



GENETIKA A METÁNCSSÖKKENTÉS SZOLGÁLATÁBAN V.

EGÉSZSÉGESEBB, TERMÉKENYEBB, HOSSZABB ÉLETŰ TEHENEK – ZÖLDEBB TERMELÉS II.

**Szakértő
munkatársunk írása**
Állattenyésztési
Teljesítményvizsgáló Kft.

Cikkünk első részében néhány nemzetközi összetett tenyésztéskorrelációs szerkezetét és súlyozási elveit tárgyaltuk, rámutatva, hogy a korszerű tenyésztési programokban a termelési és a küllemi jellemzők mellett egyre hangsúlyosabb szerepet kapnak a funkcionális tulajdonságok – például a takarmányértékesítés hatékonysága, a fertilitás vagy a hasznos élettartam – is. Ebben a részben a fertilitási jellemzők genetikai hátterét tekintjük át, különös figyelmet fordítva a hagyományos, időtartamban

mérhető mutatókra, valamint az újabb, vemhesülési valószínűségeken alapuló megközelítésekre.

A reprodukciós képességek tenyésztéssel történő fejlesztése nemcsak a laktációk számának növelését és a kumulatív életteljesítmény fokozását szolgálja, hanem közvetett és tartós módon hozzájárul az enterális metán- (CH_4 -) kibocsátás mérsékléséhez is – javítva ezáltal a tejtermelés gazdaságosságát és környezeti fenntarthatóságát.

CH_4 -mérséklés a fertilitás genetikai javításával

A fertilitás a tejhasznú szarvasmarha-tenyésztés egyik meghatározó, több mutatóval jellemezhető, összetett tulajdonsága. Javulásával csökken az üres napok száma (days open, DO) és a két ellés közötti idő (calving interval, CI), ami alacsonyabb selejtezési és üszőbeállítási igényt, hosszabb hasznos élettartamot, valamint nagyobb életteljesítményt eredményez. Mindezek révén pedig az állatok enterális CH_4 -intenzitása is mérséklődik. (Itt és a továbbiakban CH_4 -intenzitáson egy adott periódusra számított, fajlagos

mutatót értünk: a teljes enterális CH_4 -kibocsátás [kg] osztva az ugyanezen időszakban termelt FPCM [fat and protein corrected milk – zsír- és fehérjekorrigált tejmenyiség; kg] értékével. Ha másként nem jelezzük, ez éves – gördülő 12 hónapos – vagy laktációs átlag.)

A XX. század második felében a tejhasznú szarvasmarha-populációk szelekciós programjai elsősorban a tejhozam növelésére koncentráltak, ami kedvezőtlenül hatott a fertilitás alakulására. Ezt



számos ország hosszú távú adatai is alátámasztják. Az Egyesült Államokban például 1975 és 1997 között az első termékenyítésre jutó vemhesülési arány fenotípusos szinten – azaz a környezeti és genetikai hatások együttes eredményeként – éves átlagban 0,45 százalékponttal csökkent (Butler és Smith, 1989; Beam és Butler, 1998). Az Egyesült Királyságban ugyanezen időszak alatt (1975–1998) ennél is nagyobb mértékű, évi mintegy 1 százalékpontos visszaesést tapasztaltak (Royal és mtsai., 1999). Finnországban az 1980–1998-as években született holstein-fríz bikák lányivadékainál a DO genetikai trendje +0,45 nap/év volt, ami szintén kedvezőtlen irányú elmozdulást jelez (Lucy, 2001). E negatív tendenciákat később sikerült megállítani és részben visszafordítani azáltal, hogy a fertilitás nagyobb súlyt kapott a nemzeti összetett tenyészértéindexekben.

A szaporodásbiológiai jellemzők és a tejtermelés között – a tápanyag- és energiaallokációs konfliktus következtében – populációsztin kedvezőtlen genetikai kapcsolat áll fenn, amit számos kutatás támaszt alá. Néhány példa a jellemző genetikai korrelációs értéktartományokra: r_g (vemhesülési arány, tejhozam) $\approx -0,4 - -0,2$ (Chafai és mtsai., 2024; Pryce és mtsai., 2004), r_g (két ellés közötti idő [CI], tejhozam) $\approx +0,2 - +0,6$ (Pryce és mtsai., 2000; Veerkamp és mtsai., 2001; Bastin és mtsai., 1995), r_g (üres napok száma [DO], tejhozam) $\approx +0,1 - +0,4$ (Chafai és mtsai., 2024; Bastin és mtsai., 2012; VanRaden és mtsai., 2004), r_g (elléstől az első termékenyítésig eltelt napok száma [DFS], tejhozam) $\approx +0,3 - +0,5$ (Sun és mtsai., 2010; Windig és mtsai., 2006; Pryce és mtsai., 2004). Ezek az adatok arra utalnak, hogy a nagyobb tejtermelési potenciállal rendelkező egyedek esetében populációsztin alacsonyabb a vemhesülési arány (negatív genetikai kapcsolat), megnő az üres napok száma, valamint hosszabb az ellések közötti, illetve az ellésektől az első termékenyítésig eltelt idő (pozitív genetikai kapcsolat). Következésképp, ha a szelekció kizárólag a tejhozam növelésére irányul, és a szaporodásbiológiai jellemzőkre nem gyakorlunk közvetlen szelekciós nyomást, az hosszabb távon a fertilitás genetikai romlását eredményezheti.

Fontos azonban hangsúlyozni, hogy ezek az összefüggések a tulajdonságok öröklött együttjárását tükrözik, nem pedig közvetlen ok-okozati viszonyokat. Ráadásul a fertilitási jellemzők öröklődhetősége alacsony, ezért a fenotípusos megjelenésüket

nagymértékben befolyásolják a tartási, takarmányozási és egyéb menedzsmentfeltételek. A genetikai háttérből fakadó kedvezőtlen hatások így többnyire csak akkor válnak nyilvánvalóvá, ha ezek a feltételek nem kielégítőek.

Lényeges továbbá kiemelni, hogy a nagy és hosszan tartó tejtermelés, valamint a fertilitás közötti genetikai antagonizmus nem minden egyed esetében mutatkozik meg fenotípusosan; az említett korrelációk statisztikai jellegűek, és elsősorban populációsztin mutathatók ki. A genetikai korrelációk mértéke egyébként sem jelent automatikusan kölcsönös, irányfüggetlen hatást: míg a tejhozam növelését célzó szelekció gyakran kedvezőtlenül befolyásolja a fertilitást, addig a fertilitás javítása nem feltétlenül jár együtt a tejtermelés csökkenésével.

Mindazonáltal a genomikai szelekció ma már lehetőséget ad olyan tenyészállatok kiválasztására és célzott párosítására, amelyek egyszerre öröklítik a nagy termelési potenciált és a kedvező szaporodásbiológiai tulajdonságokat. A korszerű tartástechnológia és a megfelelő takarmányozás pedig elősegítik, hogy ezek az örökletes előnyök a fenotípusos teljesítményekben is érvényre jussanak.

Az itt felsorolt tényezők együttes hatására például a jobb vemhesülési arány és a rövidebb CI nem fogja vissza a tejhozamot, hanem épp ellenkezőleg: hosszabb produktív élettartamot, több laktációs ciklust és összességében nagyobb életteljesítményt eredményezhet. Mindez csökkenti az utánpótlási igényt, és hozzájárul az enterális CH_4 -intenzitás mérsékléséhez is.



A hagyományosan alkalmazott fertilitási mutatók közül itt csak a következőket emeljük ki: ellés és első termékenyítés közötti idő (days to first service, DFS), üres napok száma (days open, DO), szervizperiódus (service period, SP), valamint két ellés közötti idő (calving interval, CI). E jellemzők értéke nagymértékben függ a telepi gyakorlatoktól, például az ivarzásmegfigyelés hatékonyságától és a termékenyítések időzítésétől. Közös sajátosságuk, hogy csak utólag, a termékenyítés, a vemhesülés igazolása vagy a következő ellés bekövetkezése után számíthatók ki, általában országos tenyésztési adatbázisok segítségével.

Mind a négy mutató ugyanazon reprodukciós folyamat különböző aspektusait ragadja meg, ezért erősen korrelálnak egymással. Bár nem állnak közvetlen kapcsolatban az enterális CH₄-kibocsátással, élettani és termelési hatásaikon keresztül mégis számottevően befolyásolják a fajlagos (éves vagy laktációs) CH₄/FPCM-értéket. Rövidebb DO-, SP- vagy CI-értékek esetén ugyanis nő a tehenek életük során teljesített laktációinak száma, csökken a létfenntartási energiaigénnyel és bendőfermentációval járó, ám nem termelő időszakok aránya – beleértve mind az üszőnevelés, mind a két ellés közötti szárazonállás időszakát –, valamint lerövidül a laktációvégi, alacsonyabb tejhozamú szakaszok időtartama.



A **DFS** – vagyis az ellés és az első termékenyítés közötti idő – közvetett módon jelzi az ellés utáni anatómiai és élettani regeneráció ütemét. Meghosszabbodása gyakran utal a petefészkek ciklus késedelmes újraindulására és/vagy a méhinvolúció elhúzódására. Emellett nagyban befolyásolják a reprodukciós menedzsment elemei is, például az ivarzásmegfigyelés hatékonysága és a termékenyítési eljárások

következetessége. A DFS növekedésének gyakori okai közé tartozik a szubklinikai metritis (méhgyulladás), a negatív energiamérleg, valamint a testkondíció jelentős csökkenése (Lucy, 2001; Royal és mtsai., 2002).

Genetikai szempontból a DFS mérsékelt, de következetesen negatív genetikai korrelációt mutat a DPR-rel (daughter pregnancy rate – bikák lányivadékainak vemhesülési aránya) és a CCR-rel (cow conception rate – tehenek vemhesülési aránya): $r_g \approx -0,5 - -0,3$. Tehát a rövidebb DFS jellemzően kedvezőbb DPR- és CCR-értékekkel társul. (E két tulajdonság ismertetésére a továbbiakban térünk ki.)

A gyorsabb ellés utáni ivarzás-visszatérés elősegíti a korábbi első termékenyítést, lerövidítve ezzel a nem vemhes időszakot, és hozzájárulva a két ellés közötti idő (CI) csökkenéséhez. Mindezek pedig hozzájárulnak a tehenek élettéljesítményének növekedéséhez, a selejtezési és állománypótlási igények csökkenéséhez, valamint közvetve az enterális CH₄-intenzitás mérsékléséhez.

A **DO** az elléstől az újravemhesülésig eltelt időt jelenti, míg az **SP** az első termékenyítés és a vemhesülés, azaz az utolsó (sikeres) termékenyítés közötti időtartamot írja le. A kettő tehát nem azonos: általános esetben $DO = DFS + SP$ (amennyiben a tehenet mesterségesen termékenyítjük). A gyakorlatban azonban előfordul, hogy e két paramétert lazábban, „közel szinonimaként” használják, holott értékük – különösen hosszabb DFS esetén – akár több héttel is eltérhet.

A DO és az SP meghosszabbodásának hátterében jellemzően nem megfelelő telepi gyakorlat és egészségi problémák állnak, például a termékenyítések nem megfelelő időzítése, metritis/endometritis (méhnyálkahártya-gyulladás), petefészkek ciszták, illetve tartós negatív energiamérleg (Berry és mtsai., 2014). A DO elhúzódásával nagyobb lesz a laktáció kései, alacsonyabb napi tejhozamú szakaszának aránya, miközben a létfenntartási energiaigény és a bendőfermentáció változatlanul fennáll. Ennek következtében nő az egységnyi tejre jutó CH₄-kibocsátás. Gaddis (2022) becslése szerint minden 10 napos DO-növekedés kb. 1-1,5%-os CH₄/FPCM-emelkedéssel jár együtt.



A DO és az SP öröklődhetősége alacsony ($h^2 \approx 0,03-0,05$; Pryce és Veerkamp, 2001; Berry és mtsai., 2014), ami arra utal, hogy a varianciájukat döntően a menedzsment és az állatok egészségi állapota határozza meg. Ugyanakkor a DPR- és CCR-alapú szelekció – a vemhesülési arányok javításán keresztül – közvetetten hozzájárulhat mindkét mutató értékének csökkenéséhez.



A CI (két ellés közötti idő) a tehenek teljes reprodukciós ciklusának hossza, tehát az egyik elléstől a következőig tartó időszak. Üzemi és állományszinten jellemző célértéke ~400 nap. A 14 hónapot meghaladó CI már többnyire termelés kieséssel és fokozott CH_4 -intenzitással jár együtt, mivel a nem vemhes napok

arányának növekedése (elhúzódó DO és SP) módosítja a laktáció lefutását: a ciklus nagyobb része tolodik el a kései, alacsonyabb napi tejhozammal jellemezhető szakasz irányába.

Ez alól kivételt képeznek azok az esetek, amikor az ellés és a tranzíciós időszak stresszhatásainak csökkentése érdekében, tudatosan alkalmazott, hosszított laktációs stratégia révén nagyobb CI-t engednek meg – jellemzően nagy tejtermelésű és kiváló perzisztenciájú egyedeknél. Ilyenkor a CH_4 -intenzitásra gyakorolt hatás semleges vagy mérsékelt lehet, különösen akkor, ha a perzisztencia valóban magas, és a szárazonállási időszak hossza is optimálisan szabályozott.

Genetikai szempontból a CI erősen és pozitívan korrelál a DO-val és az SP-vel ($r_g \approx 0,6-0,8$), míg negatív genetikai kapcsolatban áll a DPR-rel ($r_g \approx -0,6 - -0,8$; Pryce & Veerkamp, 2001). Öröklődhetősége alacsony ($h^2 = 0,04-0,06$; Kadarmideen és mtsai., 2000; Berry és mtsai., 2014), így közvetlen genetikai javítása korlátozott. A DPR vagy a CCR célzott javítása ugyanakkor közvetetten a CI csökkenését is elősegítheti, ami a CH_4 -intenzitás tartós mérséklődését és nagyobb életteljesítményt eredményezhet.

A genomika szerepe a fertilitás javításában

Mivel – mint azt az előzőekben bemutatottuk – a fertilitási tulajdonságok öröklődhetősége alacsony, a kizárólag hagyományos, pedigrére és saját teljesítményekre (fenotípusra) épülő tenyésztértékbecslés alkalmazásával (például BLUP [best linear unbiased prediction – legjobb lineáris torzítatlan becslés], egyedmodell) csak lassú és kevésbé hatékony genetikai előrehaladás érhető el. A fertilitás ún. poligén tulajdonság: nem néhány nagy hatású gén, hanem számos, a genomban szétszórtan elhelyezkedő génrégió (lókus) vagy gén együttes hatása alakítja. A lókuszok a kromoszómák azon szakaszai, ahol gének, génrészek vagy genetikai markerek (például SNP-k [single nucleotide polymorphisms – egy pontos nukleotidpolimorfizmusok]) találhatóak. Az egyes SNP-k önmagukban csak nagyon kis mértékben befolyásolják a fenotípust, de nagy számban, kumulatív módon hozzájárulnak a fertilitás genetikai varianciájához. Ennek megfelelően a fertilitás genetikai hátterének feltárása nem egyedi markerek, hanem a teljes genom modellalapú értékelésén alapul (Pryce és mtsai., 2010; Berry és mtsai., 2014; Liu és mtsai., 2017).



A genomikai tenyésztértékbecslés a 2010-es évektől kezdve vált kulcsfontosságú eszközzé a fertilitás genetikai javításában. Hatékonyságát elsősorban a nagyméretű referenciapopulációk (száz ezres-millió nagyságrendű genomadatbázisok), valamint a fiatal, saját teljesítménnyel még nem rendelkező, genotipizált egyedek genomikai tenyésztértékének meghatározása biztosítja. A sok, kis hatású lókusz együttes figyelembevételével a genomikai modellek a hagyományos megközelítésnél megbízhatóbban becsülik meg az egyedek genetikai értékét, ami növeli



a szelekciós válasz pontosságát. Mindezek révén a generációs intervallum jelentősen lerövidíthető, és a genetikai előrehaladás üteme felgyorsítható.

A tenyésztértékeket ma leggyakrabban egylépcsős GBLUP-modellekkel határozzák meg, amelyek közös statisztikai keretben egyesítik a pedigré-, fenotípusos és genomikai információkat. A modern rendszerek már integrálják a telepi szintű megfigyelésekből – aktivitásmérőkből, ivarzásérzékelőkből, állatorvosi nyilvántartásokból stb. – származó adatokat is, amelyek tovább növelik a becslések pontosságát és a szelekciós döntések megbízhatóságát.

A gyakorlati szelekció során a különböző fertilitási tulajdonságok többnyire nem önállóan, hanem az összetett tenyésztértékek súlyozott komponenseiként jelennek meg. Ilyen kompozit index például az előző lapszámban bemutatott amerikai NM\$ (net merit index – nettó gazdasági haszonindex), a kanadai LPI (lifetime performance index – összetett életteljesítmény-index) és a skandináv országok NTM-je (Nordic total merit – északi összesített tenyésztértékek), melyek fertilitási elemei közül a legelterjedtebbeket a következőkben ismertetjük.



• **CCR (cow conception rate – tehenek vemhesülési aránya):** a laktáló tehenek inszeminálásonkénti vemhesülési arányát fejezi ki, melyet statisztikai modellek segítségével, a vemhesülési valószínűségekből becsülnek. A +1 CCR-érték azt jelzi, hogy az adott bika lányivadékai átlagosan 1 százalékponttal nagyobb arányban vemhesülnek egy-egy mesterséges termékenyítés során, mint a 0 CCR-értékű bikák lányivadékai.

• **DPR (daughter pregnancy rate – bikák lányivadékainak vemhesülési aránya):** az üszők és tehenek 21 napos ivarzási ciklusonkénti vemhesülési

arányát írja le, amelyet szintén a vemhesülés bekövetkezésének statisztikai valószínűségéből származtatnak. +1 DPR-érték esetében az adott bika lányivadékai (üszők és tehenek) átlagosan 1 százalékponttal nagyobb arányban vemhesülnek minden 21 napos ciklusban a 0 DPR-értékű bikák lányivadékaihoz képest. A DPR és a DO genetikailag csaknem ekvivalens információt hordoz (ellentétes előjellel); empirikus becslések szerint (CDCB/USDA, 2005) $+1\% \text{ DPR} \approx -4 \text{ DO}$, azaz a +1 DPR-rel jobb bikák lányivadékai átlagosan 4 nappal korábban vemhesülnek.

Bár a CCR és a DPR genetikailag erősen korrelálnak ($r_g \approx 0,7-0,8$; VanRaden és mtsai., 2004; Cole és mtsai., 2021), ugyanazt a reprodukciós folyamatot különböző aspektusokból jellemzik. A CCR az inszemináláshoz kötött sikerességet ragadja meg, ezért érzékenyebb a tehenek aktuális fiziológiai állapotára (energia-egyensúly, hormonális működés, petefészkek-aktivitás, méhregeneráció), különösen a laktáció korai, negatív energiamérleggel jellemezhető szakaszában (amelyet a nem észterifikált zsírsavak [NEFA] és a β -hidroxibutirát [BHBA] emelkedett szintje jelez). Ezzel szemben a DPR a ciklusonkénti reprodukciós hatékonyságot tükrözi; ezért a biológiai tényezők mellett markánsan hat rá az ivarzásmegfigyelés és a termékenyítés menedzsmentje (időzítés, protokoll, detektálási pontosság) is. A tartósan negatív energiamérleg kedvezőtlenül befolyásolhatja a hipotalamusz-hipofízis-ovárium tengely működését (például a luteinizáló hormon [LH] és a follikulus-stimuláló hormon [FSH] aránya eltolódhat), ami meghosszabbítja az SP-t, és rontja a vemhesülési arányt, különösen a CCR-t.



• **HCR (heifer conception rate – üszők vemhesülési aránya):** az üszők inszeminálásonkénti vemhesülési arányát fejezi ki, amelyet – a CCR-hez és a DPR-hez hasonlóan – a vemhesülés valószínűségét leíró statisztikai modellek segítségével becsülnek. A +1 HCR-



érték azt jelzi, hogy az adott bika üszőkorú lányivadékai átlagosan 1 százalékponttal nagyobb arányban vemhesülnek egy-egy inszeminálás során, mint a 0 HCR-értékű bikák hasonló lányivadékai.

A CCR, DPR és HCR egyaránt bináris kimenetelű (vemhesült/nem vemhesült), jól modellezhető fertilitási jellemzők, amelyek statisztikailag a vemhesülés valószínűségén alapulnak. A becslésükhöz alkalmazott logisztikus vagy kevert modellek lehetővé teszik a genetikai és környezeti (menedzsment-) hatások elkülönítését, így pontosabban írják le a reprodukciós teljesítményben megfigyelhető egyedi különbségeket, mint a hagyományos, lineáris megközelítések. Skálájuk százalékpontos, a referenciaérték 0. E tulajdonságok genomikai tenyésztéskéi már korai életszakaszban is elérhetők, és könnyebben összevethetők különböző populációk és időszakok között.

Mindhárom jellemző javulása a reprodukciós teljesítmény növekedését tükrözi, amely rövidebb SP-vel, kisebb DO-val, alacsonyabb termékenyítési és takarmányozási költségekkel, valamint nagyobb éves és életciklushozammal jár együtt. E folyamatok összességükben javítják a tejtermelés gazdaságosságát, növelik a tehenek hasznos élettartamát, és közvetve mérséklik az egységnyi termelt tejre jutó enterális CH_4 -kibocsátást.

A HCR különösen az üszők tenyésztésbe állítását követő reprodukciós időszakot befolyásolja: magasabb értéke gyorsabb vemhesülést és korábbi első ellést eredményez, ami a generációs intervallum csökkenésén keresztül felgyorsítja a genetikai előrehaladást.



• **AFC/EFC (age at / early first calving – első elléskori életkor / korai első ellés):** ezek az üszők ellésének időpontját leíró jellemzők fontos kiegészítői a HCR-

nek. Némely összetett tenyésztéskindexekben önálló komponensként, másokban viszont csak közvetetten, például a HCR-rel összekapcsolva szerepelnek. A korai első ellés rövidebb felnevelési időt, alacsonyabb üszőnevelési költséget és kisebb „termelés nélküli” CH_4 -kibocsátást eredményez. Ugyanakkor – ha nem megfelelő az üszők testmérete vagy kondíciója – a túl korai tenyésztésbe állítás fokozhatja a nehézellés, a peripartális komplikációk (magzatburok-visszamaradás, metritis/endometritis) és az anyagcserezavarok (például szubklinikai/klinikai ketózis) kockázatát, melyek kedvezőtlen hatást gyakorolnak az első laktációs termelésre és a későbbi reprodukciós eredményekre.



A cél tehát az optimális egyensúly megtalálása a fiziológiai érettség és a korai termelésbe állítás között, ami lehetővé teszi a generációs intervallum csökkenését, de nem rontja az állatok hosszú távú termelési vagy reprodukciós potenciálját. Ezáltal javul a teljes életciklusra vetített termelési hatékonyság, és mérséklődik a CH_4 -intenzitás.

Mint korábban említettük, a fertilitási tulajdonságok öröklődhetősége alacsony, ezért a megfigyelt variancia jelentős részben környezeti és menedzsmenttényezőkre vezethető vissza. Az itt ismertetett tulajdonságok öröklődhetősége jellemzően a következő tartományokban mozog: DPR $h^2 = 0,03-0,05$; CCR $h^2 = 0,02-0,04$; HCR $h^2 = 0,02-0,04$; AFC/EFC $h^2 = 0,05-0,15$ (VanRaden és mtsai., 2004; Berry és mtsai., 2014; Cole és mtsai., 2010, 2021; Tiezzi és mtsai., 2013; CDCB 2025).



A fertilitási tulajdonságok és az enterális CH₄-kibocsátás közötti genetikai korrelációk általában gyengék. Például az ellés és az első termékenyítés közötti idő (DFS) esetén $r_g = +0,17 (\pm 0,13)$, míg az inszeminálások számánál $r_g = +0,07 (\pm 0,17; \text{IgeZetouni és mtsai., 2018})$. Mivel a szakirodalmi korrelációs becslések e jellemzők esetében többnyire nem bizonyultak statisztikailag szignifikánsnak, a fertilitás genetikai javítása várhatóan nem idéz elő számottevő, kedvezőtlen irányú elmozdulást az egyedek napi CH₄-termelésében.



Állományszinten ugyanakkor a fertilitás javulása több, egymást erősítő mechanizmuson keresztül is hozzájárulhat a fajlagos CH₄-emisszió (CH₄/FPCM) mérsékléséhez:

- **jobb reprodukciós teljesítmény → kevesebb üres nap (rövidebb szervizperiódus) → több lezárt laktáció és nagyobb kumulatív életteljesítmény → alacsonyabb CH₄-intenzitás;** holstein-fríz állományokban a DPR és a hasznos élettartam között közepes erősségű, pozitív genetikai együttjárás mutatható ki ($r_g \approx 0,4-0,5$; VanRaden és mtsai., 2004; CDCB, 2020), ami arra utal, hogy a jobb fertilitású tehenek nagyobb eséllyel maradnak hosszabb ideig termelésben. Egy iparági becslés szerint (Gaddis, 2022) az állomány átlagos vemhesülési rátájának 19-ről 25%-ra történő növelése akár 10%-kal is mérsékelheti a telep teljes CH₄-kibocsátását;
- **kevesebb selejtezés → kisebb üszőbeállítási igény → a laktáló tehenek kedvezőbb állományon belüli aránya → azonos tejhozam kevesebb egyeddel → alacsonyabb telepszintű CH₄/FPCM-érték;**
- **genomikai szelekció → rövidebb generációs intervallum → nagyobb és gyorsabb genetikai előrehaladás a kapcsolódó funkcionális tulajdonságokban és – ahol rendelkezésre**

állnak – **a tejminták MIR- (középinfravörös) spektrumából becsült CH₄-fenotípusok bevonása a szelekcióba → lehetőség a CH₄-intenzitás közvetlen szelekciós csökkentésére;**

- **kiegyensúlyozottabb laktációs ciklus → kisebb energia- és anyagcsere-veszteség → alacsonyabb CH₄/FPCM-érték.**

E tényezők összeadódó hatása hosszabb hasznos élettartamot, magasabb átlagos laktációs számot és kisebb szénlábnyomot eredményez. Ezzel szemben a fertilitási problémákkal küzdő tehenek esetében az egységnyi termelt tejre jutó, hasznos élettartam alatti CO₂e- (szén-dioxid-egyenérték-) kibocsátás akár 16%-kal is nagyobb lehet, mint az egészséges, problémamentes egyedeknél (Džermeikaitė és mtsai., 2024).

A fertilitás genetikai javítása továbbá összefügg több, reprodukciót és anyagcserét érintő kórkép (például metritis/endometritis, petefészekciszták, visszamaradt magzatburok, oltógyomor-áthelyeződés) ritkább előfordulásával; a tejláz esetében azonban az összefüggés inkább gyenge vagy inkonzisztens. A kapcsolatok hátterében részben közös genetikai és élettani tényezők állnak (negatív energiamérlegre való hajlam, immunválaszok, a hormonális szabályozás sajátosságai), valamint az a tény, hogy több országban az összetett tenyésztéskindexekben az egészség- és fertilitási tulajdonságok együttes szelekciós súlyt kapnak. Következésképp a fertilitás javítása egyes egészségjellemzőkben kedvező korrelált válaszokat eredményezhet, miközben az oksági viszonyok nem egyirányúak, és a menedzsment-/takarmányozási tényezők továbbra is meghatározóak maradnak.



A felhasznált források listáját a cikk terjedelmi korlátai miatt nem közöljük, az a szerkesztőségben érhető el.

