikai értékei. *Animal Welfare, Etológia és Tartástechnológia*. 4(Különszám):117–127.
- Halas V (2017) Precíziós állattartás és takarmányozás, *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 66(1):24–43.
- Hankó B (1943a) Székely lovak. Nagy Jenő és Fia Könyvnyomdája: Kolozsvár, Magyarország, p. 26.
- Hankó B (1943b) Magyar háziállataink. Ángyán Pál Tipográfiai Műintézet: Budapest, Magyarország, p. 40.
- Harada T, Nambo Y, Ishimaru M, Sato F, Nagaoka K, Watanabe G, Taya K (2015) Promoting effects of an extended photo-period treatment on the condition of hair coats and gonadal function in Thoroughbred weanlings. *J. Equine Sci.* 26:147–150.
- Hardeland R (2017) Melatonin – More than just a pineal hormone. *Biomed. J. Sci. Tech. Res.* 1(4):994–997.
- Hart PJ, Squires EL, Imel KJ, Nett TM (1984) Seasonal variation in hypothalamic content of gonadotropin-releasing hormone (GnRH), pituitary receptors for GnRH, and pituitary content of luteinizing hormone and follicle-stimulating hormone in the mare. *Biol. Reprod.* 30:1055–1062.
- Hegedűs M (2000) A takarmányozás és a tejminőség összefüggései. In *Tőgyegészség és tehéntejminőség* (eds.: Simon Ferenc, Szita Géza, Merényi Imre), Mezőgazda Kiadó, Budapest, ISBN: 963-9239-92-5, pp. 84–109.
- Heyne J (1916) *Grosses Handbuch der Schafzucht auf neuzeitlicher Grundlage*. 1st ed., Reichenbach'sche Verlagsbuchhandlung, Leipzig, Germany. pp. 67–68, 365.
- Hiendleder S, Lewalski H, Wassmuth R, Janke A (1998) The Complete Mitochondrial DNA Sequence of the Domestic Sheep (*Ovis aries*) and Comparison with the Other Major Ovine Haplotype. *J. Mol. Evol.* 47:441–448.
- Hiendleder S, Kaupé B, Wassmuth R, Janke A (2002) Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc. R. Soc. B: Biol. Sci.* 269:893–904.
- Hogeveen H (2005) *Mastitis in Dairy Production: Current Knowledge and Future Solutions*, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands
- Hossain ME, Kabir MA, Zheng L, Swain DL, McGrath S, Medway J (2022) A systematic review of machine learning techniques for cattle identification: Datasets, methods and future directions. *Artif. Intell. Agric.* 6:138–155.
- Hristov P, Yordanov G, Ivanova A, Mitkov I, Sirakova D, Mehandzyiski I, Radoslavov G (2017) Mitochondrial diversity in mountain horse population from the South-Eastern Europe. *Mitochondrial DNA Part A*. 28:787–792.

- Hristov P, Yordanov G, Vladov V, Neov B, Palova N, Radoslavov G (2020) Mitochondrial Profiles of the East Bulgarian and the Pleven Horse Breeds. *J. Equine Vet. Sci.* 88:102933
- Hullár I, Brand A (1993) Nutritional factors affecting milk quality, with especial regard to milk protein: a review. *Acta. Vet. Hung.* 41(1-2):11–32.
- Huszenicza Gy, Fébel H, Gáspárdy A, Gaál T (2002) A nagy tejtermelésű tehén takarmányozásának, tejtermelésének és szaporodóképességének kapcsolata. Irodalmi áttekintés 1. Az ellés utáni időszak anyagforgalmi jellemzői. *Magy. Allatorvos.* 124(12):719–725.
- Hutton CT, Fox LK, Hancock DD (1990) Mastitis Control Practices: Differences Between Herds with High and Low Milk Somatic cell Counts. *J. Dairy Sci.* 73(4):1135–1143.
- Ipate I, Strasser C, Ionita L, Strateanu A, Strasser H, Enache LM (2013) Risk of scrapie for Romanian Turcana Sheep of prion protein genotype ARQ/ARQ. *Rom. Biotech. Lett.* 18:8245–8252.
- Ivanković A, Ramljak J, Konjačić M, Kelava N, Dovč P, Mijić P (2009) Mitochondrial D-loop sequence variation among autochthonous horse breeds in Croatia. *Czech J. Anim. Sci.* 54:101–111.
- Jansen T, Forster P, Levine MA, Oelke H, Hurles M, Renfrew C, Weber J, Olek K (2002) Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 99:10905–10910.
- Jánosi S, Baltay Zs (2004) Correlations among the somatic cell count of individual bulk milk, result of the California mastitis test and bacteriological status of the udder in dairy cows. *Acta Vet. Hung.* 52(2):173–183.
- Jensen RG (1995) (ed.) *Handbook of milk composition*. Academic Press, San Diego, California, USA, ISBN: 0-12-38-4430-4
- Jiusheng W, Yuehuan L, Songhua H, Jiyong Z (2008) Development of a Rapid PCR Test for Identification of *Streptococcus agalactiae* in Milk Samples Collected on Filter Paper Disks. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 21(1):124–130.
- Jones AW, Cameron SJ, Thatcher R, Beecroft MS, Mur LA, Davison G (2014) Effects of bovine colostrum supplementation on upper respiratory illness in active males. *Brain Behav Immun.* 39:194–203.
- Jukes TH, Cantor CR (1969) Evolution of protein molecules. In *Mammalian protein metabolism*, III. Munro, H.N., (ed.), Academic Press, New York, USA. pp. 21–132.
- Jukes TH (1990) How Many Nucleotide Substitutions Actually Took Place? Department of biophysics and medical physics. <http://garfield.library.upenn.edu/classics1990/A>. (hozzáférés: 2021.11.17.)
- Kahn CM (2005) *The Merck veterinary manual*. N.J., Merck & Co Inc., web page accessed on 21st of February 2010: <http://www.merckvetmanual.com>. (hozzáférés: 2010.04.20.)
- Kai Y, Zong-Ping L, Zong-Yuan W (2009) Applying dairy cow behavior in management practice. *Journal of Northeast Agricultural University.* 16(1):86–92.
- Kamphuis C, Pietersma D, Van der Tol R, Wiedemann M, Hogeveen H (2008) Using sensor data patterns from an automatic milking system to develop predictive variables for classifying clinical mastitis and abnormal milk. *Comput. Electron. Agric.* 62(2):169–181.
- Kang HE, Mo Y, Abd Rahim R, Lee HM, Ryou C (2017) Prion diagnosis: Application of real-time quaking-induced conversion. Review article. *Biomed. Res. Int.* Article ID 5413936, <https://www.hindawi.com/journals/bmri/2017/5413936/> (hozzáférés: 2017.11.07.)
- Karpovitch AE, Inna E, Moiseevich KI (2018) In Melatonin: pregnancy and childbirth. *MOJ Curr. Res. Rev.* 1:206–210.
- Khrabrova LA, Blohina NV, Bazaron BZ, Khamiruev TN (2021) Variability of mitochondrial DNA D-loop sequences in Zabaikalskaya horse breed. *Vavilov J. Genet. Breed.* 25:486–491.

- Kikkers BH, Ozsvári L, Van Eerdenburg FJCM, Bajcsy ACs, Szenci O (2006) The influence of laterality on mastitis incidence in dairy cattle – Preliminary study. *Acta Vet. Hung.* 54(2):161–171.
- Kilmer DM, Sharp DC, Berglund LA, Grubaugh W, McDowell KJ, Peck LS (1982) Melatonin rhythms in Pony mares and foals. *J. Reprod. Fertil. Suppl.* 32:303–307.
- Kim Y-C, Jeong B-H (2017) The first report of prion-related protein gene (PRNT) polymorphisms in goat. *Acta Vet. Hung.* 65:291–300.
- Kim S, Jung H, Murphy BA, Yoon M (2022) Efficiency of Equilume light mask on the resumption of early estrous cyclicity and ovulation in Thoroughbred mares. *J. Anim. Sci. Technol.* 64:1–9.
- Kirikci K, Noce A, Cam MA, Mercan L, Amills M (2018) The analysis of mitochondrial data indicates the existence of population substructure in Karayaka sheep. *Small Rum. Res.* 162:25–29.
- Kitchen BJ (1981) Bovine mastitis: Milk compositional changes and related diagnostic tests. *J. Dairy Rev.* 48(1):167–188.
- Kivelä A (1991) Serum melatonin during human pregnancy. *Acta Endocrinol. (Copenh)* 124:233–237.
- Kleen JL, Guatteo R (2023) Precision Livestock Farming: What Does It Contain and What Are the Perspectives? *Animals.* 13:779.
- Kluge JP, Glávits R (1993) Hungary remains free of scrapie and bovine spongiform encephalopathy (BSE). *Acta Vet. Hung.* 41:325–328.
- Komlósi I (2012) A precíziós állattenyésztés elvi szempontjai. *Acta Agraria Debreceniensis. Journal of Agricultural Sciences.* 49:201–202.
- Kontopidis G, Holt C, Sawyer L (2004) Invited review: beta-lactoglobulin: binding properties, structure, and function. *J. Dairy Sci.* 87(4):785–96.
- Kooistra LH, Ginther OJ (1975) Effect of photoperiod on reproductive activity and hair in mares. *Am. J. Vet. Res.* 36:1413–1419.
- Koppány G (2000) The Cikta sheep. In *Living heritage: old historical Hungarian livestock*. Bodó, I., (ed.), Agroinform Publishing and Printing Ltd, Budapest, Hungary. pp. 58–59.
- Kunelauri N, Gogniashvili M, Tabidze V, Basiladze G, Beridze T (2019) Georgian cattle, sheep, goats: are they of Near-Eastern origins? *Mitochondrial DNA Part B.* 4(2):4006–4009.
- Kunii H, Nambo Y, Okano A, Matsui A, Ishimaru M, Asai Y, Sato F, Fujii K, Nagaoka K, Watanabe G, Taya K (2015) Effects of an extended photoperiod on gonadal function and condition of hair coats in Thoroughbred colts and fillies. *J. Equine Sci.* 26:57–66.
- Kusza S, Priskin K, Ivanković A, Jedrzejewska B, Podgorski T, Jávör A, Mihók S (2013) Genetic characterization and population bottleneck in the Hucul horse based on microsatellite and mitochondrial data. *Biol. J. Linn. Soc.* 109:54–65.
- Kusza Sz, Zakar E, Budai Cs, Csiszter L, Padeanu I, Gavojdian D (2015) Mitochondrial DNA variability in Gyimesi Racka and Turcana sheep breeds. *Acta Biochim. Pol.* 62(1):273–280.
- Lanci A, Mariella J, Ellero N, Faoro A, Peric T, Prandi A, Freccero F, Castagnetti C (2022) Hair cortisol and DHEA-S in foals and mares as a retrospective picture of fetomaternal relationship under physiological and pathological conditions. *Animals.* 12:1266.
- LeBlanc MM, Tran T, Baldwin JL, Pritchard EL (1992) Factors that influence passive transfer of immunoglobulins in foals. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 200:179–83.
- Leek BF (1993) Digestion in the Ruminant Stomach. In *Dukes' Physiology of Domestic Animals* (eds. Swenson M.J. and Reece W.O.), 11th Edition, Cornell University Press, Ithaca, New York, USA. 720–723.
- Lely QWES-H/HR: Infrared detection system. http://www.lely.com/brochures/brochures_pdf/dairy/lely-qwes_h-en.pdf. (hozzáférés: 2010.04.20.)
- Lindgren E (2009) Validation of rumination measurement equipment and the role of rumination in dairy cow time budgets. University of Agricultural Sciences Uppsala. http://stud.epsilon.slu.se/629/1/Lindgren_e_091120.pdf. (hozzáférés: 2010.02.21.)

- Lindström T, Redbo I (2000) Effect of feeding duration and rumen fill on behavior in dairy cows. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 70(2):83–97.
- Liu J, Ding X, Zeng Y, Yue Y, Guo X, Guo T, Chu M, Wang F, Han J, Feng R, Sun X, Niu C, Yang B, Guo J, Yuan C (2016) Genetic Diversity and Phylogenetic Evolution of Tibetan Sheep Based on mtDNA D-Loop Sequences. *PLoS ONE*, 11(7):e0159308.
- Lutzer A, Nagel C, Murphy BA, Aurich J, Wulf M, Gautier C, Aurich C (2022a) Effects of blue monochromatic light directed at one eye of pregnant horse mares on gestation, parturition and foal maturity. *Domest. Anim. Endocrinol.* 78:106675.
- Lutzer A, Nagel C, Aurich J, Murphy BA, Aurich C (2022b) Development of Foals Until One Year of Age When the Dam was Exposed to Blue Monochromatic Light Directed at One Eye During Late Pregnancy. *J. Equine Vet. Sci.* 112:103922.
- Lv F-H, Peng W-F, Yang J, Zhao Y-X, Li W-R, Liu M-J, Ma Y-H, Zhao Q-J, Yang G-L, Wang F, Li J-Q, Liu Y-G, Shen Z-Q, Zhao S-G, Hehua E, Gorkhali NA, Vahidi SMF, Muladno M, Naqvi AN, Tabell J, Iso-Touru T, Bruford MW, Kantanen J, Han J-L, Li M-H (2015) Mitogenomic meta-analysis identifies two phases of migration in the history of Eastern Eurasian sheep. *Mol. Biol. Evol.* 32(10):2515–2533.
- Magyarország Kormánya (2017) B/17568. számú Jelentés az élelmiszerlánc-biztonságról és az élelmiszerlánc-felügyeleti díj felhasználásáról. Előadó: Dr. Sándor Fazekas földművelésügyi miniszter, Budapest, September 2017, <http://www.parlament.hu/irom40/17568/17568.pdf> (hozzáférés: 2018.02.13.)
- Mariotti M, Valentini A, Marsan PA, Pariset L (2013) Mitochondrial DNA of seven Italian sheep breeds shows faint signatures of domestication and suggests recent breed formation. *Mitochondrial DNA Part A.* 24(5):577–583.
- Maróti-Agóts Á, Zöldág L, Solymosi N, Egyed B (2008) Effect of different sampling methods on cattle mtDNA phylogenetic studies. In Book of Abstracts of the 59th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Book of abstracts No. 14 (2008) Vilnius, Lithuania 24–27 August 2008. Animal Genetics Session 15, Poster 49, Wageningen Academic Publishers: Wageningen, The Netherlands. pp. 130.
- Mason IL (1967) (ed.) *Sheep breeds of the Mediterranean*. 1st ed., Food and Agriculture Organization of the United Nations. Commonwealth Agricultural Bureaux, Farnham Royal Bucks: Edinburgh, UK. pp.xix+215.
- Mateus L, da Costa LL, Bernardo F, Silva JR (2002) Influence of puerperal uterine infection on uterine involution and postpartum ovarian activity in dairy cows. *Reprod. Domest. Anim.* 37(1):31–35.
- Mather IH, Keenan TW (1998) Origin and secretion of milk lipids. *J. Mammary Gland Biol. Neoplasia*, 3:259–274.
- Matolcsi J (1975) *A háziállatok eredete*. Mezőgazdasági Könyvkiadó Vállalat, Budapest, pp. 257. ISBN: 963-230-661-9.
- Mårtensson LG, Andersson RG, Berg G (1996) Melatonin together with noradrenaline augments contractions of human myometrium. *Eur. J. Pharmacol.* 316:273–275.
- McCutcheon S, Hunter N, Houston F (2005) Use of a new immunoassay to measure PrPSc levels in scrapie-infected sheep brains reveals PrP genotype-specific differences. *J. Immunol. Methods.* 298:119–128.
- Meadows JRS, Li K, Kantanen J, Tapio M, Sipos W, Pardeshi V, Gupta V, Calvo JH, Whan V, Norris B, Kijas JW (2005) Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between sheep breeds from Asia and Europe. *J. Hered.* 96:494–501.
- Meadows JRS, Cemal I, Karaca O, Gootwine E, Kijas JW (2007) Five Ovine Mitochondrial Lineages Identified From Sheep Breeds of the Near East. *Genetics.* 175(3):1371–1379.
- Mephram BT (1983) (ed.) *Biochemistry of Lactation*. Elsevier, London

- Meyer K, Hill WG (1997) Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by Restricted Maximum Likelihood. *Livest. Prod. Sci.* 47(3):185–200.
- Michie C, Andonovic I, Davison C, Hamilton A, Tachtatzis C, Jonsson N, Duthie C-A, Bowen J, Gilroy M (2020) The Internet of Things enhancing animal welfare and farm operational efficiency. *J. Dairy Res.* 87:20–27.
- Mielke H (1994) Physiologie der Laktation. In: *Euter und Gesäugekrankheiten*. (eds. K. Wendt, H. Bosted, H. Mielke, H.W. Fuchs) Gustav Fischer Verlag, Jena, Stuttgart. 46–120.
- Miles Ch (2019) The combine will tell the truth: On precision agriculture and algorithmic rationality. *Big Data & Society.* 6(1):1–12.
- Misztal I (1999) REMLF90 Manual. <http://num.ads.uga.edu/pub/blupf90/docs/blupf90.pdf>. (hozzáférés: 2008.07.30.)
- Moallem U, Gur P, Shpigel N, Maltz E, Livshin N, Yacoby S, Antman A, Aizinbud E (2002) Graphic monitoring of the course of some clinical conditions in dairy cows using a computerized dairy management system. *Isr. J. Vet. Med.* 57(2):43–64.
- Montillo M (2014) Hormonal Parameters in Foal Hair: From Birth to Post Weaning. Ph.D. Thesis, Veterinary Sciences, University of Bologna, Bologna, Italy. http://amsdottorato.unibo.it/6254/1/Hormonal_parameters_in_foal_hair_from_birth_to_post_weaning.pdf (hozzáférés: 2023.06.14.)
- Moridi M, Masoudi AA, Vaez Torshizi R, Hill EW (2013) Mitochondrial DNA D-loop sequence variation in maternal lineages of Iranian native horses. *Anim. Genet.* 44:209–213.
- Murphy BA, Martin A-M, Furney P, Elliott JA (2011) Absence of a serum melatonin rhythm under acutely extended darkness in the horse. *J. Circadian Rhythm.* 9:3.
- Murphy BA, Walsh CM, Woodward EM, Prendergast RL, Ryle JP, Fallon LH, Troedsson MH (2014) Blue light from individual light masks directed at a single eye advances the breeding season in mares. *Equine Vet. J.* 46:601–605.
- Murphy BA (2019) Circadian and circannual regulation in the horse: internal timing in an elite athlete. *J. Equine Vet. Sci.* 76:14–24.
- Myčka G, Klecel W, Stefaniuk-Szmukier M, Jaworska J, Musiał AD, Ropka-Molik K (2022) Mitochondrial Whole D-Loop Variability in Polish Draft Horses of Sztumski Subtype. *Animals.* 12:1870.
- Nabe S (2003): Environmental effects (temperature and humidity) on milk production on an Israeli Holstein Friesian population. Szakdolgozat. SZIE-ÁOTK Budapest, pp. 29.
- Nagy P, Guillaume D, Daels P (2000) Seasonality in mares. *Anim. Reprod. Sci.* 60-61:245–262.
- Nagy B, Anton I, Sáfár L, Fésüs L, Zsolnai A (2009) Association between PrP genotypes and selected growth traits of Hungarian Merino and German Mutton Merino rams. *Arch. Tierz.* 52:613–617.
- National Research Council (2001): Nutrient requirements of dairy cattle. Seventh Revised Edition. National Academy Press. Washington, D. C.
- Nolan MB, Walsh CM, Duff N, McCrarren C, Prendergast RL, Murphy BA (2017) Artificially extended photoperiod administered to pre-partum mares via blue light to a single eye: Observations on gestation length, foal birth weight and foal hair coat at birth. *Theriogenology.* 100:126–133.
- Norberg E, Rogers GW, Goodling RC, Cooper JB, Madsen P (2004) Genetic Parameters for Test-Day Electrical Conductivity of Milk for First-Lactation Cows from Random Regression Models. *J. Dairy Sci.* 87(6):1917–1924.
- Norberg E (2005) Electrical conductivity of milk as a phenotypic and genetic indicator of bovine mastitis: A review. *Livest. Prod. Sci.* 96(2-3):129–139.
- O'Brien C, Darcy-Dunne MR, Murphy BA (2020) The effects of extended photoperiod and warmth on hair growth in ponies and horses at different times of year. *PLoS ONE.* 15:e0227115.

- Olcese J, Lozier S, Paradise C (2013) Melatonin and the circadian timing of human parturition. *Reprod. Sci.* 20:168–174.
- Olivieri C, Ermini L, Rizzi E, Corti G, Luciani S, Marota I, De Bellis G, Rollo F (2012) Phylogenetic Position of a Copper Age Sheep (*Ovis aries*) Mitochondrial DNA. *PLoS ONE*. 7(3):e33792.
- Osthaus B, Proops L, Long S, Bell N, Hayday K, Burden F (2018) Hair coat properties of donkeys, mules and horses in a temperate climate. *Equine Vet. J.* 50:339–342.
- Ovid D, Hayes TB, Bentley GE (2018) Melatonin administration methods for research in mammals and birds. *J. Biol. Rhythm.* 33:567–588.
- Pariset L, Mariotti M, Gargani M, Joost S, Negrini R, Perez T, Bruford M, Marsan PA, Valentini A (2011) Genetic Diversity of Sheep Breeds from Albania, Greece, and Italy Assessed by Mitochondrial DNA and Nuclear Polymorphisms (SNPs). *Sci. World J.* 11:1641–1659.
- Pedrosa S, Arranz J, Brito N, Molina A, Primitivo FS, Bayón Y (2007) Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genet. Sel. Evol.* 39:91–103.
- Peltier MR, Robinson G, Sharp DC (1998) Effects of melatonin implants in pony mares. 1. Acute effects. *Theriogenology*. 49:1113–1123.
- Pereira F, Davis SJM, Pereira L, McEvoy B, Bradley DG, Amorim A (2006) Genetic Signatures of a Mediterranean Influence in Iberian Peninsula Sheep Husbandry. *Mol. Biol. Evol.* 23(7):1420–1426.
- Piccione G, Giannetto C, Bertolucci C, Refinetti R (2013) Daily rhythmicity of circulating melatonin is not endogenously generated in the horse. *Biol. Rhythm Res.* 44:143–149.
- Pinheiro J, Bates D, DebRoy S, Sarkar D, the R Development Core Team (2013) nlme: Linear and Nonlinear Mixed Effects Models. R package version. 2011;3(1):111.
- Pirrone A, Antonelli C, Mariella J, Castagnetti MC (2014) Gross placental morphology and foal serum biochemistry as predictors of foal health. *Theriogenology*. 81:1293–1299.
- Priskin K, Szabó K, Tömöry G, Bogácsi-Szabó E, Csányi B, Eördögh R, Downes CS, Raskó I (2010) Mitochondrial sequence variation in ancient horses from the Carpathian Basin and possible modern relatives. *Genetica*. 138:211–218.
- Posta J, Kovács E, Tempfli K, Sáfár L, Gáspárdy A (2019) A kis létszámban átmentett cikta juh származási adatainak értékelése különös tekintettel a családokra. *Magy. Allatorvosok*. 141(3):171–180.
- Prusiner SB (1982) Novel proteinaceous infectious particles cause scrapie. *Science*. 216:136–144.
- Pyörälä S (2003) Indicators of inflammation in the diagnosis of mastitis. *Vet. Res.* 34(5):565–578.
- Rabenau HF (2009) Teil III Spezielle Mikrobiologische Diagnostik, 2 Prionen: 28 Diagnostik prionbedingter Erkrankungen, TSE-Erreger, Übertragungswege bei Tieren. In: Neumeister, B., Geiss, H. K., Braun, R. W. and Kimmig, P. (eds.) *Mikrobiologische Diagnostik – Bakteriologie – Mykologie – Virologie – Parasitologie*. Georg Thieme Verlag, Stuttgart. pp. 635–639.
- Radostits OM (2000) 17.3. Clinical examination of digestive tract and abdomen. In *Veterinary Clinical Examination and Diagnosis* (eds. Radostits, O.M., Mayhew, I.G.J., Houston, D.M.), W.B. Saunders, London, UK. pp. 415–457.
- Rafia P, Tarang A (2016) Sequence Variations of Mitochondrial DNA Displacement-Loop in Iranian Indigenous Sheep Breeds. *Iran. J. Appl. Anim. Sci.* 6(2):363–368.
- Rapacz A, Lewczuk B, Prusik M, Raś A (2010) Diurnal rhythm of plasma melatonin level in mares from spring equinox to summer solstice. *Bull. Vet. Inst. Pulawy*. 54:693–699.
- R Core Team (2013) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, URL <http://www.R-project.org/>
- Reiter RJ, Tan D-X, Manchester LC, Paredes SD, Mayo JC, Sainz RM (2009) Melatonin and reproduction revisited. *Biol. Repr.* 81:445–456.
- Reiter RJ, Rosales-Corral SA, Manchester LC, Tan DX (2013) Peripheral reproductive organ health and melatonin: ready for prime time. *Int. J. Mol. Sci.* 14:7231–7272.

- Risco CA, Drost M, Thatcher WW, Savio J, Thatcher MJ (1994) Effects of calving-related disorders on prostaglandin, calcium, ovarian activity and uterine involution in postpartum dairy cows. *Theriogenology*. 42(1):183–203.
- Roman K, Wyrostek A, Czyż K, Janczak M, Patkowska-Sokoła B (2016) Characterization of the hair coat of the Polish Konik and Hucul pony focusing on the physical features and histological structure of different hair types. *Anim. Sci. Genet.* 12:95–104.
- Rozas J, Ferrer-Mata A, Sánchez-Delbarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins SE, Sánchez-Gracia A (2017) DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. *Mol. Biol. Evol.* 34:3299–3302.
- Russell E, Koren G, Rieder M, Van Uum S (2012) Hair cortisol as a biological marker of chronic stress: Current status, future directions and unanswered questions. *Psychoneuroendocrinology*. 37:589–601.
- Rutten CJ, Velthuis AGJ, Steeneveld W, Hogeveen H (2013) Invited review: Sensors to support health management on dairy farms. *J. Dairy Sci.* 96:1928–1952.
- Sabatini S, Bergerbrant S, Brandt LØ, Margaryan A, Allentoft ME (2019) Approaching sheep herds origins and the emergence of the wool economy in continental Europe during the Bronze Age. *Archaeol. Anthropol. Sci.* 11:4909–4925.
- S.A.E. AFIKIM (2007) AfiMilk – Health Control, <http://www.afimilk.com/SiteFiles/1/83/1052.asp> (hozzáférés: 2008.06.09.)
- Schmidt J (2000) (ed.) *A kérődzők takarmányainak energia- és fehérjeértékelése*. Mezőgazda Kiadó, Budapest, ISBN: 963-9239-52-6
- Schmölcke U, Gross D, Nikulina EA (2018) The history of sheep husbandry in Austria from the Neolithic to the Roman Period. *Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien, Serie A*, 120, 101–126. http://verlag.nhm-wien.ac.at/pdfs/120A_101126_Schmoelcke.pdf (hozzáférés: 2020.11.18.)
- Schuetz CG, Schausberger S, Schrefl M (2018) Building an active semantic data warehouse for precision dairy farming. *J. Organ. Comput. Electron. Commer.* 28:122–141.
- Seibold R (1990) Ein historischer Zufall bewahrt das ungarische Zaupelschaf vor dem Aussterben: letzte Genreserve dieser Rasse im ungarischen Nagydorog. *Unser Land*. 6(2):43–44.
- Shaban SM, Hassan RA, Hassanin AAI, Fathy A, El Nabtiti AAS (2024) Mammary fat globules as a source of mRNA to model alterations in the expression of some milk component genes during lactation in bovines. *BMC Vet. Res.* 20:286.
- Sharma R, Ahlawat S, Sharma H, Sharma P, Panchal P, Arora R, Tania MS (2020) Microsatellite and mitochondrial DNA analyses unveil the genetic structure of native sheep breeds from three major agro-ecological regions of India. *Sci. Rep.* 10:20422.
- Sharp DC, Vernon MW, Zavy MT (1979) Alteration of seasonal reproductive patterns in mares following superior cervical ganglionectomy. *J. Reprod. Fertil. Suppl.* 27:87–93.
- Sharp DC, Grubbaugh WR (1987) Use of push-pull perfusion techniques in studies of gonadotropin-releasing hormone secretion in mares. *J. Reprod. Fertil. Suppl.* 35:289–296.
- Sheldon IM, Lewis GS, LeBlanc S, Gilbert RO (2006) Defining postpartum uterine disease in cattle. *Theriogenology*. 65(8):1516–1530.
- Sipőcz P, Schmidt J, Sipőcz J, Cenkvari É (1999) Use of protected methionine (Mepron M85) in cattle. *Acta Vet. Hung.* 47:409–418.
- StatSoft, Inc. (2003) STATISTICA (data analysis software system), version 6. www.statsoft.com
- StatSoft Inc. (2005) STATISTICA (data analysis software system), version 7.1. <http://www.statsoft.com>
- StatSoft Inc. (2013) STATISTICA (data analysis software system), version 12. www.statsoft.com
- Stenn KS, Paus (2001) Controls of hair follicle cycling. *Physiol. Rev.* 81:449–494.

- Stepanek O, Horin P (2017) Genetic diversity of the prion protein gene (PRNP) coding sequence in Czech sheep and evaluation of the national breeding programme for resistance to scrapie in the Czech Republic. *J. Appl. Genet.* 58:111–121.
- Sturm V, Efrosinin D, Öhlschuster M, Gusterer E, Drillich M, Iwersen M (2020) Combination of Sensor Data and Health Monitoring for Early Detection of Subclinical Ketosis in Dairy Cows. *Sensors*. 20:1484.
- Sulaiman Y, Wu C, Zhao C (2011) Phylogeny of 19 Indigenous Sheep Populations in Northwestern China Inferred from Mitochondrial DNA Control Region. *Asian J. Anim. Vet. Adv.* 6(1):71–79.
- Tajima F (1989) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*. 123:585–595.
- Talpur HS, Chandio IB, Brohi RD, Worku T, Rehman Z, Bhattarai D, Ullah F, Jiajia L, Yang L (2018) Research progress on the role of melatonin and its receptors in animal reproduction: A comprehensive review. *Reprod. Domest. Anim.* 53:831–849.
- Tamura H, Takayama H, Nakamura Y, Reiter RJ, Norihiro Sugino N (2008) Fetal/placental regulation of maternal melatonin in rats. *J. Pineal Res.* 44:335–340.
- Tamura K, Stecher G, Kumar S (2021) MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.* 38:3022–3027.
- Tapio M, Marzanov N, Ozerov M, Činkulov M, Gonzarenko G, Kiselyova T, Murawski M, Viinalass H, Kantanen J (2006) Sheep Mitochondrial DNA Variation in European, Caucasian, and Central Asian Areas. *Mol. Biol. Evol.* 23(9):1776–1783.
- Therdthai N, Zhou W (2001) Artificial neural network modeling of the electrical conductivity property of recombined milk. *J. Food Engineering*. 50(2):107–111.
- TIBCO Software Inc. (2017) Statistica (Data Analysis Software System); Version 13. <http://tibco.com>
- TIBCO Software Inc. (2020) Data Science Workbench, Statistica version 14. <http://tibco.com>
- Tommasoni C, Fiore E, Lisuzzo A, Ganesella M (2023) Mastitis in Dairy Cattle: On-Farm Diagnostics and Future Perspectives. *Animals*. 13(15):2538.
- Tuggle CK, Clarke J, Dekkers JCM, Ertl D, Lawrence-Dill CJ, Lyons E, Murdoch BM, Scott NM, Schnable PS (2022) The Agricultural Genome to Phenome Initiative (AG2PI): creating a shared vision across crop and livestock research communities. *Genome Biol.* 23:3.
- Othman OE, Pariset L, Balabel EA, Mariotti M (2015) Genetic characterization of Egyptian and Italian sheep breeds using mitochondrial DNA. *J. Genet. Eng. Biotechnol.* 13(1):79–86.
- Várhegyi J-né, Várhegyi J (1982) A szarvasmarha táplálóanyag-szükséglete és korszerű takarmányozása. In *Állattenyésztésünk fejlesztésének lehetőségei* (eds. Horn Artúr, Keserű János, Szentmihályi Sándor), Mezőgazdasági Kiadó, Budapest, ISBN: 963-231-456-5, 251–262.
- Viorca C, Vlaic A, Padeanu I, Daraban S, Voia S, Catoi C, Constantinescu R, Vicovan G (2008) The primer extension technique for the polymorphism detection at ovine PRN-P locus. *Scientific Papers: Animal Science and Biotechnologies*. 41:40–44.
- Walsh CM, Prendergast RL, Sheridan JT, Murphy BA (2013) Blue light from light-emitting diodes directed at a single eye elicits a dose-dependent suppression of melatonin in horses. *Vet. J.* 196:231–235.
- Wang B, Zhao F-Q, Zhang B-X, Liu J-X (2016) An insufficient glucose supply causes reduced lactose synthesis in lactating dairy cows fed rice straw instead of alfalfa hay. *J. Anim. Sci.* 94(11):4771–4780.
- Wassmuth R, Hiendleder S, Mendel Ch, Erhardt G (2001) Biochemical polymorphisms and major mtDNA haplotypes in Bergschaf breeds and Waldschaf as contribution to descent of domestic sheep (in German). *J. Anim. Breed. Genet.* 118(5):327–340.
- Welch JG, Smith AM, Gibson KS (1970) Rumination Time in Four Breeds of Dairy Cattle. *J Dairy Sci.* 53(1):89–91.

- Werkheiser I (2018) Precision Livestock Farming and Farmers' Duties to Livestock. *J. Agric. Environ. Ethics*. 31:181–195.
- Wilhelmsen M, Amirian I, Reiter RJ, Rosenberg J, Gönögür I (2011) Analgetic effects of melatonin: a review of current evidence from experimental and clinical studies. *J. Pineal Res.* 51, 270–277.
- Wrangel CG (1895) (ed) Siebenbürgen. In *Ungarns Pferdezucht in Wort und Bild*. Die ungarische Landespferdezucht. Die Privatgestüte, Vierter Band. Verlag von Schickhardt & Ebner: Stuttgart, Deutsches Reich, pp. 242–313.
- Xu X, Arnason U (1994) The complete mitochondrial DNA sequence of the horse, *Equus caballus*: Extensive heteroplasmy of the control region. *Gene*. 148:357–362.
- Yang W, Yu Y, Ritchie RO, Meyers MA (2020) On the Strength of Hair across Species. *Matter*. 2:136–149.

Köszönetnyilvánítás

MTA doktori értekezésem elkészítésében nyújtott kutatói háttér biztosításáért köszönetet mondok munkahelyem, az Állatorvostudományi Egyetem vezetőinek, munkatársainak, így elsősorban Sótonyi Péter rektor úrnak és a korábbi közvetlen munkahelyi feletteseimnek. Közülük kiemelten a már közülünk eltávozott Bozó Sándornak és Bodó Imrének, akiktől az értekezésem témáit is érintő nagyüzemi szarvasmarhatenyésztés, illetőleg a történelmi állatfajták megőrzése szakmai ismereteit szereztem meg. És természetesen munkatársaimnak, akikkel együttműködve folytattam le vizsgálataimat.

Szeretném köszönetemet kifejezni annak a két tenyésztő egyesületnek, amelyek szervezésében valósíthattam meg vizsgálataimat. A Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség és a Székely Lovat Tenyésztők Egyesülete munkatársai, közülük név szerint Sáfár László és ifj. Bodó Imre bocsátották rendelkezésemre a szükséges alap adatokat. A külföldi együttműködés kapcsán Gal Wisenek és Alex Dovnak, az S.A.E. Afikim szakembereinek, Rik Van Der Tolnak és Arjen Van Der Kampnak, a Lely Industries szakembereinek, akik segítettek a megfelelő tehenészetek kiválasztásában és a tanulmányokhoz szükséges adatokat leválogatásában.

Továbbá, hálámat fejezem ki az állattartó üzemekben dolgozó hazai és külföldi kollégáknak és az állattartó gazdáknak a segítségnyújtásért, akik rendelkezésemre álltak és mindent megtettek annak érdekében, hogy az értékeléseket elvégezhessek. Az izraeli vizsgálatok megvalósulásában a Jonatan moshav és a Beit-Hashita kibuc dolgozóinak, valamint David Perinek (Moshav Gilat), Yaqov Korenek (Moshav HaYogev) és Erez Slawnak (Moshav Nitzanei Oz) is, akik készek voltak megosztani a gazdasággal kapcsolatos információikat. Köszönettel tartozom az ausztriai, szlovéniai és írországi együttműködésért Beate Bergernek (ÖNGENE - Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven landwirtschaftlicher Nutztiere), Jelka Zabavnik-Pianonak (Veterinarska Fakulteta Univerza v Ljubljani) és Barbara Murphynek (School of Agriculture and Food Science at University College Dublin).

Nem utolsó sorban köszönöm a magyar- és idegen nyelvű képzésében résztvevő szakdolgozatos hallgatóimnak, akik azon túl, hogy bizalommal felkerestek szorgalmasan járultak a háromoldalú kutatások pilléreinek építéséhez, és egyúttal a későbbi közlemények társszerzőivé váltak.

Vizsgálataimat pályázati források is biztosították. Megköszönöm az Európai Mezőgazdasági Vidékfejlesztési Alapnak (EMVA) és a Vidékfejlesztési Minisztériumnak (VM) a 17/2012. (II.29.) VM rendelet (ÚMVP 214.C intézkedés) 8. § „Tájékoztatás és ismeretterjesztés célprogramjában” szerint „Genetikai erőforrások megőrzése intézkedés keretében a védett őshonos és veszélyeztetett mezőgazdasági állatfajták megőrzésére beadott pályázatunk elfogadását (azonosító 2081807051, 2013-2017). Az Emberi Erőforrások Minisztériumának (EMMI) az általuk biztosított „Kutató Kar” minősítéssel járó támogatásait (KK-UK - kutatásfejlesztés „Génrezerv állományok korszerű fenntartását megalapozó populációgenetikai kutatások”, 2014 és 3.6.3-VH-2_PO/12740-1/2019). Az Európai Unió támogatását, és az Európai Regionális Fejlesztési Alap (ERFA) társfinanszírozását (VEKOP-2.3.2.-16-2016-00012, „A Kárpát-medencei őshonos haszonállatfajok, -fajták és -ökotípusok XXI. századi génbanki stratégiájának tudományos megalapozása és fejlesztése”). Valamint a tudományos utánpótlás erősítése céljával nyújtott támogatásért az Európai Uniónak és az Európai Szociális Alapnak (ESZA) (AZ EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00005).

