



GENETIKA A METÁNCSÖKKENTÉS SZOLGÁLATÁBAN V.

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

**Szakértő
munkatársunk írása**
Állattenyésztési
Teljesítményvizsgáló Kft.

A tejhasznú szarvasmarha-állományok egységnyi termelt tejre vetített enterális metán- (CH_4 -) kibocsátását nem kizárólag a bendőben képződő CH_4 mennyisége határozza meg: az állatok egészségi állapota és hasznos élettartamuk alakulása is érdemben befolyásolja.

A láb- és lábvégbetegségek – különösen a sántasággal járó kórképek – telepi szinten jelentős egészségügyi, jólléti és gazdasági terhet jelentenek, mivel fájdalmat és komfortérzet-csökkenést okoznak, rontják a takar-

mányfelvételt és a termelési teljesítményt, kedvezőtlenül hatnak a fertilitásra, valamint növelik a korai selejtezés kockázatát. A termelésben töltött idő meghosszabbítása ezért világszerte kiemelt tenyésztési cél, amely egyszerre javíthatja a gazdaságosságot és támogatja a fenntarthatóságot.

Mindezek tükrében jelen írásunkban azt tekintjük át, hogy miként kapcsolható össze a lábegészség és a hasznos élettartam genetikai javítása az enterális CH_4 -kibocsátás mérséklésével.

Amikor „nem jól jár” a tehén...

A láb- és lábvégbetegségek – így például a dermatitis digitalis (digitális bőrgyulladás, Mortellaro-betegség; a továbbiakban DD), a laminitis (csülökírgyulladás), a fehérvonal-betegségek (FB), a talpfekély (TF), valamint a hyperplasia interdigitalis (ujjak közötti szövetszaporulat, „vadhús”) – a tejhasznú szarvasmarhatartás kiemelt egészségügyi kihívásai közé tartoznak. Nagy létszámú, intenzív tartású, magas termelési szintű állományokban az előfordulásuk jellemzően gyakoribb; kedvezőtlen tartási feltételek

mellett pedig a lefolyásuk súlyosabb lehet. E rendellenességek legjellemzőbb megnyilvánulása a sántaság: a teheneknél észlelt sántasági esetek mintegy 90%-a valamilyen lábvéglváltozáshoz köthető (Murray és mtsai., 1996; Somers és O’Grady, 2015). Az említett kórképek rendszerint fájdalommal járnak, továbbá kedvezőtlenül befolyásolják az állatok szárazanyag-felvételét és tejhozamát, ami közvetve növeli a korai selejtezés kockázatát, lerövidítve ezáltal a hasznos élettartamot.



A láb- és lábvégproblémákra való hajlam poligénes háttérű, vagyis számos, egyenként kis hatású genetikai variáns együttesen alakítja. Öröklődhetősége jellemzően alacsony ($h^2 \approx 0,01-0,10$), és a klinikai sántaságé is hasonló nagyságrendű ($h^2 \approx 0,02-0,10$; Heringstad és mtsai., 2018). Egyes elváltozások esetében ugyanakkor ennél magasabb öröklődhetőséget becsültek (például TF $h^2 \approx 0,29-0,35$; Li és mtsai., 2023). A fertőző és nem fertőző léziók súlyozott összegzésén alapuló, összetett lábegészségindex (hoof health index, HHI) h^2 -értéke holstein-fríz populációkban megközelítőleg 0,10 (Malchiodi és mtsai., 2017; Ring és mtsai., 2018).



Forrás: Dairy Global

A hagyományos tenyésztéértékcslésre (pedigré- és sajátjeljesítmény-információkra) épülő programokban a láb- és lábvégproblémák (sántaság) genetikai viaszaszorításához megbízható egészségfenotípusokra és kórképspecifikus, időbélyegzett egészségügyi adatokra van szükség. Ilyenek többek között a sántasági pontszámok, a csülök- és lábvégegváltozások (léziók) részletes leírásai, a kóresemények kezdetére, időtartamára és súlyosságára vonatkozó információk, valamint a csülökápolási jegyzőkönyvek/dokumentációk. A funkcionális küllemi jelegek (például a körömszög, a lábállás vagy a mozgáské) pusztá rögzítése önmagában nem elegendő, mivel a küllemi bírálati pontszámok a sántasági eseményekkel többnyire csak gyenge korrelációt mutatnak; ugyanakkor hasznos kiegészítő alapadatot jelentenek a tenyésztéértékcslés számára.

Számos országban már elérhetők lábvégegváltozásokra vonatkozó genomikai tenyésztéértékek, illetve az ezek súlyozásával összeállított, összetett indexek, amelyek a saját betegségeseményekkel még nem rendelkező, fiatal egyedek esetében is kellő pontossággal becsülhetők. A genomikai modellek jellemzően nagyobb megbízhatóságot nyújtanak,

mint a hagyományos megközelítések. A szelekció hatékonyságát tovább növelhetik a szenzoros mozgásmoitorozó rendszerek (például CowView, CattleEye), mivel ezek objektív adatokat szolgáltatnak az állatok testtartására, viselkedésére, mozgásképe, illetve mozgásintenzitására vonatkozóan, és már a klinikai tünetek megjelenése előtt jelezhetik a végtagproblémák kialakulását.



Forrás: Oertly, D. (Új-Zéland), Vis, K. (<https://diamondhoofcare.com>)

A teljes genomra kiterjedő asszociációs vizsgálatok (genome-wide association studies, GWAS-ok) több olyan genomrégiót azonosítottak, amelyek statisztikailag összefüggésbe hozhatók különböző láb- és lábvégegváltozásokkal. Például a 3. kromoszómán a DD-szal és a hyperplasia interdigitalis-szal, a 23-on a hyperplasia interdigitalis-szal, a 2-on pedig a talpi bevézréssel kapcsolatot jelző QTL-eket írtak le (Sánchez-Molano és mtsai., 2019; QTL: *quantitative trait loci – mennyiségi jellemzőket befolyásoló genomikus hely/lókus*). Az érintett régiókban található gének ismert funkciói alapján két fő biológiai irány rajzolódik ki: 1. immun- és gyulladásos folyamatok, valamint 2. a bőr-szaru „védőgát” (barrier) működéséhez és a keratinizációhoz kapcsolódó mechanizmusok. Ez arra utal, hogy a fertőző eredetű kórképek genetikai háttérében nagyobb súllyal jelenhetnek meg az immunológiai komponensek, míg a nem fertőző, talpi eredetű elváltozásoknál a szöveti teherbírás, a bőr-szaru integritása és a szaru minősége lehet meghatározóbb. A GWAS-eredmények elsősorban mechanisztikus támpontot adnak; a szelekció rutinyakorlatában ugyanakkor továbbra is a teljes genom információit egyszerre hasznosító genomikai modellek a meghatározók.

A láb- és lábvégproblémák, valamint a tejtermelés között a legtöbb vizsgálat kedvezőtlen genetikai kapcsolatot jelez: a nagyobb tejtermelésre irányuló genetikai hatások és e rendellenességek kockázata között többnyire kis-közepes mértékű, kedvezőtlen (pozitív) genetikai korreláció figyelhető meg (például



Koeck és mtsai., 2013: $r_g \approx +0,23$). Ennek hátterében nem egyetlen, közvetlen oksági kapcsolat áll, hanem több, egymást erősítő kockázati útvonal. A nagy termelésre szelektált egyedeknél ugyanis gyakoribb lehet a laktáció eleji energiahány és a testtartalékok mobilizációja, ami kedvezőtlenül befolyásolhatja a szöveti regenerációt és az immunvédekezést. Emellett intenzív tartási környezetben a padozati terhelés, a járási idő és a mechanikai igénybevétel is fokozhatja az egyes elváltozások kialakulását. Hasonló „kockázati profil” magyarázhatja azt is, hogy a sántaság gyakran együtt jár más, termeléshez kötődő kórképekkel, például mastitisszel vagy metabolikus zavarokkal (Heringstad és mtsai., 2018).



Forrás: NADIS

A láb- és lábvégproblémák – különösen, ha gyakoriak vagy súlyosak – a termelés kiesés, a szervizperiódus megnyúlása (több üres nap) és a kényszerselejtezés révén növelhetik a tejtermelés fajlagos ÜHG-intenzitását ($\text{CO}_2\text{e}/\text{FPCM}$). (ÜHG: üvegházhatású gázok; CO_2e : CO_2 -egyenérték;

FPCM: fat- and protein-corrected milk – zsír- és fehérjekorrigált tej mennyiség.) Bár közvetlen, kórképspecifikus CH_4/FPCM -adatok csak rendkívül korlátozottan állnak rendelkezésre, az enterális CH_4 a tejtermelés ÜHG-mérlegének egyik meghatározó tétele, ezért a $\text{CO}_2\text{e}/\text{FPCM}$ romlása jellemzően a CH_4 -intenzitás szempontjából is kedvezőtlen irányú következményekkel járhat. Modelleredmények alapján a sántaság egyedi és állományi szinten is kb. 1-8%-kal emelheti a tejtermelésre vetített emissziót (Chen és mtsai., 2016; Kyriazakis és mtsai., 2024). Egy holland, szimulációra épülő életciklus-elemzésben Mostert és mtsai. (2018) a DD, a FB és a TF összesített hatását az egészséges állapothoz viszonyítva átlagosan 14 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{t FPCM}$ -re ($\approx 1,5\%$) becsülték. A hatás paritásfüggő: az első laktációban a legnagyobb (a modell szerint ≈ 17 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{t FPCM}$) – összhangban azzal, hogy a felnevelés és a korai kiesés emissziós terhei ilyenkor kisebb életciklus-tejhozamra oszlanak szét –, míg a későbbi laktációkban mérsékeltebb (például az 5. laktációban ≈ 7 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{t FPCM}$).

A különböző kórképek ÜHG-hatásai ugyanakkor eltérők: Mostert és mtsai. (2018) szerint a DD egyedi hatása átlagosan 4 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{t FPCM}$ körüli, a FB-é 39 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{t FPCM}$, a TF-é 33 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{t FPCM}$. Mindazonáltal – magas prevalenciája miatt – a DD is számottevő telepszintű terhet képvisel: éves ÜHG-hatása a szerzők példaszámításában (100 tehén állomány) közel 640 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{év}$, míg a FB-é nagyjából 1480 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{év}$, a TF-é pedig 1495 kg $\text{CO}_2\text{e}/\text{év}$.

A hosszabb hasznos élettartam klímaelőnye

A tehenek hasznos élettartama termelési és környezeti szempontból egyaránt kulcs tényező. A hosszabb ideig termelő egyedek életciklus-teljesítménye nagyobb, így jobban megtérül a növendéknevelés ráfordítása, mérséklődik az állománypótlási igény, és ezzel párhuzamosan csökken az egységnyi termelt tejre vetített enterális CH_4 -kibocsátás (CH_4/FPCM).

A XX. század második felében a holstein-fríz tenyésztés fókuszja elsősorban a termelt tej mennyiségének növelésére és beltartalmi mutatóinak javítására irányult. A termelési jellemzők kedvezőtlen genetikai kapcsolatot mutatnak egyes funkcionális tulajdonságokkal – így például a fertilitással és a hasznos élettartammal (r_g (tejtermelés, hasznos élettartam) $\approx [-0,25; -0,20]$; VanRaden és mtsai., 2004; Zavadilová

és mtsai., 2011) –, amit az intenzív tartási rendszerekben érvényesülő szelekciós nyomás, illetve a selejtezési gyakorlat tovább súlyosbított. Ennek következtében számos országban romlottak az állományok fertilitási mutatói, nőtt a korai kiesés kockázata, és rövidült a tehenek hasznos élettartama (VanRaden és mtsai., 2009; Miglior és mtsai., 2017). Az elmúlt évtizedekben mindez szemléletváltást indított el: a tenyészcélokban és a szelekciós indexek súlyozási rendszerében felértékelődtek a funkcionális tulajdonságok – köztük a hosszabb termelésben maradás –, amelynek hatására napjainkra több populációban kedvező irányú elmozdulás figyelhető meg.

A hasznos élettartam poligén eredetű, alacsony öröklődhetőségű tulajdonság (jellemzően $h^2 = 0,05$ –



0,10; Cassell, 1996; VanRaden és mtsai., 2009; Miglior és mtsai., 2017); alakulását több tulajdonság (termelés, fertilitás, egészségi állapot, általános ellenálló és alkalmazkodóképesség [robusztusság] stb.) öröklött megnyilvánulásai együttesen befolyásolják. Az alacsony h^2 -érték arra utal, hogy a termelésből való kikerülés időzítését és hátterét a gyakorlatban nagyrészt környezeti tényezők, illetve a telepi menedzsment és az állománygazdálkodási stratégia határozzák meg, ugyanakkor a kiesés kockázatában egyedszinten is kimutathatók különbségek. Ennek megfelelően a hasznos élettartam szelekciós javítása reális cél, bár a várható előrehaladás mérsékeltebb.

Fenntarthatósági szempontból különösen kedvező, hogy több vizsgálat (például Soosten és mtsai., 2020; Meijer és mtsai., 2025) közepes erősségű, negatív genetikai korrelációt írt le a hasznos élettartam és a CH_4 -intenzitás között [$r_g \approx -0,4; -0,3$]. Ez arra utal, hogy a hosszabb termelési ciklusokra irányuló szelekció a klímacélok elérése szempontjából is kedvezően hathat. Mindezek ellenére a gyakorlati eredmények azt mutatják, hogy a tehenek átlagos laktációs száma az intenzív tejtermelési rendszerekben továbbra is alacsony, jellemzően 2,5–3 körüli (Clasen és mtsai., 2023), ami az első elléstől számítva mindössze 3–4 év termelésben töltött időnek felel meg.



Forrás: Lactanet

Egy nagy mintaszámú genomikai vizsgálatban több mint 1,1 millió holstein-fríz tehén adatait elemezték (fenotípusok + mintegy 75 000 SNP), és 5 390 olyan genetikai markert azonosítottak, amelyek szignifikáns összefüggést mutatnak a hasznos élettartam alakulásával (Li és mtsai., 2024; SNP: single nucleotide polymorphism; egyponyos nukleotid-polimorfizmus). Különösen figyelemre méltó a 6. kromoszómán található **SLC4A4-GC-NPFFR2** régió: a vizsgálatok alapján ez termelési, fertilitási és tőgyegészségi jellemzőkkel is összefüggésbe hozható, ami arra utal, hogy részben ezek közvetítésével érvényesülhet a

hasznos élettartamra gyakorolt hatása. A 10. kromoszómán elhelyezkedő **RASGRP1** régió pedig feltehetően az immunműködés szabályozásán keresztül befolyásolja a termelésben töltött időt. Mindez összhangban áll azzal, hogy a hasznos élettartam genetikai háttere szorosan összefonódik azokkal a funkcionális tulajdonságokkal, amelyek közvetlenül meghatározzák a selejtezési kockázatot.

A nagy egyedszámú genomikai adatbázisok a ritka, kedvezőtlen hatású genetikai variánsok azonosítását is lehetővé teszik. Ide sorolhatók olyan recesszíven öröklődő változatok, amelyek közül egyesek (például a korai embrióelhalást okozó haplotípusok) rontják a fertilitást, míg mások a funkcionális tulajdonságok gyengítése révén fokozzák a korai selejtezés valószínűségét. A DNS-alapú vizsgálatokkal a hordozó egyedek célzottan azonosíthatók és a nemkívánatos párosítások elkerülhetők, csökkentve a kedvezőtlen homozigóta genotípusok előfordulását az állományban.

A hasznos élettartam genetikai javítása nemcsak gazdasági előnyökkel jár, hanem **a tejtermelés emisszióintenzitását is mérsékelheti. A kedvező hatás döntően az utánpótlási igény változásán keresztül érvényesül:** ha a tehenek hosszabb ideig maradnak termelésben, az állomány fenntartásához kevesebb üszőt kell felnevelni. Mivel a növendéknevelés takarmányfelhasználással és CH_4 -kibocsátással jár, melyhez nem társul tejtermelés, az alacsonyabb utánpótlási ráta csökkenti a „nem produktív” életszakasz arányát, és javítja a fajlagos emissziót (CH_4 /FPCM, illetve CO_2 /t FPCM). **Emellett közvetett környezeti hozadéka is lehet:** egységnyi termelt tejre vetítve mérséklődhet a takarmány- és erőforrás-felhasználás, a trágyaterhelés, valamint a takarmány-előállításához kapcsolódó földhasználat.



Forrás: Agricology



Egy életciklus-alapú számítás szerint (van Middelaar és mtsai., 2014) a produktív élettartam mintegy 270 napos növelése – amely a selejtezési arányt kb. 5%-kal csökkenti – 23 kg CO₂e-kel mérsékelte a tejtermelés ÜHG-kibocsátását 1 tonna FPCM-re vetítve. (A szerzők a hatást egy rögzített paraméterezésű modell segítségével becsülték, ezért annak várható nagyságrendje tehenészetenként változhat a telepi feltételek függvényében.) Az összefüggés irányát további szimulációs eredmények is alátámasztják: von Soosten és mtsai.-nak (2020) áttekintése alapján az 5–8 laktációt megélt tehenek ÜHG-kibocsátásának intenzitása jelentősen, akár 40%-kal is alacsonyabb lehet, mint azoké, amelyek az állományból már az első laktáció után kikerülnek.



Forrás: American Dairy Association

Kedvező kor- és paritásstruktúra összehangolt tartás-technológiával, egészségmenedzsmenttel, valamint következetes szelekcióval és selejtezési döntésekkel

A genetikai és genomikai szelekciós lehetőségek ismertetésének lezárásaként megállapítható, hogy az egységnyi termelt tejre vetített enterális CH₄-kibocsátás mérséklésének hatékony eszköze lehet a szarvasmarhák takarmányhasznosításának, egészségi állapotának, fertilitásának, hasznos élettartamának és funkcionális küllemi tulajdonságainak genetikai javítása. E szelekciós irányok hatása azonban csak integráltan értelmezhető, mivel az említett tulajdonságok egymással kölcsönhatásban állnak, a termeléssel pedig esetenként negatív genetikai korrelációt mutatnak.

A témakör tárgyalása során arra is kitértünk, hogy a gazdaszervezet genetikai háttere a bendőmikrobiom összetételének és a fermentációs mintázatok befolyásolásán keresztül közvetve hat

alakítható ki. Hollandiában a tejelő tehenek selejtezési átlagéletkora 2020 körül megközelítette a 6 évet, ami a gyakorlatban nagyobb átlagos laktációs számmal és élettéljesítménnyel, valamint kisebb állománypótlási igénnyel társul. Mindez egységnyi termelt tejre vetítve alacsonyabb enterális CH₄-kibocsátást – tágabban fajlagos ÜHG-emissziót – eredményezhet (Wageningen Livestock Research, 2020).

A nemzetközi tenyésztési programokban és szelekciós indexekben egyre következetesebben érvényesül ez a szemlélet. Például az amerikai nettó gazdasági haszonindex (net merit index, NM\$) 2025-ös frissítésében a produktív élettartam relatív gazdasági súlya 13%, ami továbbra is számottevő hangsúlyt helyez a hosszabb termelésben maradásra (CDCB, 2025). E tulajdonság más indexeknek is stabil, stratégiai eleme, amelynek nemzetközi összevetését az Interbull rendszere az ún. közvetlen hasznos élettartam (direct longevity) rutinértékelésein keresztül támogatja.

A környezeti fókuszú indexek célja, hogy az állatok tenyészérték-alapú rangsorolását olyan, környezeti hatásokat tükröző kimenetekhez kapcsolják, mint a takarmányigény vagy az emisszióintenzitás. A 2021-ben bevezetett brit EnviroCow publikált eredményei arra utalnak, hogy a magasabb indexpontszámok átlagosan jobb életciklus-hatékonysággal és kedvezőbb (modellalapú) CH₄-intenzitással társulnak (Winters és Coffey, 2023).

a CH₄-képződésre, ezért a kibocsátás mérséklése a gazdaszervezet és a mikrobiom rendszerszintű megközelítését igényli.

A szelekciós cél olyan hosszú hasznos élettartamú, jó fertilitású, kiváló funkcionális küllemi tulajdonságokkal rendelkező, egészséges és hatékony takarmányhasznosítású tehenek tenyésztése, amelyek környezeti lábnyoma várhatóan kisebb. Fontos ugyanakkor kiemelni, hogy a genetikai előrehaladás csak akkor válik valóban eredményessé, ha korszerű tartástechnológiai, takarmányozási és menedzsment-megoldások következetesen támogatják azt.

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

