

# A MAGYAR MERINÓ HELYE A MERINÓ FAJTACSOPORTON BELÜL, A GENETIKAI HASONLÓSÁG HÁLÓZATA ÉS A NAPI SÚLYGYARAPODÁSHOZ KAPCSOLÓDÓ MARKEREK

ZSOLNAI ATTILA – EGRERSZEGI ISTVÁN – RÓZSALÁSZLÓ –  
MEZŐSZENTGYÖRGYI DÁVID – ANTON ISTVÁN

## ÖSSZEFOGLALÁS

Jelen tanulmányunkban célunk volt, hogy a magyar merinót a merinó eredetű juhajták között pozicionáljuk, feltárjuk a fajtán belüli genetikai hasonlósági hálózat jellemzőit, és kiemeljük a napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó egy pontos genetikai polimorfizmusokat. A magyar merinót ( $n=138$ ) Ovine SNP50 Bead Chip-en (Illumina, San Diego, CA) genotipizáltuk, majd 30 merinó, illetve merinóból származó fajta közé soroltuk ( $n=555$ ). A populáció jellemzőit PLINK, SVS, Admixture és Treemix szoftverek alkalmazásával határoztuk meg, a fajtán belüli genetikai hálózatot pythont networkx 2.3 könyvtárral elemeztük. A magyar merinó napi súlygyarapodását 60 napra standardizált értékkel jellemeztük, mely a Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége adatbázisából állt rendelkezésünkre. A napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszt azonosítására több lókuszos vegyes modellt alkalmaztunk. A fajta írott történetét alátámasztva a magyar merinóhoz legközelebbi fajták az estremadurai merinó és a rambouillet (francia fésűmerinó) voltak (páronkénti  $F_{ST}$  értékek 0,035 és 0,036). A magyar merinó esetében a páronkénti hasonlósági értékek hálózatelemzése egy erősen centralizált kapcsolódási mintázatot mutatott ki, ahol a központi csomópontban lévő állat 0,936-nak megfelelő központossági értéket mutatott. A napi súlygyarapodás vizsgálata a magyar merinóban öt kapcsolódó lókuszt tárt fel. Közülük kettő, az OAR8\_17854216.1 és az s42441.1 a 8. és 9. kromoszómán ( $-\log_{10}p > 22$ ; téves felfedezési arány  $< 5,5e-20$ ) és egy lókusza a 20. kromoszómán, s28948.1 ( $-\log_{10}p = 13,46$ ; téves felfedezési arány  $= 4,1e-11$ ) helyezkedik el. Ezek a lókusztok közel voltak a más kutatócsoportok által beszámolt markererekhez, melyek a napi súlygyarapodással, a hat hónapos súllyal és az elválasztás utáni gyarapodással voltak kapcsolatban. Meghatározásra került a magyar merinó helyzete a merinó fajtacsoporthoz belül. Leírtuk a mintázott egyedek hasonlósági hálóját, és meghatároztunk néhány, a magyar merinó napi súlygyarapodásának növelésére alkalmas markert.

## SUMMARY

Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L. – Mezőszentgyörgyi, D. – Anton, I.: POSITION OF HUNGARIAN MERINO AMONG OTHER MERINOS, WITHIN-BREED GENETIC SIMILARITY NETWORK AND MARKERS ASSOCIATED WITH DAILY WEIGHT GAIN

In this study, we aimed to position the Hungarian Merino among other Merino-derived sheep breeds, explore the characteristics of our sampled animals' genetic similarity network within the breed, and highlight SNPs associated with daily weight-gain. Hungarian Merino ( $n=138$ ) was genotyped on Ovine SNP50 Bead Chip (Illumina, San Diego, CA) and positioned among 30 Merino and Merino-derived breeds ( $n=555$ ). Population characteristics were obtained via PLINK, SVS, Admixture, and Treemix software, within-breed network was analysed with python networkx 2.3 library. Daily weight gain of Hungarian Merino was standardised to 60 days and was collected from the database of the Association of Hungarian Sheep and Goat Breeders. For the identification of loci associated with daily weight gain, a multi-locus mixed-model was used. Supporting the breed's written history, the closest breeds to Hungarian Merino were Estremadura and Rambouillet (pairwise  $F_{ST}$  values are 0.035 and 0.036, respectively). Among Hungarian Merino, a highly centralised connectedness has been revealed by network analysis of pairwise values of identity-by-state, where the animal in the central node had a betweenness centrality value equal to 0.936. Probing of daily weight gain against the SNP data of Hungarian Merinos revealed five associated loci. Two of them, OAR8\_17854216.1 and s42441.1 on chromosome 8 and 9 ( $-\log_{10}p > 22$ , false discovery rate  $< 5.5e-20$ ) and one locus on

chromosome 20, s28948.1 ( $-\log_{10}p=13.46$ , false discovery rate=4.1e-11), were close to the markers reported in other breeds concerning daily weight gain, six-month weight, and post-weaning gain. The position of Hungarian Merino among other Merino breeds has been determined. We have described the similarity network of the individuals to be applied in breeding practices and highlighted several markers useful for elevating the daily weight gain of Hungarian Merino. (<https://doi.org/10.5713/ab.21.0459>)

## BEVEZETÉS

A merinó világszerte elterjedt finom gyapjút termelő juh fajta, amely a világ juhállományának körülbelül egynegyedét képviseli (Szabó és mtsai, 2016). Az első európai finomgyapjas juhok megjelenése Spanyolország déli régiójában és Olaszországban az i.e. I. századra nyúlik vissza. Ezeket az állatokat helyi és importált arab juhokkal keresztezték (Diez-Tascón és mtsai, 2000), ami valószínűleg egy olyan fajtát eredményezett, amely a merinó korai őseinek tekinthető. Ciani és mtsai (2015) szerint a merinó fajta ibériai eredetű, melyet egyéb mediterrán fajtákkal kereszteztek. 1760-ig a merinók Spanyolországból történő exportértékesítése tilos volt. Ettől kezdve kis állományokat több európai országba exportáltak (Éber, 1996). Az első nyáj 1765-ben érkezett Magyarországra Mária Terézia osztrák császárné (Nagy és mtsai, 2011) rendelete nyomán. Ezt a behozatalt két másik követte 1773-ban és 1775-ben (Kovácsy, 1923). Az utolsó merinóexportot Spanyolországból Magyarországra 1802-ben jegyezték fel.

Az ipari forradalom Nagy-Britanniában a termelékenység jelentős javulását eredményezte. A gyapjú- és textilipar fejlődése megnövelte a gyapjú iránti globális keresletet. A gyapjú mennyiségére és minőségére vonatkozó szelekció számos merinó változatot hozott létre világszerte (Jávorka és mtsai, 2014). A magyar fésűs merinó fajtát import merinókból, a helyi racka fajtából és német juhokból tenyésztették ki (Schandl, 1966). A magyar fajta fejlődéséhez hozzájárult a franciaországi rambouillet juh (1816) és az észak-német fésűs juh importja is (Kovácsy, 1923). Az első magyar törzskönyvet 1859-ben vezették be, ebben az időszakban a merinó eredetű juhok a magyar juhpopuláció 31,5%-át képviselték (Éber, 1996).

A XIX. század végén Magyarországon a nyugat-európai húshasznosítású irányzat ellenére továbbra is a gyapjúelőállítás volt a fő termelési cél (Veress és mtsai, 1982). Az I. és II. világháború után a keresztezések finom és rövid gyapjas populációt eredményeztek, amely a précoce és rambouillet kosok tenyésztésével homogénebbé vált (Kovácsy, 1923; Veress és mtsai, 1982). Az 1950-es években a fajtát az egykori Szovjetunióból származó finom gyapjas változatokkal (aszlán, kaukázusi, sztavropoli és groznij merinó) formálták át. Ez a döntés a fajta testtömegének és gyapjútermelő képességének jelentős növekedéséhez vezetett (Vahid és Kóbori, 2002). Az 1960-as években a fajta hústermelési potenciáljának javítása érdekében francia précoce-t és német húsmerinót importáltak Magyarországra. Az 1970-1980-as években számos kísérlet történt a merinó állományok termelési paramétereinek és szaporodásának javítására. E célból került be Magyarországra a kent, a corriedale és az ausztrál booroola merinó (Fésűs és mtsai, 2002). Ezek a keresztezések jobb izmoltságot és gyapjúminőséget eredményeznek (Szabó és mtsai, 2016; Vahid és Kóbori, 2002).

Az 1980-as években a gyapjútermelés háttérbe szorult, a magyar merinót kettős hasznosítású (hús- és tejtermelő) fajtának tekintették (Horn, 1995). 1989-ben az egykori szocialista rendszer átalakulását az agrártámogatások drasztikus változása követte. Ebben az időszakban az exportált bányahús vált a juhtenyésztés fő termékévé, a bányák átlagos napi súlygyarapodása körülbelül 250 g/nap volt (Jávor, 2005).

A 2010-es években a tenyésztési tevékenység jelentős visszaesése miatt a magyar merinó veszélyeztetett kategóriába került. Ezt követően a magyar kormány egy összehangolt génmegőrzési program keretében támogatja a fajta tenyésztését. 2023-ban a magyar merinó állomány 8217 anyajuhból állt. A 2004-ben feljegyzett 39 magyar genealógiai vonalból mindössze 11 létezett (Szabó és mtsai, 2016).

Vizsgálataink során három célt tűztünk ki magunk elé:

1.) Mivel a magyar merinó genetikai helyzete SNP markerek alapján még nem ismert, Ciani és mtsai (2015) adatbázisát használtuk fel a fajta genetikai helyzetének meghatározására a merinó fajtacsoporton belül.

2.) Bár léteznek génhálózzal (Megdiche és mtsai, 2019), vagy a fajták közötti genetikai összefüggésekkel (Addo és mtsai, 2019) foglalkozó publikációk, mi a magyar merinó fajtán belüli genetikai hasonlósági hálózat sajátosságait kívántuk feltárni.

3.) Mivel a vizsgálatok elvégzésekor a magyar juhtenyésztés legfontosabb paramétere a bányák súlygyarapodása volt, úgy döntöttünk, hogy olyan markereket keresünk, amelyek alkalmasak a bányák napi súlygyarapodásának javítására.

Vizsgálatunk átfedésben van több, más juh fajta növekedési és hústermelési jellemzőinek vizsgálataival (Zhang és mtsai, 2013; Wang és mtsai, 2015; Lu és mtsai, 2020; Zang és mtsai, 2021), és rávilágít a juh genom azon régióira, amelyek nem csak a magyar merinó, hanem más fajták számára is használhatók.

## ANYAG ÉS MÓDSZER

### *Minták és genotipizálás*

A vizsgálatba 138 magyar merinó anyajuhot vontuk be és 10 év adatait elemeztük. A 60 napra standardizált súlygyarapodást a következőképpen határoztuk meg:  $60 \times \text{testtömeg}_{30-80} / \text{nap}$ , ahol a  $\text{testtömeg}_{30-80}$  a bányák 30 és 80 napos kora között mért testtömege, nap a születés utáni napok tényleges száma a mérés napján. A 138 magyar merinó a teljes állomány összes vonalát reprezentálja.

A fűlminta vételeket a TypiFix™ (Agrobiogen GmbH, Hilgertshausen, Németország) szövetmintavevő rendszerrel (Internet1, 2021) végeztük. Az összehasonlító vizsgálatokhoz Ciani és mtsai által közzétett adatbázist használtuk (2015). A magyar merinók SNP tipizálását a Neogen Corporation (Ayr, Egyesült Királyság) végezte Ovine SNP50 Bead Chip (Illumina, San Diego, USA) segítségével.

Az adatok minőség-ellenőrzése magában foglalta a térképezett és polimorf markerek szűrését; a kisebb frekvenciájú allélek gyakorisága  $> 0,05$  feletti volt  $0,95$ -nél nagyobb genotipizálási aránnyal. A genotípusok sikeres tipizálási aránya  $0,95$  feletti volt az összes magyar merinó mintában. Az egyeztetett adatbázis, amely a Sheep Consortium (Ciani és mtsai, 2015) és a magyar adatokat is tartalmazta, összesen 31 fajtát, 693 állatot (1. táblázat) és 22265 SNP-t tartalmazott.

A magyar merinón belüli hálózat- és asszociációs elemzések esetén az adat-szűrést követően 46906 SNP-t tartottunk meg.

### *Populációgenetikai vizsgálatok*

A megfigyelt és várható heterozigotitás ( $H_o$ ,  $H_e$ ), a beltenyésztési együttható ( $F_{is}$ ), a genetikai távolság ( $F_{st}$ ) és a főkomponens analízis (PCA) kiszámítását az SNP & Variation Suite 8.1.1 programmal (GoldenHelix, Bozeman, US) végeztük.

A beltenyésztési együttható = (megfigyelt - homozigóta markerek várható száma) / (genotipizált markerek száma - homozigóta markerek várható száma).

$$\text{A homozigóta markerek várható száma} = \sum_{j=1}^L (1 - 2p_j q_j \frac{T_j}{(T_j - 1)}),$$

(ahol  $L$  a genotipizált markerek száma;  $p$  és  $q$  az allélgyakoriságok; a  $T$  a  $j$ -ik marker nem hiányzó genotípus számának kétszerese.)

Az  $F_{st}$  becslésének algoritmusa *Weir és Cockerham* (1984) munkájában található. A főkomponens analízis során a legmeghatározóbb komponenseket a standardizált kapcsolati mátrixból határoztuk meg (*Patterson és mtsai*, 2006).

Az Admixture szoftvert --cv opcióval használtuk a legvalószínűbb klaszterszám ( $K$ ) meghatározására az egyes  $K$  értékeknél meghatározott keresztellenőrzési hibáinak értékeiből (*Alexander és Lange*, 2011). Az elemzés előtt a genotípusokat PLINK segítségével transzformáltuk a --recode12 opció segítségével.

A dendrogram kiszámításához a Treemix 1.13 (*Pickrell és Pritchard*, 2012) szoftvert alkalmaztuk; A blokk mérete 500, az ismétlések száma 1000. A Bootstrap értékeket a Phylip 3.697 programcsomag segítségével határoztuk meg (*Felstein*, 1989).

A magyar merinó egyedek kapcsolatára vonatkozó hálózatelemzés a párok SVS programmal (GoldenHelix, Bozeman, USA) számított IBS (Identity By State, hasonlósági érték) értékén alapult. Bármely két egyed közötti hasonlóság: ((a két allélt megosztó markerek száma + 0,5 \* az egy allélt megosztó markerek száma)/markerek száma).

### *Fajtán belüli hálózat és kapcsoltsági vizsgálatok*

Az IBS értékek alapján a magyar merinó minták hálózati tulajdonságait, mint az átmérő és a köztes centralitás, Python 3.6 szoftverrel számítottuk ki networkx 2.3 és matplotlib 3.1.1 könyvtárak segítségével. Az átmérő a csomópontpárok között megfigyelt legnagyobb távolság vagy másképpen, a két legtávolabbi csomópont közötti távolság (*Barabási*, 2017).

$$\text{Egy adott állat/csomópont közötti köztes centralitás} = \sum_{s \neq v \neq t} \frac{\sigma_{st|v}}{\sigma_{st}}$$

(ahol  $v$  a csomópontok száma;  $\sigma_{st}$  az  $s$  csomóponttól induló legrövidebb utak száma;  $t$  csomóponthoz és  $\sigma_{st|v}$  azon utaknak a száma, amelyek áthaladnak a  $v$  csomóponton.)

A kapcsolatok erősségét (vagy az élek súlyát) a párok IBS értéke határozza meg. Azon IBS értékeket, melyek az eloszlás 85 százaléka feletti vannak, vastag fekete vonalakkal jelöltük.

A napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszek azonosítására több lókuszos vegyes modellt alkalmaztunk (Segura és mtsai, 2012). A modell a következő volt:

$$y = X\beta + Zu + e$$

(ahol  $y$  a napi súlygyarapodás;  $X$  a fix hatások mátrixa, amely 46906 SNP-ből és kovariánsokból áll (születési dátum és hely);  $Z$  a kapcsolódó előfordulási mátrix véletlenszerű hatása minden egyedre, amely identitás mátrixszá válik, egyedenkénti egy fenotípusos mérés alapján (Thomson és mtsai, 2018);  $e$  a reziduális hatásokat jelöli;  $\beta$  és  $u$  pedig a rögzített és véletlenszerű hatások együtthatóit reprezentáló vektorok.) A vegyes lineáris modellekkel kapcsolatos további részleteket lásd itt: (Internet2, 2021).

## EREDMÉNYEK

### *Populációk diverzitása és struktúrája*

A megfigyelt heterozigozitás 0,262 (cordobai spanyol merinó) és 0,392 (rasa Aragonesa) között volt, a várt 0,397-es érték alatt (1. táblázat). A megfigyelt és várható heterozigóta értékek alapján a fajták beltenyésztési együtthatója 0,013 és 0,193 között mozgott (1. táblázat), kivéve a legmagasabb  $F_{is}$  értékkel (0,341) bíró cordobai spanyol merinót. A magyar merinóban ez az érték 0,054 volt. Az  $F_{st}$  számítás páronkénti értékei a 0,004 (ausztrál merinó vs. ausztrál árutermelő merinó) - 0,313 (spanyol cordobai merinó vs. szürke szarvált heathen) tartományba estek. A magyar merinó  $F_{st}$  értékei a többi fajtahoz viszonyítva 0,035 (spanyol estremadura merinó) és 0,184 (spanyol cordobai merinó) között alakultak (2. táblázat). Az állatok páronkénti IBS értékén alapuló főkomponens-analízis (1A-D ábra) a magyar merinó populációt a vizsgált populációk külső peremére, a rambouillet és a kínai merinó közelébe helyezte.

Az admixture analízissel vizsgált 31 fajta esetében a legvalószínűbb klaszterszám tizenkilenc volt ( $K=19$ , 2. ábra). Amikor  $K$  egyenlő volt a vizsgált fajták számával, a magyar merinók többsége rambouillet-vel mutatott keveredést (S1 kiegészítő ábra, Zsolnai és mtsai, 2023). A fajták filogenetikai dendrogramján a magyar merinót a rambouillet-vel, a kínai merinóval, a merinizzatával és az spanyol estremadura merinóval került közös ágra. (3. ábra, S2 kiegészítő ábra, Zsolnai és mtsai, 2023).

### *Hasonlósági hálózat és súlygyarapodással kapcsolott markerek*

Az egyedek genetikai hálójának megjelenítéséhez 0,73 feletti IBS-értékeket (éleket) használtunk. Az elemzett sokaságban ez az érték az összes csomópont (egyed) egybefüggő hálózatának meglétét biztosította. Az élek száma 341, az átlagos fokszám 5,014, a háló átmérője 4 (4A. ábra). Az öt legmagasabb köztes centralitás értéke 0,936, 0,035, 0,034, 0,029 és 0,023 volt. Amikor a legmagasabb értékkel (0,936) rendelkező egyedeket eltávolítottuk, az összekapcsolt hálózat 108 állatot és 199 élt tartalmazott (4B. ábra). Ebben az esetben az átlagos fokszám 3,682 lett, a háló átmérője pedig 10-re bővült. A legmagasabb öt köztes centralitás értéke 0,744, 0,261, 0,235, 0,185 és 0,141-re módosult.

1. táblázat

**A vizsgált juhpopulációk megfigyelt és várható heterozigotizásai (Ho, He) és beltenyésztési együtthatói (F<sub>is</sub>)**

Fajta (1)	Mintaszám (2)	Ho	He	F <sub>is</sub>
Rasa Aragonesa	20	0,392	0,397	0,013
Castellana	22	0,386	0,397	0,028
Ojalada	24	0,383	0,397	0,035
Estremadurai spanyol merinó	13	0,381	0,397	0,041
Comisana	24	0,379	0,397	0,046
Ausztrál szarvatlan merinó	24	0,377	0,397	0,051
Ausztrál árutermelő merinó	24	0,377	0,397	0,051
Appenninica	24	0,376	0,397	0,053
Merinizzata	20	0,376	0,397	0,054
Magyar merinó	138	0,376	0,397	0,054
Kínai merinó	23	0,373	0,397	0,061
Sopravissana	24	0,373	0,397	0,062
Churra	24	0,371	0,397	0,065
Latacauda	24	0,371	0,397	0,067
Skót blackface	24	0,370	0,397	0,069
Merinó landschaf	21	0,369	0,397	0,070
Gentile di Puglia	24	0,369	0,397	0,071
Ausztrál merinó	24	0,365	0,397	0,080
Szardíniai fehér	24	0,364	0,397	0,083
Massese	24	0,361	0,397	0,090
Leccese	23	0,356	0,397	0,103
Rambouillet	24	0,356	0,397	0,105
Veluwe heathen	5	0,355	0,397	0,107
Drenthe heathen	5	0,350	0,397	0,118
Finnsheep	24	0,348	0,397	0,123
Bentheimer	5	0,341	0,397	0,141
Schoonebeker	4	0,324	0,397	0,183
Fehér szarvált heathen	3	0,324	0,397	0,184
Arawapa	24	0,323	0,397	0,186
Szürke szarvált heathen	4	0,320	0,397	0,193
Cordobai spanyol merinó	7	0,262	0,397	0,341

Table 1. Observed, expected heterozygosities (Ho, He) and inbreeding coefficients (F<sub>is</sub>) calculated on the 31 sheep populations

breed (1); number of samples (2)

2. táblázat

**A magyar merinó és a vizsgált merinófajták közötti genetikai differenciáltsági együtthatók ( $F_{ST}$ ) értékei**

Fajta (1)	Magyar merinó (2)
Magyar merinó	0,000
Spanyol estremadura merinó	0,035
Rambouillet	0,036
Rasa Aragonesa	0,038
Kínai merinó	0,040
Sopravissana	0,042
Merinizzata	0,043
Ausztrál merinó	0,045
Ausztrál árutermelő merinó	0,047
Ausztrál szarvatlan merinó	0,050
Ojalada	0,050
Castellana	0,053
Merinó landschaf	0,055
Leccese	0,058
Churra	0,063
Latacauda	0,064
Comisana	0,065
Gentile di Puglia	0,068
Appenninica	0,071
Szardíniai fehér	0,076
Massese	0,080
Fehér szarvalt heathen	0,087
Finnsheep	0,094
Arawapa	0,098
Drenthe heathen	0,098
Skót blackface	0,099
Bentheimer	0,100
Veluwe heathen	0,103
Schoonebeker	0,117
Szürke szarvalt heathen	0,124
Spanyol cordobai merinó	0,184

Az összes pár  $F_{ST}$ - értékei és hőterképe: Zsolnai és mtsai (2023) dolgozatának kiegészítő S1 táblázatában (3)

Table 2. Pair wise coefficients of genetic differentiation ( $F_{ST}$ ) values between Hungarian Merino and the investigated Merino breeds

breed (1); Hungarian Merino (2); for values and heat-map of all pairwise  $F_{ST}$  values, see Supplementary Table S1 in Zsolnai et al. (2023) work



A napi súlygyarapodás értékei 261,6 és 494,7 gramm között mozogtak. A több lókuszos vegyes modell elemzés során több lókuszt azonosítottunk, amelyek összefüggésbe hozhatók a napi súlygyarapodással (3. táblázat). A legmagasabb értékkel rendelkező lókuszek ( $-\log_{10}p > 10$ ) a 2., 3., 8., 9. és 20. kromoszómán helyezkedtek el, a téves felfedezések aránya alacsonyabb, mint 4,1e-11.

## MEGVITATÁS

A magyar merinó megfigyelt és várható heterozigotizációjából számított  $F_{is}$  érték 0,055 alatti. A 31 vizsgált fajta közül tíznek kicsi az  $F_{is}$  értéke, ami azt jelzi, hogy nincs lényegesen több beltenyésztett állat a vártnál.

Megállapítottuk, hogy a magyar merinó más fajtákkal mutatott genetikai távolságai, illetve a főkomponens-analízisben és a filogenetikai fán elfoglalt helyzete alátámasztja a rambouillet (*Kovácsy, 1923*) magyar merinó genomjához való nagymértékű hozzájárulását.

*Loukovitis és mtsai (2022)* mikroszatellit vizsgálatok alapján hat hazai magyar merinó állomány elemzésekor alacsony genetikai differenciálódást tapasztaltak ( $F_{st} = 0,036$ ). *Ceccobelli és mtsai (2023)* a merinó, ill. merinó eredetű fajták filogenetikai elemzése során genetikai hasonlóságot állapítottak meg a lengyel és magyar merinó állományok között, ami megerősíti *Peter és mtsai (2007)* korábbi megfigyeléseit.

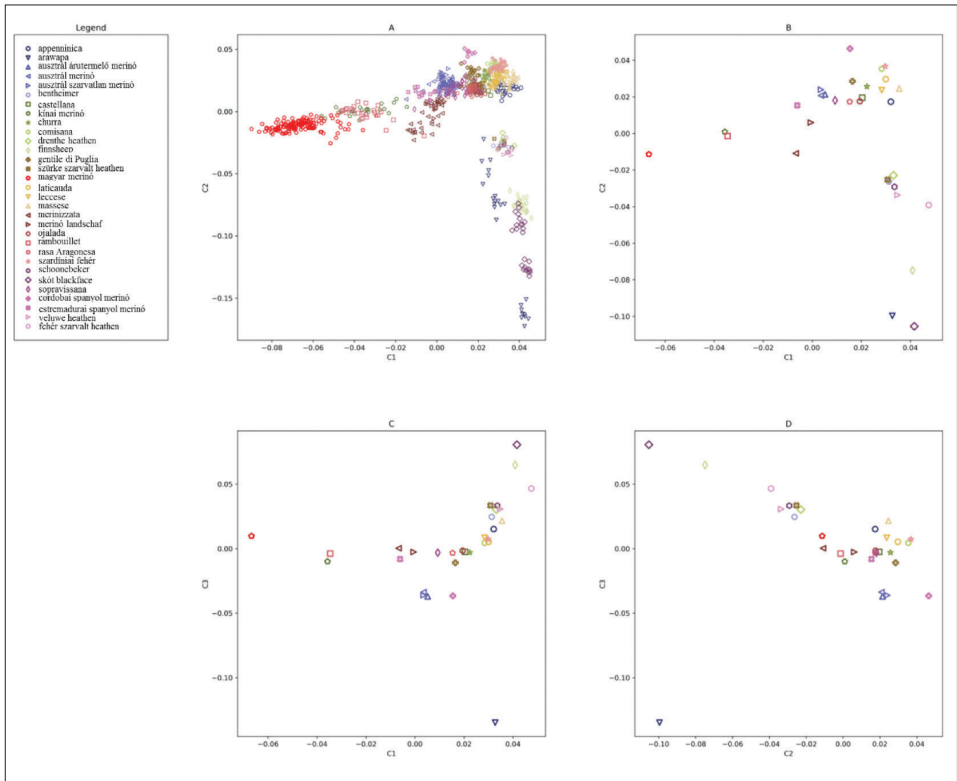
A kínai merinó és a rambouillet hasonló helyzete a PCA ábrán és a dendrogramon a két fajta szoros kapcsolatára utal. Az adatbázisban szereplő spanyol fajták közül az estremadura merinó áll a legközelebb a magyar merinóhoz, ami a fajtára gyakorolt legerősebb hatását mutatja (2. táblázat). A spanyol cordoba és a magyar merinó fajta  $F_{st}$  értéke volt a legmagasabb ( $F_{st} = 0,184$ ), ami kizárja a spanyol cordoba merinót a magyar merinó származási köréből. A filogenetikai vizsgálatban a rambouillet van a legközelebb, az estremadura merinó a negyedik legközelebbi fajta a magyar merinóhoz képest (S2 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai, 2023*).

Az Admixture elemzésben a legvalószínűbb klaszterszám ( $K$ ) 19 volt (2. ábra, S1 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai, 2023*), azonban a magyar merinó rambouillet-vel való keveréke  $K=29$  és 31-nél volt látható (S1 kiegészítő ábra, *Zsolnai és mtsai, 2023*).

Az egyedek hálózatelemzése (4A. ábra) küllőskerék szerkezetet tárt fel (*Barabási, 2017*), amelyet valószínűleg a preferált egyed, illetve utódainak kiterjedt használata idézett elő. Amikor a genetikai hasonlósági hálóban a legnagyobb köztes centralitással rendelkező állatot eltávolítottuk, a kerékszerkezet eltűnt, és további kapcsolati részletek derültek ki. A 4B. ábrán olyan állatokat azonosíthatunk, amelyek a többiekhez képest erősen befolyásolják a fajtaösszetételt. A hálózati adatok alapján a tenyésztők kiválaszthatják az optimális tenyésztési sémákhoz megfelelő állatokat. Az életerőségek (más néven páronkénti IBS értékek az állatok között) megjelenítése elősegíti a közeli rokon állatok könnyű felismerését (4. ábra). Ezzel elkerülhető a heterozigotizáció gyors csökkenése, a beltenyésztési depresszió és a gazdasági teljesítmény romlása. A genetikai hasonlóságok vizuális megjelenítésének (4. ábra) fejlesztése tovább javíthatja a hálózati elemzés alkalmazhatóságát. Javulás érhető el interaktív, felugró ablakkal, amelyek kereszthivatkozásokat tartalmazhatnak a tenyésztőkre, a gazdaságokra, az életkorra, az ősökre vonatkozóan. Az összefüggések időben változó megjelenítésével, amely követi a frissen



1. ábra. A főkomponens analízis eredménye



A = főkomponens-elemzés, amely a vizsgált állatok közötti kapcsolatot mutatja, a színkódokat lásd az ábra mellett (1); B-D = az A részen látható egyedek fajta szerinti átlagai. C1 = 1. komponens (sajátérték = 6,969), C2 = 2. komponens (sajátérték = 3,432), C3 = 3. komponens (sajátérték = 3,304) (2)

Figure 1. Multidimensional scaling plot depicting

A = principal component analysis displaying the relationship between animals coloured by their corresponding breed, see colour codes beside this plot (1); B-D = means of the animals on part A belonging to different breeds. C1 = 1st component (eigenvalue = 6.969), C2 = 2nd component (eigenvalue = 3.432), C3=3rd component (eigenvalue=3.304) (2)

ellett és selejtezett állatokon keresztül változó populáció genetikai változását, a tenyésztők időben képet kaphatnak a populációban végbemenő folyamatokról.

A napi súlygyarapodáshoz öt erősen kapcsolt lókuszt találtunk (3. táblázat) 138 állat felhasználásával. Bár a mintaszám kisebb a Zhang és mtsai (2013) vagy a Lu és mtsai (2020) által publikálnál, azt tapasztaltuk, hogy egy multigénes tulajdonság főbb markerei 138 állat felhasználásával is meghatározhatóak. Az öt általunk megtalált marker közül kettő (OAR8\_17854216.1 a 8-as kromoszómán és s42441.1 a 9-es kromoszómán) Zhang és mtsai találatához -1,3 és +4,8 millió bázis távolságra volt. (Zhang és mtsai, 2013). A csoport által beszámolt markerek a napi súlygyarapodáshoz, a hat hónapos súlyhoz és a választás utáni súlygya-

2. ábra. A legvalószínűbb K-értékre vonatkozó Admixture eredmények

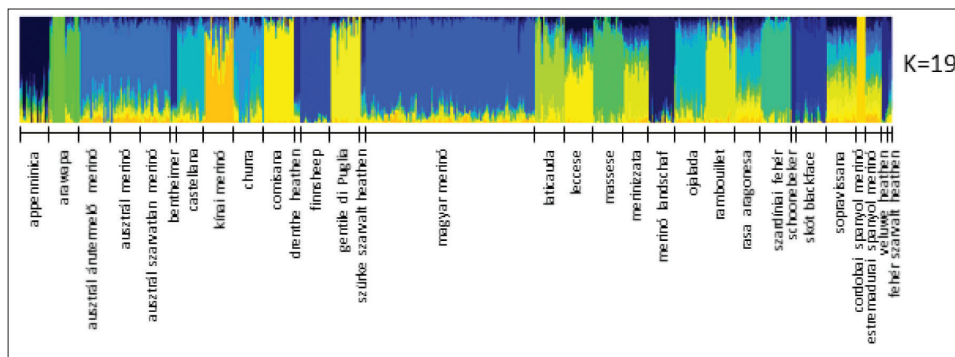


Figure 2. Admixture results concerning the most probably K value

3. ábra. A merinó és a merinóból származó fajták filogenetikai fája TreeMix és Phylip programmal szerkesztve

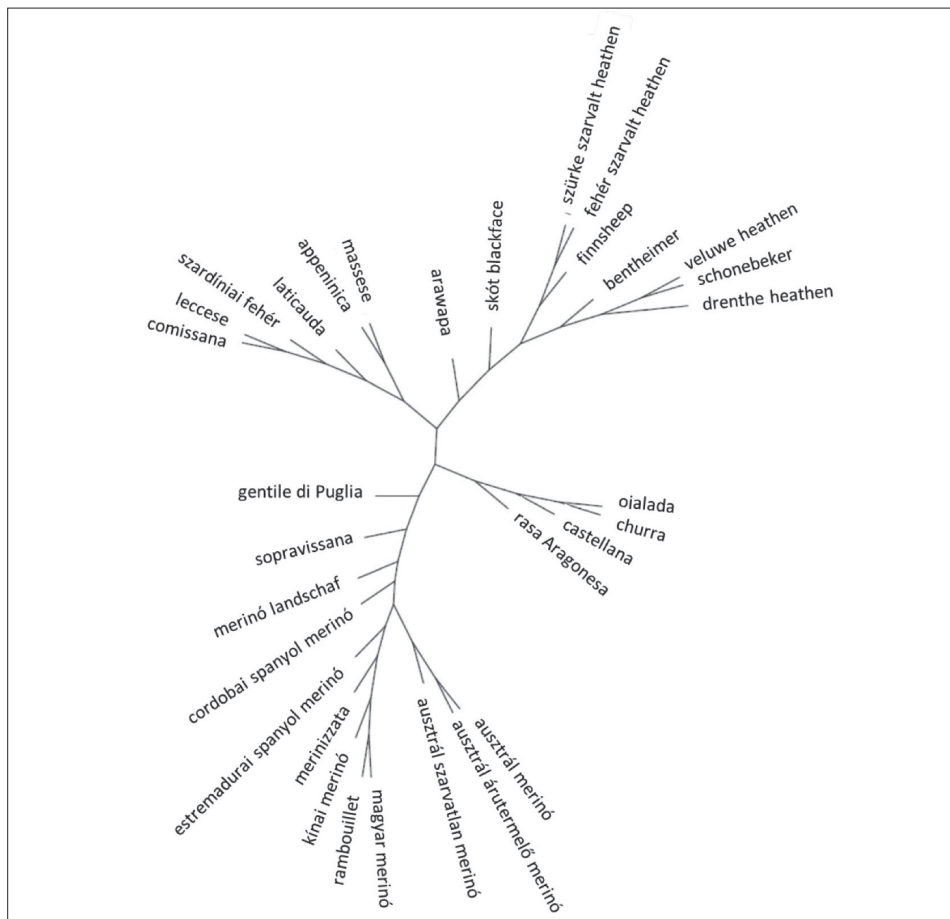
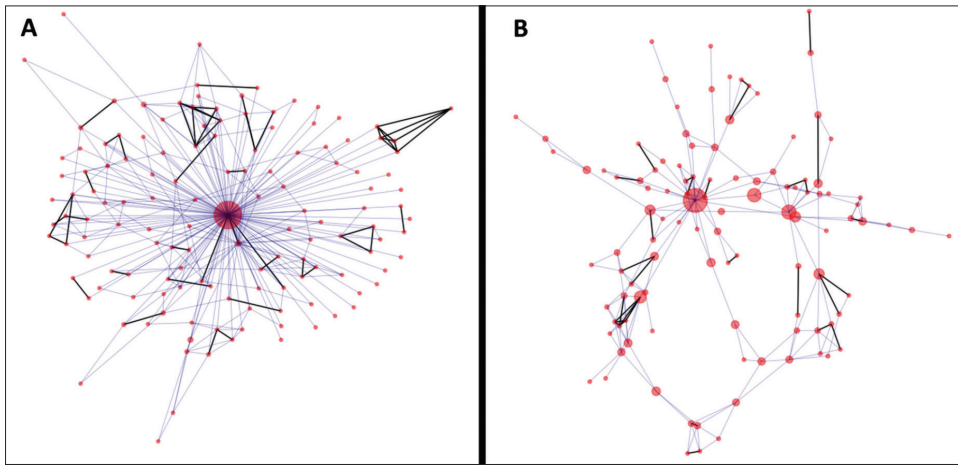


Figure 3. Phylogenetic tree of Merino and Merino-derived breeds constructed with the TreeMix and Phylip programs

4. ábra. A.-B.) A magyar merinók hálózati ábrázolása a páronkénti IBS értékek alapján.



A legnagyobb köztes centralitással rendelkező állatok, amelyeket nagyobb piros pontok ábrázolnak, olyan genetikai részleteket hordoznak, amelyeket különböző részhalmozai más egyedekben is megtalálhatók. B.) Az egyedek hálózata az A. ábrán látható központi állat eltávolítása után. A legmagasabb köztes centralitás értéke 0,936 az A. és 0,744 a B. ábrán.

Figure 4. A.-B.) Network representation of the Hungarian Merinos based on their pairwise identity-by-state values

The animals with the highest betweenness centrality values, depicted by larger red dots, carry sets of genetic material whose different subsets can be found in other individuals connected by lines between the nodes/animals. B.) Network of individuals after removing the central animal seen on plot A. The highest betweenness centrality values are 0.936 and 0.744 on plot A and B., respectively.

rapodáshoz kapcsolódnak. A harmadik ismertett marker (s28948.1) 11,7, illetve 1,5 millió bázisra volt a-választás utáni súlygyarapodással (Zhang és mtsai, 2013), illetve a választási súllyal (Lu és mtsai, 2020) kapcsolt markertől. A fent említett három marker más kutatók által azonosított markerekhez való közelsége (Zhang és mtsai, 2013; Lu és mtsai, 2020) a magyar és a kínai merinó nagy hasonlóságával magyarázható, amelyet a főkomponensek (1. ábra), a páronkénti genetikai távolság (2. táblázat, S1 kiegészítő táblázat) és a dendrogram (3. ábra, S2 kiegészítő ábra) analízisek mutatnak be. Más kutatások még nem számoltak be a 2. és 3. kromoszómán azonosított (OAR2\_137539806.1 és OAR3\_188812728.1), illetve az azokkal szomszédos markerek és a súlygyarapodási mutatók kapcsolságáról.

E tanulmány rálátást nyújt a magyar merinó helyzetére a merinó fajtacsoporton belül. Az eredmények hasznosak lehetnek a merinóból származó fajták szélesebb körén végzett egyéb kutatásokban is.

Az állatok genetikai hasonlóságán alapuló, fajtán belüli hálózatelemzése és annak megjelenítése intuitív eszközt jelenthet bármely faj tenyésztőjének, hogy könnyen bepillantást nyerhessen a populáció genetikai szerkezetébe és azonosíthassa a legnagyobb hatású egyedeket. Több fajta szerkezetének elemzésével lehetővé válik különböző országok eltérő tenyésztési gyakorlatának összehasonlítása, így információt nyerhetünk a tenyésztési módszerek fajtaszerkezetre gyakorolt hatásáról.

3. táblázat

**A magyar merinó napi súlygyarapodásával összefüggő lókuszek listája**

marker	Chr:pozíció (1)	$-\log_{10}p$ (2)	FDR (3)	ASE (4)	Marker vagy Chr <sup>1</sup> :pozíció (tulajdonság); publikáció n (5)	Delta bp (6)
OAR2_137539806.1	2:129172257	19,87	1,6e-17	0,506 ±0,021	2:206466290 (testsúly); <i>Lu és mtsai</i> (2020); 460	77,294,034*
OAR3_188812728.1	3:175738965	17,41	4,6e-15	0,506 ±0,026	3:118519704 (választási súly); <i>Lu és mtsai</i> (2020) 460	-57,219,261*
OAR8_17854216.1	8:15960500	22,70	2,4e-20	0,527 ±0,017	OAR8_16297646.1 (napi súlygyarapod., 6-hónapos súly); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329	-1,302,115
s42441.1	9:81626179	23,36	5,5e-21	0,505 ±0,016	OAR9_91721507.1 (vál. utáni súlygy.); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329	4,779,602
s28948.1	20:27936473	13,46	4,1e-11	-0,333 ±0,024	s72649.1 (vál. utáni súlygy.); <i>Zhang és mtsai</i> (2013) 329  20:26410829 (választási súly); <i>Lu és mtsai</i> (2020) 460	-11,699,128  -1,525,644*

Chr = kromoszóma száma (1);  $-\log_{10}p$  =  $-\log_{10}$  transzformált p értékek (2); FDR = hamis felderítési arány (3); ASE = allél helyettesítési érték és standard hibája (4); n = állatok száma és a referált irodalom (5); delta bp = a *Zhang és mtsai* (2013), vagy *Lu és mtsai* (2020) által talált markerek távolsága a jelen tanulmányban talált markerekhez képest (6); \* = az OAR2\_137539806.1, OAR3\_188812728.1 és s28948.1 az Oar4.0 koordinátákhoz igazított pozíció, melyek így összehasonlíthatók a *Lu és mtsai* (2020) eredményeivel (7)

Table 3. List of loci associated with daily weight-gain of Hungarian Merinos

chromosome number (1);  $-\log_{10}$  transformed p values obtained by multi-locus mixed-model algorithm (2); false discovery rate (3); allele substitution effect and its standard error (4); number of animals in the referred literature (5); distance of the markers found by *Zhang et al.* (2013) or *Lu et al.* (2020) relative to the markers found in this study (6); \* = positions of OAR2\_137539806.1, OAR3\_188812728.1 and s28948.1 were adjusted to Oar4.0 coordinates to make it comparable to the work *Lu et al.* (2020)

Az itt ismertetett standardizált napi súlygyarapodáshoz kapcsolódó lókuszek némelyike nagyon közel állt más kutatócsoportok által, nagyobb egyedszámon végzett vizsgálatokban bemutatott markerekhez (3. táblázat). Ezen markerek gyakorlati alkalmazása javíthatja a bányók napi súlygyarapodását, ami azért fontos, mert a bányaxport továbbra is jelentős bevételt jelent a tenyésztők számára.

## KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A szerzők köszönetüket fejezik ki a Földművelésügyi Minisztérium anyagi támogatásáért és a Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség segítségéért.

## IRODALOMJEGYZÉK

- Addo, S. – Klingel, S. – Hinrichs, D. – Thaller, G.* (2019): Runs of Homozygosity and NetView analyses provide new insight into the genome-wide diversity and admixture of three German cattle breeds. *PLOS ONE*, 14. e0225847.
- Alexander, D. H. – Lange, K.* (2011): Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. *BMC Bioinform.*, 12. 246.
- Barabási, A. L.* (2017): *Network Science*. Libri Könyvkiadó, Budapest.
- Ceccobelli, S. – Landi, V. – Senczuk, G. et al.* (2023): A comprehensive analysis of the genetic diversity and environmental adaptability in worldwide Merino and Merino-derived sheep breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 55. 24.
- Ciani, E. – Lasagna, E. – D’Andrea, M. – Alloggio, I. – Marroni, F. – Ceccobelli, S. – Bermejo, J. V. D. – Sarti, F. M. – Kijas, J. – Lenstra, J. A. – Pilla, F. – the International Sheep Genomics Consortium* (2015): Merino and Merino-derived sheep breeds: a genome-wide intercontinental study. *Genet. Sel. Evol.*, 47. 64.
- Diez-Tascón, C. – Littlejohn, R. P. – Almeida, P. A. R. – Crawford, A. M.* (2000): Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. *Anim. Genet.*, 31. 243–251.
- Éber, E.* (1996): *Progress of animal husbandry in Hungary*. Agroinform Kiadóház, Budapest.
- Felsenstein, J.* (1989): PHYLIP - Phylogeny Inference Package (Version 3.2). *Cladistics*, 5. 164–166.
- Fésüs, L. – Sáfár, L. – Hajduk, P. – Székely, P.* (2002): Role of Merinos in the Hungarian sheep husbandry. *Magy. Állatteny. L.*, 30. 8–9.
- Horn, P.* (1995): *Cattle, sheep and horse breeding*. Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- Internet1*: Instruction manual typifix system. Hilgertshausen, Germany: Agrobiogen GmbH, [cited 2021 Oct 10]. Available from: Authors
- Internet2*: SNP & Variation Suite v8.9.0 manual. Bozeman, US: GoldenHelix, [cited 2021 Febr 12]. Available from: Authors
- Jávor, A.* (2005): Domestic trading, accurately. *Magyar Mezőgazdaság, Magyar Juhászat és Kecsketenyésztés melléklete*, 14. 6–7.
- Jávorka, L. – Annus, K. – Maróti-Agóts, Á. – Gáspárdy, A.* (2014): Impact of Imre Festetics on the Hungarian sheep husbandry. In: 56<sup>th</sup> Georgikon Conference; 2014 Oct 2-3; Keszthely, Hungary.
- Kovácsy, B.* (1923): *Sheep husbandry*. Athenaeum Irodalmi és Nyomdai Társulat Kiadása, Budapest.
- Loukovitis, D. – Szabó, M. – Chatziplis, D. – Monori, I. – Kusza, Sz.* (2022): Genetic diversity and substructuring of the Hungarian merino sheep breed using microsatellite markers. *Anim. Biotech.*, 34. 1701–1709.
- Lu, Z. – Yue, Y. – Yuan, C. – Liu, J. – Chen, Z. – Niu, C. – Sun, X. – Zhu, S. – Zhao, H. – Guo, T. – Yang, B.* (2020): Genome-wide association study of body weight traits in chinese fine-wool sheep. *Animals*, 10. 170.

- Megdiche, S. – Mastrangelo, S. – Hamouda, M. B. – Lenstra, J. A. – Ciani, E. (2019): A combined multi-cohort approach reveals novel and known genome-wide Selection signatures for wool traits in Merino and Merino-derived sheep breeds. *Front. Genet.*, 10. 1025.
- Nagy, Zs. – Németh, A. – Mihályfi, S. – Toldi, Gy. – Gergátz, E. – Holló, I. (2011): The short history of Hungarian sheep breeding and Hungarian Merino breed. *Acta Agr. Kaposváriensis*, 15. 19–26.
- Patterson, N. – Price, A. L. – Reich, D. (2006): Population structure and eigenanalysis. *PLOS Genet.*, 2. e190.
- Peter, C. – Bruford, M. – Perez, T. – Dalamitra, S. – Hewitt, G. – Erhardt, G. et al. (2007): Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. *Anim. Genet.*, 38. 37–44.
- Pickrell, J. K. – Pritchard J. K. (2012): Inference of population splits and mixtures from genome-wide allele frequency data. *PLOS Genet.*, 8. e1002967.
- Schandl, J. (1966): Sheep husbandry. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Segura, V. – Vilhjálmsson, B. J. – Platt, A. – Korte, A. – Seren, Ü. – Long, Q. – Nordborg, M (2012): An efficient multi-locus mixed-model approach for genome-wide association studies in structured populations. *Nat. Genet.*, 44. 825–830.
- Szabó, M. – Kusza, Sz. – Csízi, I. – Monori, I. (2016): Role of Hungarian Merinos in the sheep husbandry. *Agrártud. Közl.*, 69. 1–6.
- Thomson, T. E. – Winney, I. S. – Salles, O. C. – Pujol, B. (2018): A guide to using a multiple-matrix animal model to disentangle genetic and nongenetic causes of phenotypic variance. *PLOS ONE*, 3. e0197720.
- Vahid, Y. – Kóbori, J. (2002): Breeding and selection of Merinos. Szaktudás Kiadó Ház, Budapest.
- Veress, L. – Jankowski, S. T. – Schwark, H. J. (1982): Sheperd's book. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Wang, H. – Zhang, L. – Cao, J. – Wu, M. – Ma, X. – Liu, Z. – Liu, R. – Zhao, F. – Wei, C. – Du, L. (2015): Genome-wide specific selection in three domestic sheep breeds. *PLOS ONE*, 10. e0128688.
- Weir, B. S. – Cockerham, C. C. (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38. 1358–1370.
- Zhang, L. – Liu, J. – Zhao, F. – Ren, H. – Xu, L. – Lu, J. – Zhang, S. – Zhang, X. – Wei, C. – Lu, G. – Zheng, Y. – Du, L (2013): Genome-wide association studies for growth and meat production traits in sheep. *PLOS ONE*, 8.e66569.
- Zhang, Y. – Xue, X. – Liu, Y. – Abied, A. – Ding, Y. – Zhao, S. – Wang, W. – Ma, L. – Guo, J. – Guan, W. – Pu, Y. – Mwacharo, J. M. – Han, J. – Ma, Y. – Zhao, Q. (2021): Genome-wide comparative analyses reveal selection signatures underlying adaptation and production in Tibetan and Poll Dorset sheep. *Sci. Rep.*, 11. 2466.
- Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L. – Mezőszentgyörgyi, D. – Anton, I. (2023): Position of Hungarian Merino among other Merinos, within-breed genetic similarity network and markers associated with daily weight gain. *Anim. Biosci.*, 36. 10–18.

Érkezett: 2023. június

Szerzők címe: Zsolnai, A. – Egerszegi, I. – Rózsa, L – Mezőszentgyörgyi, D – Anton, I.  
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kaposvári Campus, Georgikon Campus

Authors' address: Hungarian University of Agriculture and Life Sciences Kaposvár Campus,  
Georgikon Campus  
H-7400 Kaposvár, Guba Sándor utca 40.  
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.  
zsolnai.attila@uni-mate.hu



# SZEMES CIROK, MINT A KUKORICA LEHETSÉGES ALTERNATÍVÁJA A TAKARMÁNYOZÁSBAN

## IRODALMI ÁTTEKINTÉS

TÓTH ARIEL – HUSVÉTH FERENC – TÓTH ZOLTÁN

### ÖSSZEFOGLALÁS

A globális klímaváltozás negatív hatásai a magyarországi kukoricatermesztésben is egyre határozottabban mutatkoznak meg, ezért fontos számításba venni olyan alternatív kultúrnövényeket, amelyek termesztése a megváltozott körülmények között is eredményesen folytatható, továbbá amelyek a takarmányozásban is alkalmasak lehetnek a kukorica kiváltására. A szakirodalmi áttekintés elsődleges célja a szemes cirok azon tulajdonságainak részletes ismertetése, melyek alapján a takarmányozásban a kukorica alternatívájává válhat. Számos szakirodalmi forrás alapján fejti ki a szemes cirok termesztésének aszályos viszonyok közötti előnyeit. Ezen felül az áttekintés a szemes cirok és a kukorica előnyös és előnytelen beltartalmi mutatóiból és korábbi takarmányozási kísérletek eredményeiből kiindulva fejti ki, hogy a fő tenyésztett állatfajok (kérődzők, baromfifajok, sertés) esetében milyen hatásokkal járhat a kukorica szemes cirokkal történő részleges vagy teljes kiváltása. Fő következtetés, hogy a mai kis tannintartalmú szemes-, illetve silócirok-hibridek a legtöbb használat esetében eredményesen alkalmazhatóak mind tömegtakarmányként, mind a takarmánykeverékekben.

### SUMMARY

*Tóth, A. – Husvéth, F. – Tóth, Z.: SORGHUM AS A POTENTIAL ALTERNATIVE TO CORN IN ANIMAL NUTRITION – LITERATURE REVIEW*

Negative effects of climate change appear more and more markedly in Hungarian corn production. This emphasizes the importance to find alternative crops, the cultivation of which can be successfully continued even under the changed conditions and can also be suitable for replacing corn in animal nutrition. The main aim of this literature review is to describe the properties of grain sorghum, which can be an alternative feed component to replace corn in animal nutrition. The advantages of grain sorghum in drought-prone environments are studied in numerous literatures. They underline that sorghum can be economical to be produced on soils which are unfavorable for corn, because it has a lower transpiration coefficient and it is also more tolerant to biotic and abiotic stress factors, furthermore the purchase price of feed grain sorghum is roughly the same as that of corn. Based on earlier published results, comparing nutritional values of sorghum and corn, this review explains the effects of partial and complete replacement of corn with grain sorghum, in the case of the main farm animals (ruminants, poultry, pigs). Feeding the green parts of sorghum (grazing or in TMR), it is important to pay attention to the fact that grazing can start only at a height of 60 cm of the plant, because in earlier stages of development sorghum can contain cyanoglycosides. Proper treatments (drying, fermentation, etc.) of both green and grain sorghum are also essential before feeding. Flaking of sorghum grain increases its digestibility and it becomes suitable for the partial replacement of corn by ruminants. In case of poultry, sorghum grain can be fed without grinding, so processing costs can also be reduced. However, even a low tannin content can adversely affect the production parameters of animals, so it should be used in 1:1 proportion in a mixture with corn. In case of pigs, tannin content is the only component that decreases the perfect utilization of sorghum. In feeding experiments comparing sorghum to corn, similar results were found when sorghum hybrids were used with a negligible tannin content. The main conclusion of the articles referred to in this review is that today's grain sorghum hybrids with a low tannin content can be effectively used in the case of most farm animals, both in forage or concentrate feeding, if the proper ratio is applied in the feeds. Increasing the nutritive values of sorghum varieties and developing tannin-free sorghum hybrids may be decisive in animal husbandry for the future.

## BEVEZETÉS

A megfelelő klíma a mezőgazdaság termelékenységének egyik kulcstényezője (*Cumhur és Malcolm, 2008*). Az *Éghajlatváltozási Kormányközi Testület* (IPCC) 2021-ben kiadott hatodik értékelő jelentése alapján 20 éven belül valószínűleg átlépjük a globális 1,5 °C-os hőmérsékletemelkedést (IPCC, 2021). Az üvegházhatás erősödése a magyarországi éghajlat szárazabbá és napfényben gazdagabbá válását okozhatja (*Mika, 2002*). Ezeken felül az előrejelzések és az eddigi tapasztalatok alapján valószínű, hogy az éves csapadékmennyiség eloszlása is át fog alakulni. A szezonális csapadékmennyiség az őszi-téli félévben várhatóan növekedni, a tavaszi-nyári félévben pedig csökkenni fog (*Bartholy, 2007*). Az OMSZ 1901-2021 közötti adatsorai alapján az országos évi átlag középhőmérséklet a lineáris trendbecslés alapján szignifikánsan emelkedik, míg az éves csapadékösszeg átlagosan 3,4%-os csökkenést mutat (OMSZ, 2021). Ezen felül nőtt a szélsőségesen csapadékos és szélsőségesen száraz évek gyakorisága is. A mezőgazdaság a klímaváltozás által legközvetlenebbül érintett gazdasági ágazat.

Az éghajlatváltozás nagymértékben formálhatja át az egyes mezőgazdasági területek jellemzőit, melynek következtében a hagyományos szántóföldi növények gazdaságos előállítására való alkalmasságuk jelentősen csökkenhet. Ez a humán élelmezést közvetlenül és közvetetten – a hagyományos takarmánynövények kisebb termésmennyiségén keresztül – is érintheti. Hazánkban a használatban lévő szántóterületek ~60%-án gabonanövényeket termesztnek, melyből 42% (~1.000.000 ha) kukorica (*KSH, 2019*). *Pásztor és Fodor (2010)* országunk agroökológiai potenciáljának jövőjét kísérelték meg 4M szimulációs modell alkalmazásával felmérni a klímaváltozás függvényében. Eredményeik szerint elsősorban a klímaváltozás negatív hatásai fognak érvényesülni, mely a kukorica termésátlagának csökkenését vetíti előre. A termelői tapasztalatok azt mutatják, hogy a magyar kukoricatermesztés - elsősorban a tenyészidőszakban tapasztalható vízhiány miatt – már most is kockázatosabbá vált (*Király, 2017*). A kukorica számára kedvezőtlenebbé vált termőhelyi feltételek által okozott termés kiesés értelemszerűen a piaci árakban is megmutatkozik, melyek egyik fő elszenvedői az állattartók. Az érintett területeken előremutató lehet a klímaváltozással járó kihívásokat jobban toleráló gazdasági növényeket termesztetni. A világ számos régiójában a szemes cirok helyettesíti a kukoricát, nagy terméshozamának, remek víz-, hőmérséklet- és stressztűrőképességének köszönhetően (*Espitia-Hernández és mtsai, 2020*). A gyengébb adottságú területeken a takarmánycirok-fajták, mind tömegtakarmányként, mind pedig abrakként biztonságosabban termesztethetők (*Bocz, 1992*).

E szakirodalmi áttekintés elsődleges célja összegyűjteni a szakirodalom azon kiemelt kutatási eredményeit, amelyek a szemes cirok alternatív takarmányként való alkalmazásának jogosultságát igazolják, a legfontosabb tenyésztett állatfajok esetében. További cél felhívni a figyelmet a szemes cirokban, mint takarmánynövényben rejlő lehetőségekre, különös tekintettel a klímaváltozás miatt, a kukorica számára alkalmatlanabbá váló területeken.

## A SZEMES CIROK ÉS A KUKORICA TERMÉSEREDMÉNYEINEK ÖSSZEHASONLÍTÁSA

A kukorica termés csökkenését elsősorban a magas hőmérséklet és az éves csapadékmennyiség kedvezőtlenebbé váló eloszlása okozza (Széles és mtsai, 2018). Ezek főként a generatív időszakban veszélyeztetik a kukorica termésmennyiségét. Meza és mtsai (2008) szerint a kukorica termés csökkenése a klímaváltozási forgatókönyv és a természetett hibrid függvényében 10-30% is lehet. Ezzel szemben láthatjuk, hogy a 2022-es, meglehetősen aszályos és meleg év tenyészidőszakában az Alföldön és a közép-magyarországi régió egyes területein a kukoricatermés csaknem egésze (~300.000 ha) megsemmisült.

A szemes cirok termesztése -mivel termése a kukorica számára kedvezőtlenebb körülmények között is elérheti a 4-5 t/ha-os szintet - a kukoricának nem kedvező talajokon is gazdaságosnak tekinthető (Bocz, 1992). A KSH 2021-es adatai alapján a cirok mag felvásárlási ára (66891 Ft/t) sem tér el jelentősen a takarmánykukorica felvásárlási áráról (73023 Ft/t).

Hozama korlátozott vízellátás mellett meghaladja a kukoricáét (Turhollow és mtsai, 2010). A szemes ciroknak 1 kg szárazanyag előállításához csupán 150-250 liter vízre van szüksége (Assefa és mtsai, 2010), míg a kukorica transzspirációs koefficiense 163-368 liter víz / 1 kg szárazanyag (Dobos és Megyes, 2013). Staggengborg és mtsai (2008) a szemes cirok és a kukorica terméskülönbségét vizsgálták Kansasban és Nebraskában. Eredményeikben leírták, hogy a szemes cirok azokon a területeken termelt többet a kukoricánál, ahol a kukorica termésátlagos 6,4 t/ha alá csökkent. A KSH felmérései alapján 2010 és 2022 között a kukorica termésátlagos Magyarországon 3,4 t/ha és 8,6 t/ha között, igen széles skálán mozgott. Általánosan elmondható, hogy a vízellátási és hőmérsékleti szélsőségeknek jobban kitett régiókban (Közép-Magyarország, Alföldi régiók) figyelhetők meg gyakrabban alacsonyabb termésátlagok. Elsősorban ezen területek kiemelt részein térülne meg a szárazságot és vízhiányt jobban toleráló szemes cirok termesztése.

## A SZEMES CIROK ÉS A KUKORICA BELTARTALMI MUTATÓINAK ÖSSZEHASONLÍTÁSA

A szemes cirok beltartalma (1. táblázat) a kukoricáéhoz hasonló, azonban fehérjetartalma általánosságban nagyobb, nyerszsír- és energiatartalma pedig valamivel kisebb, mint a kukoricáé. Teljes emészthető táplálóanyag-tartalma a kukoricáénak a 85-97%-át teszi ki (Cousins és mtsai, 1981). A szemes cirok csupán ~5,68%-kal kevesebb metabolizálható energiával rendelkezik a kukoricához viszonyítva (Rostagno és mtsai, 2011). A nagyobb fehérjetartalom ellenére néhány esszenciális aminosav (pl. lizin, metionin, treonin) emészthetősége relatíve kisebb, mint kukorica esetében (Rostagno és mtsai, 2011). Ezekon felül B-vitaminok kiváló forrása. Tartalmaz tiamint, riboflavint, niacint, piridoxint, pantoténsavat, biotint és folsavat, valamint egyéb vitaminokat, mint például A-, D-, E- és K-vitaminokat (Taylor, 2003). Tartalmaz továbbá karotinoidokat, fitoszterolokat és polikozanolokat is (Awika és Rooney, 2004).

Említésre méltó a cirokfélék azon tulajdonsága, miszerint a betegségekkel és rovarkártevőkkel szembeni ellenállóképességük igen jó, így az azonos időjárás

körülmények közt termelt takarmány mikotoxin-szennyezettsége is kevésbé jellemző, mint a kukorica esetében (Ssepuyya és mtsai, 2018). Ezt igazolja Mpuchane és mtsai, (1997) felmérése is, miszerint a silókban betárolt szemes cirok és kukorica minták közül általánosságban a kukorica minták mutatnak magasabb gombák általi szennyezettséget.

Fontos szót ejteni a szemes cirok maghéjának tannintartalmáról is. A tannin az egyik legfontosabb tényező, amely befolyásolja a cirok takarmányozási értékét. A tanninok, a természetben előforduló polifenol-vegyületek, melyek többnyire kétszikű növényekben, leggyakrabban hüvelyesekben található meg (Mahmood és mtsai, 2014). Hatásukat tekintve csökkentik az emésztőenzimek aktivitását, a

1. táblázat

**A szemes cirok és a kukoricaszem beltartalmi mutatóinak összehasonlítása**  
(Sibbald, 1977; NRC, 1994; Eckhoff és Paulsen, 1996; Rostagno és mtsai, 2011; Li és mtsai, 2014; Marta és mtsai, 2017; Abah és mtsai, 2020; Faqih és mtsai, 2020; Riffat, 2020)

Összetétel (1)	Szemes cirok (2)	Kukoricaszem (3)
Szárazanyag (4)	87-89,4%	88,3-89%
Emészthető energia (5)	13,8-16,4 MJ/kg	16,5-17,5 MJ/kg
Metabolizálható energia (6)	13,8-16,6 MJ/kg	15,9-17,2 MJ/kg
Nyersfehérje (7)	10-12%	8-10%
Lizin / 100 g fehérje (8)	1,1-3,6 g	1,5-3 g
Nyersrost (9)	1-3,4%	2,4-3,7%
Lignin	~2%	~1,2%
Nyerszsír (10)	3,3-3,4%	3,5-5%
Keményítő (11)	55-75%	70-73%
Nyershamu (12)	1,3-3,3%	1-1,6%
Oldható cukor (13)	0,7-4,2%	1-3%
Összes ásványi anyag (14)	~1,5%	~1,2%
Kalcium (15)	0,28 g/kg	~0,09 g/kg
Foszfor (16)	~2,87 g/kg	~3,8 g/kg
Magnézium (17)	~1,5 g/kg	~1,2 g/kg
Vas (18)	~4,4 mg/100g	~4,6 mg/100g
Tiamin	~0,35 mg/100g	~0,4 mg/100g
Riboflavin	~0,15 mg/100g	~0,1 mg/100g
Niacin	~4,65 mg/100g	~3,6 mg/100g
Tannin	10-722 mg/100g	-
Glutén	-	-

Table 1. Comparison of the nutrient contents in sorghum and corn grains

Composition (1); sorghum grain (2); corn grain (3); dry matter (4); digestible energy (5); metabolizable energy (6); crude protein (7); lysine / 100g protein (8); crude fiber (9); crude fat (10); starch (11); crude ash (12); soluble sugar (13); total minerals (14); calcium (15); phosphorus (16); magnesium (17); iron (18)

fehérje és az aminosavak emészthetőségét, valamint az ásványianyag- és vitaminfelvételt (Chung és mtsai, 1998). Ezzel egyidejűleg viszont daganatmegelőző, gyulladáscsökkentő és antibakteriális hatásuk pozitívumként könyvelhető el (Nagy és mtsai, 2021).

Genotípusuk és beltartalmuk szerint a szemescirokokat három csoportba sorolhatjuk. Az I. típusú (vagy fehér cirok), nem rendelkezik pigmentált maghéjjal és kicsi a tannintartalma (0,28 g/kg). A II. típusú (vagy vörös cirok) pigmentált maghéjjal rendelkezik nagyobb tannintartalommal (4,48 g/kg), a III. típusú (szintén pigmentált, fekete) cirok pedig nagyobb mennyiségben (11,95 g/kg) tartalmaz tannint (Dykes és Rooney, 2006). Nagy és mtsai (2021), a köztermesztésben leggyakrabban alkalmazott szemes cirok-hibridekkel végzett kutatása szintén igazolja a szín és tannintartalom közti összefüggéseket. A vizsgált vörös (*Alföldi1*, *Zádor*, *Foehn*) és fehér (*Albita*, *Albanus*) típusok közül általánosságban a vörös hibridek mutattak nagyobb tanninkoncentrációkat. A nemesítői törekvések eredményeként a mai szemescirok-hibridek csupán elhanyagolható mennyiségű tannint tartalmaznak.

## A SZEMES CIROK FELHASZNÁLÁSI LEHETŐSÉGEI A TAKARMÁNYOZÁSBAN

Kérődzők esetében *Herrera-Saldana és Huber* (1989) megállapították, hogy a gabonanövények közül a cirokmag keményítőjének bendőbeli lebonthatósága a legrosszabb, mivel a cirokban lévő keményítő-fehérje mátrix jobban ellenáll a mikrobiális eredetű enzimes bontásnak, mint pl. a kukorica esetében. *Nocek és Tamminga* (1991) számításai szerint a cirokdara összes keményítőjének bendőbeli lebonthatósága az összes keményítőtartalom %-ában 51-57,3%, míg a kukoricadaráé 53,1-67% körül alakul. A cirokkeményítő emészthetőségének javítása érdekében a cirokmagot pelyhesítik, melynek következtében a cirokpehely keményítőjének emészthetősége 98%-ra növekszik (NRC, 2001). *Theurer és mtsai* (1999) az őrlt és pelyhesített cirok és kukorica hatásait vizsgálták tejhasznú tehenek esetében. Eredményeikre alapozva leírták, hogy a pelyhesített takarmányok hatása közel azonos volt, emellett a pelyhesítés növelte a tejtermelést és a tej fehérjetartalmát is. *Buonaiuto és mtsai* (2021) a kukoricaliszt, mint keményítőforrás szemescirokklisztre való teljes cseréjének hatásait vizsgálták tejhasznú tehenek széna alapú TMR takarmányában. A tej, mint végtermék minőségében nem tapasztaltak negatív változásokat. *Mitzner és mtsai* (1994) hasonló kutatásuk eredményeként azt tapasztalták, hogy a kukorica szemes cirokkal történő cseréje nem befolyásolta negatívan sem a DMI-t, sem a tejtermelést, sem annak zsírtartalmát, viszont pozitívan befolyásolta a fehérjetartalmat.

Húsmarhák esetében *Ferreira és mtsai* (2020) Nellore húsmarhákön vizsgálták a kétféle takarmány hatását a hús minőségére. Nem tapasztaltak komolyabb eltéréseket sem a pH, sem a hús kémiai összetétele, sem a sütési veszteségek tekintetében, viszont a bőr alatti zsírszövet színében (mely a kukoricával etetett egyedek esetében sárgább volt), igen. *Brandt és mtsai* (1992) hasonló eredményeket írtak le. A cirokkal és kukoricával etetett húsmarhák végtermékeinek minőségi és érzékszervi vizsgálatánál szignifikáns eltéréseket nem detektáltak, viszont a bőr alatti zsírszövet sárgább színét ők is megfigyelték a kukoricával etetett állatok esetében. A fentebb leírtak alapján a megfelelően kezelt cirokmag