

TÖBBFAJTÁS HÚSMARHA TENYÉSZÉRTÉK-BECSLÉS A VÁLASZTÁSI EREDMÉNYEK ALAPJÁN

BENE SZABOLCS — KOMLÓSI ISTVÁN —
NAGY BARNABÁS — LENGYEL ZOLTÁN — SZABÓ FERENC

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők a keszthelyi extenzív láptérületi legelőn, azonos körülmények között tartott 9 fajta (magyar tarka, hereford, aberdeen angus, red angus, lincoln red, limousin, charolais, blonde d'aquitaine, shaver) teheneinek 1997 és 2006 között született különböző genotípusú 603 borjának (297 bika és 306 üsző; 388 fajtatiszta és 215 F₁-es) választási eredményét értékelték. A munka során variancia és kovariancia komponenseket, örökölhetőségi értékeket, valamint korrelációk együtthatókat számoltak. Az értékelést három különböző egyedmodellel végezték.

A választási súly (VS), súlygyarapodás (SGY) és a 205. napos súly (KVS) direkt örökölhetősége (h^2_d) 0,30–0,51 közötti közepes, anyai örökölhetősége (h^2_m) 0,07–0,15 gyenge. A direkt és az anyai genetikai hatás közötti korreláció (r_{dm}) a VS és a SGY esetén negatív, –0,12 és –0,27 közötti. Az anyai genetikai és az anyai állandó környezeti hatás együtt kisebb mértékben járult a fenotípusozhoz, mint a direkt genetikai hatás ($h^2_m + c^2 < h^2_d$). A teljes örökölhetőség (h^2_T) 0,37–0,47 közötti volt.

A három, a fix hatásokban különböző modell nagyon kis eltérésekkel hasonló eredményeket mutatott. A velük becsült tenyésztésiértékek és rangsorok között nem volt számottevő különbség ($r_{rang}=0,93–0,99$), tehát azonos környezetben az „egyszerűbb” felépítésű modellek is sikeresen alkalmazhatók.

SUMMARY

Bene, Sz. – Komlósi, I. – Nagy, B. – Lengyel, Z. – Szabó, F.: MULTIBREED BEEF CATTLE BREEDING VALUE ESTIMATION BASED ON WEANING RESULTS

Weaning results of 603 calves (297 male and 306 female; 388 purebreds and 215 crossbreeds) born from 9 dam breeds (Hungarian Fleckvieh, Hereford, Aberdeen Angus, Red Angus, Lincoln Red, Limousin, Charolais, Blonde d'Aquitaine, Shaver), kept among the same conditions on a peat-bog soil pasture at Keszthely, were evaluated between 1997–2006. Variance, covariance components, heritability values and correlation coefficients were estimated. Three different animal models were used for the estimation.

The direct heritability (h^2_d) of weaning weight, pre-weaning daily gain and 205th day weight was between 0.30 and 0.51, the maternal heritability (h^2_m) of these traits was 0.07 and 0.15. The direct-maternal correlations (r_{dm}) in weaning weight and pre-weaning daily gain were –0.12 and –0.27. Contribution of the maternal heritability and maternal permanent environment to phenotype is smaller than that of direct heritabilities ($h^2_m + c^2 < h^2_d$). The total heritability was between 0.37 and 0.47.

The results obtained with three different animal models were similar with only minute divergences. The rank-correlation between the three models was strong and positive ($r_{rang}=0.93–0.99$; $P<0.01$); therefore, the simpler models are successfully adaptable.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A húsmarha-tenyésztők a többfajtás tenyészérték-bebecslésre az utóbbi időben egyre több figyelmet fordítanak világszerte. E módszer lényege, hogy egyidejűleg több fajta, vagy fajták és keresztezett állományok adatbázisát egyidejűleg értékelik.

Az eljárást elsősorban keresztezett, vagy olyan állományokban használják, amelyekben egyszerre több fajta van jelen. A többfajtás tenyészérték-bebecslés előnye elsősorban az, hogy alkalmazásával a keresztezési célra használt tenyészállatok megítélése pontosabb, megbízhatóbb lesz, ugyanis a módszer figyelembe veszi a kombinálódó képességet, azaz a keresztezések során megnyilvánuló speciális tenyészértéket is.

A gyakorlatban többfajtás bebecslésre használt módszer az ausztrál BREEDPLAN, amely egy a BLUP egyedmodellre épülő húsmarha tenyészérték-bebecslési technológia, melyet 1985 óta használnak fajtán belül, illetve keresztezett állományokban. A tenyészértékeket (*estimated breeding value*, EBV) ezzel a módszerrel egyidejűleg több tulajdonságcsoporthoz (pl. ellés lefolyása, növekedés, vágóérték stb.) lehet bebecsléni.

A BREEDPLAN első verzióját Ausztráliában, a New England Egyetem és a New South Wales Mezőgazdasági Intézet fejlesztette ki, 1984-ben. A mai Nemzetközi Állomány Nyilvántartó Rendszer modelljének több mint 80 tenyésztő egyesület tagja szerte a világon. A modell jelenleg 41 húsmarha fajta, és azok keresztezett állományait kezeli. A BREEDPLAN-t ma 17 országban alkalmazzák, lefedve ezzel a világ húsmarha állományának több mint 75%-át. Hazánkban a Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete, valamint a Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete foglalkozik a BREEDPLAN modellel. Néhány elemzést Limousin Tenyésztők Egyesülete is végeztetett.

A keresztezett állományokban — valamint több fajta együttes értékelésekor — használt tenyészérték-bebecslés módszere abban különbözik a fajtatiszta állományokétól, hogy itt a fajták közötti genetikai különbségekkel, genetikai kapcsolatokkal és a heterózis hatással is számolni kell (*Greaser*, 1999). A BLUP alapú BREEDPLAN modell alkalmas a többfajtás tenyészérték-bebecslésre (*multibreed breeding value estimation*, MBVE, MBE), ha a megfelelő adatok rendelkezésre állnak (*Newman és mtsai*, 2002).

Több fajtából álló keresztezett populációban a tenyészértékek bebecsléséhez elsőként *Notter és Cundiff* (1991) közöltek alapadatokat, amelyeknek azonban akkoriban csak kis jelentősége volt. *Rodríguez-Almeida és mtsai* (1997) ismételtén felhívták a figyelmet a keresztezett populációkban történő tenyészérték-bebecslés növekvő fontosságára. Ezt azért tartották fontosnak, mert a többfajtás bebecslés során kapott eredmények kiterjeszthetők a fajtatiszta és a keresztezett állományok még teljesebb körű jellemzésére.

Az évek során több modell (*Elzo és Famula*, 1985; *Arnold és mtsai*, 1992; *Pollak és Quaas*, 1998; stb.) készült a többfajtás tenyészérték-bebecslés még pontosabb elvégzéséhez. A többfajtás tenyészérték-bebecslés a genetikai előrejelzéshez tehát különböző fajtájú állatok értékmérőit, így a fajtatiszta, vagy keresztezett borjak adatait, használja. Ez a módszer nem csak a borjak közötti különbséget használja fel a tenyészértékek bebecsléséhez, hanem a fajták közötti különbséget, és a heterózis hatást is figyelembe veszi.

A tenyészték-bebecslés során fontos, hogy a populációgenetikai paraméterek rendelkezésünkre álljanak az adott tulajdonságról, és a lehetőség szerint azokon az állományokon határozzuk meg értéküket, amelyeken a tenyészték-bebecslést végezzük.

A választási tulajdonságok genetikai paramétereinek, variancia és kovariancia komponenseinek bebecslésével számos külföldi és hazai kutató foglalkozott (Willham, 1972; Cubas és mtsai, 1991; Van Vleck és mtsai, 1992, 1996; Meyer, 1992, 2004; Núñez-Dominguez és mtsai, 1993, 1995; Meyer és mtsai, 1993; Eler és mtsai, 1995; Falconer és Trudy, 1996; Cameron, 1997; Lee és mtsai, 1997; Pariacote és mtsai, 1998; Splan és mtsai, 1998, 2002; Dodenhoff és mtsai, 1999; Sullivan és mtsai, 1999; Carnier és mtsai, 2000; Szőke és Komlósi, 2000; Benett és Gregory, 2001; Duangjinda és mtsai, 2001; Lengyel és mtsai, 2004; Iwaisaki és mtsai, 2005; Roso és mtsai, 2005). Ezen munkák eredményeit részletesen korábbi cikkünkben (Bene és mtsai, 2006) mutattuk be. A felsorolt publikációkban néhány általános összefüggés, és több fajtára vonatkozó konkrét eredmény is található.

Számos szerző szerint a fajtatiszta és a keresztezett állományokban megállapított genetikai paraméterek különbözhetnek (eltérhetnek) egymástól (Splan és mtsai, 1998, 2002; Sullivan és mtsai, 1999; Newman és mtsai, 2002). Keresztezett állományokban gyakran a direkt-anyai genetikai korreláció (r_{dm}) értéke kisebb, mint fajtatiszta populációkban. Szabó (1993), valamint Gregory és mtsai (1995) ugyanakkor azt tapasztalták, hogy azonos körülmények között tartott fajtatiszta és keresztezett állományok fontosabb tulajdonságainak genetikai varianciája és örökölhetősége nem tért el jelentősen.

Az 1. táblázatban a választási tulajdonságok örökölhetőségi értékeit foglaltuk össze keresztezett, valamint fajtatiszta állományokban (Lengyel, 2005). A táblázatban látható, hogy a keresztezett populációkban tapasztalt örökölhetőségi értékek csak kis mértékben, vagy egyáltalán nem különböznek a fajtatiszta állományokban tapasztaltaktól.

1. táblázat

A választási súly és a súlygyarapodás örökölhetősége

Forrás(1)	Tulajdonság(2)	Fajta(3)	Ország(4)	$h^2_d(5)$	$h^2_m(6)$	$r_{dm}(7)$
Ahunu és mtsai, 1997	VS(8)	keresztetett(10)	Ghána	0,38		-0,29
Crews és Kemp, 1999	SGY(9)	keresztetett(10)	Kanada	0,12	0,22	
Dodenhoff és mtsai, 1999	VS(8)	keresztetett(10)	USA	0,20	0,15	-0,25
Gutiérrez és mtsai, 2007	VS(8)	keresztetett(10)	Spanyol	0,45	0,14	-0,44
Kaps és mtsai, 2000	VS(8)	angus	USA	0,53	0,18	-0,51
Keeton és mtsai, 1996	VS(8)	limousin	USA	0,25	0,19	-0,44
Lee és mtsai, 1997	VS(8)	szimentáli	USA	0,21	0,09	-0,07
Meyer és mtsai, 1993	VS(8)	hereford	Ausztrália	0,22	0,18	-0,30
Roso és mtsai, 2005	VS(8)	keresztetett(10)	USA	0,32	0,20	-0,63
Splan és mtsai, 1998	VS(8)	keresztetett(10)	USA	0,16	0,34	
Splan és mtsai, 2002	VS(8)	keresztetett(10)	USA	0,14	0,19	-0,18
Van Vleck és mtsai, 1996	VS(8)	charolais	USA	0,16	0,12	0,40

h^2_d =direkt örökölhetőség(5); h^2_m =anyai örökölhetőség(6); r_{dm} =direkt-anyai kovariancia(7); VS=választási súly(8); SGY=súlygyarapodás(9)

Table 1.: Heritability values of preweaning daily gain and weaning weight source(1), trait(2), breed(3), country(4), h^2_d =direkt heritability(5), h^2_m =maternal heritability(6), r_{dm} =direct maternal genetic covariance(7), VS=weaning weight(8), SGY=preweaning daily gain(9), crossbreed(10)

Munkánk célja azonos körülmények között tartott vegyes genotípusú populációban a genetikai paraméterek és a tenyésztértekek becslése volt.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Munkánkat a Georgikon Mezőgazdaságtudományi Kar húsmarha-állományának adatai alapján végeztük. A vizsgálatot az 1997 és 2006 közötti hétéves időszakra, és kilenc fajtára (magyar tarka, hereford, aberdeen angus, red angus, lincoln red, limousin, charolais, blonde d'aquitaine, shaver) terjesztettük ki.

Az értékelésbe vont állatok tartása, takarmányozása a vizsgálatot megelőzően és a vizsgálat alatt is azonos volt. A húsmarha-állományt épület nélkül, mintegy 300 ha nagyságú, különösen extenzív, láptalajú legelőn tartották. A legelőt szakaszokra osztották, a szakaszokat stabil kerítéssel, és mobil villanypásztorral határolták el. A tehénállomány kora tavasztól késő őszig a legelőszakaszokon volt, teletetésük épület nélkül, a növendékeké zárt istállóban történt.

Az állatok takarmányellátását a tavaszi és nyári időszakban a legelő gypptermeése, az őszi és téli időszakban kukoricatartó legeltetése, silókukorica szilázs és széna képezte. Az állatok számára egész évben rendelkezésre állt a mikroelemekkel (Se, Zn, Cu, Mn) kiegészített nyalósó.

A telepen — az oktatási szempontok miatt is — a fajták létszámának megőrzése volt a cél. Selejtezésre kizárólag a nagyon idős, beteg, vagy nagyon hosszú időn át nem vemhesülő egyedek kerültek. Hormonkezelést, ivarzás-szinkronizálást, külön takarmányadagot a vizsgált időszakban egyetlen tehén sem kapott, mind a tartási, mind a takarmányozási, mind pedig állatorvosi kezelésben (védőoltások stb.) azonos körülményeket biztosítottak számukra.

A tehenek pároztatásában és elletésében szezonálításra törekedtek, a fő termékenyítési időszak június, július volt. A vizsgált időszakban a telepen hét fajta bikái (hereford, aberdeen angus, red angus, magyar tarka, limousin, charolais és blonde d'aquitaine) fedeztek, ezeknek és a fajtájukba tartozó teheneknek a pároztatási időszakban külön legelőszakaszon háremeket alakítottak ki. Az év többi részében a bikákat elkülönítették a tehenektől, és a teheneket egy gulyában tartották.

A borjakat választásukig anyjukkal együtt tartották. Fő táplálékuk a kiszoptott tej volt, emellett borjúóvodákban elhelyezett abrakból is *ad libitum* fogyaszthattak. A tavasszal született borjak választása ősszel történt, a növendékeket ivar szerint különválogatták, és a fajtatiszta növendékűző szaporulatot tovább nevelték. A borjak súlyát születéskor és választáskor egyedileg mérlegették.

A vizsgálatunk során három tulajdonságot értékeltünk, nevezetesen a választási súlyt, a súlygyarapodást és a 205. napos súlyt.

A „vegyes” genotípusú, azaz több fajtát tartalmazó populációban — *Van Vleck és mtsai* (1992), *Núñez-Dominguez és mtsai* (1995), *Splan és mtsai* (2002), valamint *Roso és mtsai* (2005) vizsgálataihoz hasonlóan — végzett értékelésünkben 27 tenyészbika (6 magyar tarka; 3 red angus; 3 aberdeen angus; 4 hereford; 2 lincoln red; 3 limousin; 4 charolais; 2 blonde d'aquitaine) 1997–2006 között született 603 ivadékanak (297 bika és 306 üsző; 388 fajta-

tiszta és 215 F₁-es) adatai szerepeltek. A vizsgált populáció rokonság szerinti összetételét a 2. táblázat ismerteti.

2. táblázat

A populáció összetétele

Megnevezés(1)	n
Összes egyed(2)	811
Összes borjú(3)	603
Apa(4)	27
Anya(5)	202
Apai nagyapa(6)	0
Anyai nagyapa(7)	14
Összes nagyapa(8)	14
Apai nagyanya(9)	0
Anyai nagyanya(10)	21
Összes nagyanya(11)	21
Borjú saját teljesítmény nélkül(12)	0

Table 2.: The composition of the population

designation(1), number of animals in total(2), number of animals with records(3), sires(4), dams(5), paternal grand sire(6), maternal grand sires(7), total grand sires(8), paternal grand dams(9), maternal grand dams(10), total grand dams(11), calf without own performance(12)

Munkánk első lépésében normalitás (Shapiro-Wilk teszt), és homogenitás (Bartlett-próba) vizsgálatot végeztünk. Ezek után egytényezős varianciaanalízissel meghatároztuk a választási eredményeket a borjú genotípusa, valamint az apa és az anya fajtája szerint. A fajták közötti különbségeket, a nagyon különböző létszámok miatt *Tukey* próbával értékeltük.

A több fajtára kiterjedő értékelést három különböző egyedmodellel végeztük. Ezek annyiban különböztek egymástól, hogy *Splan* és *mtsai* (2002) vizsgálatához hasonlóan, minden esetben más-más fix hatásokat építettünk a modellekbe (3. táblázat). Ezen kívül a modellek teljesen azonosak voltak, mindhárom tartalmazta az anyai genetikai hatást, és az anya állandó környezeti hatását is. A választási súly és a súlygyarapodás esetén figyelembe vettük a választási életkor hatását is, mint kovariánst.

Az egyedmodell általános alakja a következők szerint írható fel (y =a megfigyelés vektora (tulajdonság); b =a fix hatás(ok) vektora; u =a véletlen hatás vektora (egyed); m =az anyai genetikai hatás vektora; p =az anya állandó környezeti hatásának vektora; e =hiba vektor; X =a fix hatások előfordulási mátrixa; Z =a véletlen hatások előfordulási mátrixa; W =az anyai genetikai hatás előfordulási mátrixa; S =az anya állandó környezeti hatásának előfordulási mátrixa):

$$y = Xb + Zu + Wm + Sp + e$$

Ezt követően a három egyedmodellt összehasonlítottuk. A modellnek az apák rangsorára gyakorolt hatást *Núñez-Dominguez* és *mtsai* (1995), valamint *Lengyel* (2004, 2005) vizsgálataihoz hasonlóan, rangkorreláció számítással határoztuk meg.

Az alkalmazott egyedmodellek

Fix hatások(1)	Az alkalmazott egyedmodell(2)		
	1. modell	2. modell	3. modell
Apa fajtája(3)	—	—	+
Anya fajtája(4)	—	+	+
Borjú genotípusa(5)	+	+	—
Anya elléskori életkora(6)	+	+	+
Borjú születési éve(7)	+	+	+
Borjú születési évszaka(8)	+	+	+
Borjú ivara(9)	+	+	+

+ = a modell ezt a hatást tartalmazza; — = a modell ezt a hatást nem tartalmazza(10)

Table 3.: The statistical models

fix effects(1), used animal model(2), breed of sire(3), breed of dam(4), genotype of calf(5), age of dam(6), year(7), season(8), sex(9), + = part of the model; — = the model doesn't include this effect(10)

Az adatok előkészítéséhez a Microsoft Excel XP (2002) és a Microsoft Word XP (2002) programokat, az egytényezős varianciaanalízis számításához, a korreláció- és rang-korrelációs számításához az SPSS 9.0 (1998) statisztikai programcsomagot használtuk. A genetikai paramétereket, valamint a tenyésztértékeket a DFREML (Meyer, 1998) és az MTDFREML (Boldman és mtsai, 1993) programokkal becsültük.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

Választási eredmények a borjú, az apa és az anya genotípusa szerint

A borjú genotípusa szerinti választási súly, a választás előtti súlygyarapodás és a 205. napos súly a 4. táblázatban található.

A fajtatiszta borjak közül a legnagyobb 205. napos súlyt az aberdeen angus (224 kg), a legkisebbet pedig a hereford (155 kg) borjak érték el.

A keresztezett borjak közül a legnagyobb 205. napos súlyt a limousin x blonde d'aquitaine (237 kg), míg legkisebbet a hereford x aberdeen angus (146 kg) borjak mutatták.

A borjak apa fajtája szerint értékelt választási súlyát, súlygyarapodását és 205. napos súlyát az 5. táblázat, az apánkénti eloszlásokat és eredményeket a 6. táblázat tartalmazza.

A legjobb választási eredményeket a blonde d'aquitaine apák borjai mutatták (a fentiek sorrendjében 207 kg, 923 g/nap, ill. 229 kg). A 205. napos súlyt tekintve ezektől nem különböztek a limousin és az aberdeen angus bikák borjai. A red angus, lincoln red és charolais apák ivadéakai egymástól nem különböztek, viszont szignifikánsan nagyobbak voltak, mint a magyar tarka és a hereford apaságú borjak.

4. táblázat

Választási eredmények a borjak genotípusának függvényében

Borjú geno- típusa*(1)	n	Választási súly, kg(2)		Súlygyarapodás, g/nap(3)		205. napos súly, kg(4)	
		$\bar{x}$	CV%	$\bar{x}$	CV%	$\bar{x}$	CV%
MT	62	203	29,86	759	30,84	191	25,57
HE	185	157	29,88	618	39,38	155	33,26
AA	11	211	30,27	946	20,13	224	16,00
RA	66	212	25,59	873	24,59	212	21,86
LR	3	180	22,51	863	3,07	208	3,85
LI	8	183	19,55	915	20,32	221	17,87
CH	38	199	23,03	787	22,35	201	17,25
BD	15	218	31,37	872	25,16	220	21,45
MTxHE	35	165	21,99	665	29,26	171	22,83
MTxRA	3	222	15,34	912	8,04	225	5,94
MTxBD	6	254	13,20	910	14,61	226	12,68
HExAA	2	128	3,31	555	18,78	146	13,16
AAxHE	27	170	26,24	795	24,45	194	21,52
AAxRA	21	211	23,83	959	18,76	229	17,66
AAxBD	19	191	20,94	957	17,23	234	14,60
RAxHE	21	186	20,56	858	28,50	207	24,05
RAxLI	7	156	21,80	927	29,92	225	25,81
LRxMT	8	161	27,08	600	15,92	157	13,06
LRxRA	20	148	27,14	688	39,61	175	33,36
LRxCH	2	198	27,14	658	32,54	173	24,09
LixRA	6	175	19,45	882	14,64	213	13,56
LixBD	5	180	20,44	965	16,46	237	11,46
BDxLI	2	172	8,22	971	10,51	236	8,26
SHxMT	4	263	14,30	747	13,73	186	12,19
SHxRA	24	200	21,79	851	25,84	212	21,85
SHxLI	3	210	14,90	900	24,28	223	20,60
Összesen(5)	603	182	29,38	758	32,59	188	28,08

*MT=magyar tarka(6); HE=hereford; AA=aberdeen angus; RA=red angus; LR=lincoln red; LI=limousin; CH=charolais; BD=blonde d'aquitaine; SH=shaver

Table 4.: The weaning results according to genotype of calves
genotype of calf(1), weaning weight(2), preweaning daily gain, g/day(3), 205th day weight(4), total(5), Hungarian Fleckvieh(6)

5. táblázat

Választási eredmények az apa fajtája szerint

Apa fajtája*(1)	n	Választási súly, kg(2)		Súlygyarapodás, g/nap(3)		205. napos súly, kg(4)	
		$\bar{x}$	CV%	$\bar{x}$	CV%	$\bar{x}$	CV%
MT	74	202 ^a	30,14	742 ^a	30,04	187 ^a	24,90
HE	268	161 ^b	28,08	661 ^b	37,05	165 ^b	31,34
AA	13	198 ^{ac}	33,34	886 ^{cd}	25,91	212 ^{acd}	20,80
RA	140	199 ^{ac}	26,74	857 ^{cd}	26,33	210 ^c	23,04
LR	3	180 ^{ab}	22,51	863 ^{abcd}	3,07	208 ^{abcd}	3,85
LI	20	176 ^{bc}	20,44	922 ^c	22,47	224 ^{cd}	19,47
CH	40	199 ^{ac}	22,85	781 ^{ad}	22,69	200 ^{ac}	17,51
BD	45	207 ^a	26,14	923 ^c	19,48	229 ^d	16,33

^{abcd}: A különböző betűkkel jelöltek egymástól szignifikánsan ($P < 0,05$) különböznek(5)

*MT=magyar tarka(6); HE=hereford; AA=aberdeen angus; RA=red angus; LR=lincoln red; LI=limousin; CH=charolais; BD=blonde d'aquitaine

Table 5.: Weaning results according to breed of sire
breed of sire(1), weaning weight(2), preweaning daily gain, g/day(3), 205th day weight(4), breeds without the same superscript differ significantly ($P < 0,05$)(5), Hungarian Fleckvieh(6)

6. táblázat

A különböző tenyészbikákkal párosított tehenek létszáma fajtánként, a párosításból született borjak száma, és a bikánkénti választási eredmények

KLSZ (1)	Bika fajtája*(2)	Tehén fajtája*(3)									n	VS, Kg(4)	SGY, g/nap (5)	KVS, kg(6)
		MT	HE	AA	RA	LR	LI	CH	BD	SH				
8812	LR					1					1	179	832	201
9330	MT	3									3	235	888	219
10166	SH					2					2	181	878	212
11010	MT	7									7	229	963	236
13184	HE	16	80	13	9						118	153	584	149
13201	MT					8					8	161	600	157
14111	HE	19	35	10	12						76	167	683	170
14180	MT	2									2	302	985	239
14213	AA			1	1						2	305	090	248
14282	HE		43	4							47	179	841	206
14347	BD								2		2	240	912	227
14427	MT	14									14	227	898	222
14684	LI						2				2	222	829	202
14765	SH									2	2	224	022	248
14957	CH							4			4	238	863	212
14992	CH					2		26			28	187	752	195
15087	AA			4							4	218	895	215
16137	CH							4			4	219	834	208
16477	BD	6		19			5		13		43	206	924	229
16528	MT	36								4	40	189	653	167
16558	CH							4			4	229	849	216
16772	RA	3		21	53	19	6				22	124	195	858
17179	RA				8						8	243	792	194
17428	HE		27								27	152	618	155
18275	AA		2	5							7	156	823	199
18320	RA				5	1					8	218	904	222
18337	LI				7		6		2		1	16	922	224
Össz.(7)		106	187	77	95	33	19	38	17	31	603			

*MT=magyar tarka(8); HE=hereford; AA=aberdeen angus; RA=red angus; LR=lincoln red; LI=limousin; CH=charolais; BD=blonde d'aquitaine; SH=shaver

VS=választási súly(4); SGY=súlygyarapodás(5); KVS=205. napos súly(6)

Table 6.: Number of cows by breed mated with different sires, number of calves borne from different matings, and the weaning results according to sires

identity number of sire(1), sire(2), breed of sire and dam(3), VS=weaning weight(4), SGY=preweaning daily gain, g/day(5), KVS=205th day weight(6), total(7), Hungarian Fleckvieh(8)

A vizsgált apák után a legnagyobb 205. napos súlyt (248 kg) a 14213-as számú aberdeen angus, és a 14765-ös számú limousin bika borjainál tapasztaltuk. Az apák közül különösen érdekes a 16528-as számú magyar tarka bika. Ez a Magyartarka Tenyésztők Egyesületének adatbázisa alapján az egyik legjobb hústípusú apaállat, vizsgálatunkban ennek ellenére ivadékai nagyon alacsony választási eredményeket értek el. Ennek hátterében nagy valószínűséggel a genotípus-környezet kölcsönhatás áll.

Az anya fajtája szerint a legjobb választási eredményeket — ahogy a 7. táblázatban látható — a blonde d'aquitaine és a limousin anyák borjai érték el. Ezekből a 205. napos súlyban nem különbözött az aberdeen angus, a red angus, a shaver, és a charolais. A magyar tarka anyák borjai a lincoln red-hez hasonló 205. napos súlyt értek el, míg a legkisebbek a hereford tehenek ivadékaik voltak.

7. táblázat

Választási eredmények az anya fajtája szerint

Anya fajtája*(1)	n	Választási súly kg(2)		Súlygyarapodás g/nap(3)		205. napos súly kg(4)	
		$\bar{x}$	CV%	$\bar{x}$	CV%	$\bar{x}$	CV%
MT(5)	106	194 ^{ab}	29,19	741 ^{ab}	30,07	187 ^{ab}	24,74
HE	187	57 ^c	29,84	617 ^c	39,24	155 ^c	33,12
AA	77	190 ^{ab}	25,72	897 ^d	21,73	217 ^d	19,34
RA	95	203 ^{ab}	26,14	876 ^d	25,62	213 ^d	22,42
LR	33	157 ^c	26,83	681 ^{ac}	33,62	173 ^a	27,99
LI	19	179 ^{ac}	18,71	918 ^d	17,14	223 ^d	14,82
CH	38	199 ^{ab}	23,03	787 ^{ba}	22,35	201 ^{bd}	17,25
BD	17	213 ^b	31,00	883 ^{de}	23,70	222 ^d	20,16
SH	31	209 ^b	22,01	842 ^{de}	24,60	209 ^d	20,95

*MT=magyar tarka(5); HE=hereford; AA=aberdeen angus; RA=red angus; LR=lincoln red;

LI=limousin; CH=charolais; BD=blonde d'aquitaine; SH=shaver

^{abcd}: A különböző betűkkel jelöltek egymástól szignifikánsan ($P < 0,05$) különböznek(6)

Table 7.: Weaning results according to breed of dam
breed of dam(1), weaning weight(2), preweaning daily gain, g/day(3), 205th day weight(4), Hungarian Fleckvieh(5), breeds without the same superscript differ significantly ($P < 0.05$)(6).

Variancia és kovariancia komponensek, genetikai paraméterek

A 8. táblázat a három különböző egyedmodellel (1., 2., 3. modell) becsült variancia és kovariancia komponenseket, valamint a genetikai paramétereket tartalmazza.

A táblázatban látható, hogy a direkt additív genetikai hatás és az anyai genetikai hatás közötti kovariancia a választási súly és a 205. napos súly esetén negatív volt, így a két hatás közötti korreláció előjele is negatív. A korrelációs együttható, $r_{dm} = -0,12$ és $-0,27$ között változott, azaz a két hatás között laza negatív összefüggés van. Ezen megállapítások hasonlóak Ahunu és mtsai (1999), valamint Splan és mtsai (2002) eredményeihez, akik ugyan ilyen értékeket tapasztaltak keresztezett populációk, valamint Dodenhoff és mtsai (1999) fajtatiszta állományok vizsgálatakor. Eltérés mutatkozik viszont Cubas és mtsai (1991), Kaps és mtsai (2000), valamint Roso és mtsai (2005) eredményeitől, akik fajtatiszta angus, illetve keresztezett állományokban e korreláció értékét szorosabbnak találták.

A súlygyarapodás esetén a két hatás közti kapcsolat pozitív ($r_{dm} = 0,10 - 0,21$). Vizsgálataik során Meyer (1992), Núñez-Dominguez és mtsai (1993), valamint Van Vleck és mtsai (1996) is pozitív kapcsolatot találtak.

A választási súly, a súlygyarapodás és a 205. napos súly direkt örökölhetősége ($h^2_d = 0,30 - 0,51$) nagyobb, mint amit Lengyel (2005) fajtatiszta populációkban tapasztalt. Keresztezett populációban Van Vleck és mtsai (1996), Crews és Kemp (1999), valamint Splan és mtsai (1998, 2002) ugyancsak kisebb h^2 értéket állapítottak meg.

A becsült genetikai paraméterek, variancia és kovariancia komponensek

Tul.(1)	Paraméterek(2)	1. modell	2. modell	3. modell
VS(3)	σ_a^2 direkt additív genetikai variancia(6)	438	426	479
	σ_m^2 anyai genetikai variancia(7)	172	186	181
	σ_{gm} direkt-anyai kovariancia(8)	-38	-49	-63
	σ_{pe}^2 anyai állandó környezeti variancia(9)	0,065	0,036	0,028
	σ_e^2 hiba variancia(10)	637	642	611
	σ_p^2 fenotípusos variancia(11)	1209	1206	1209
	h_a^2 direkt örökölhetőség(12)	0,36±0,25	0,35±0,24	0,40±0,26
	h_m^2 anyai örökölhetőség(13)	0,14±0,37	0,15±0,38	0,15±0,35
	r_{gm} direkt-anyai genetikai korreláció(14)	-0,14±0,95	-0,17±0,92	-0,21±0,79
	c^2 állandó körny. var. aránya a fenotípusban(15)	0,00±0,21	0,00±0,21	0,00±0,20
	e^2 a hiba var. aránya a fenotípusban(16)	0,53±0,17	0,53±0,17	0,51±0,18
	$h_m^2+c^2$	0,14	0,15	0,15
	h_T^2 teljes örökölhetőség(17)	0,39	0,37	0,39
	-2 log likelihood	4537	4528	4604
SGY(4) **	σ_a^2 direkt additív genetikai variancia(6)	0,0090	0,0089	0,0088
	σ_m^2 anyai genetikai variancia(7)	0,0021	0,0025	0,0023
	σ_{gm} direkt-anyai kovariancia(8)	0,0009	0,0005	0,0006
	σ_{pe}^2 anyai állandó környezeti variancia(9)	0,0000	0,0000	0,0000
	σ_e^2 hiba variancia(10)	0,0174	0,0175	0,0174
	σ_p^2 fenotípusos variancia(11)	0,0294	0,0294	0,0291
	h_a^2 direkt örökölhetőség(12)	0,31±0,23	0,30±0,23	0,30±0,22
	h_m^2 anyai örökölhetőség(13)	0,07±0,35	0,08±0,35	0,08±0,33
	r_{gm} direkt-anyai genetikai korreláció(14)	0,21±1,00	0,10±1,00	0,14±1,00
	c^2 állandó körny. var. aránya a fenotípusban(15)	0,00±0,20	0,00±0,20	0,00±0,19
	e^2 a hiba var. aránya a fenotípusban(16)	0,59±0,17	0,60±0,17	0,60±0,16
	$h_m^2+c^2$	0,07	0,08	0,08
	h_T^2 teljes örökölhetőség(17)	0,39	0,37	0,37
	-2 log likelihood	-1292	-1289	-1331
KVS(5)	σ_a^2 direkt additív genetikai variancia(6)	548	549	718
	σ_m^2 anyai genetikai variancia(7)	175	193	193
	σ_{gm} direkt-anyai kovariancia(8)	-36	-55	-102
	σ_{pe}^2 anyai állandó környezeti variancia(9)	0,028	0,027	0,016
	σ_e^2 hiba variancia(10)	690	692	596
	σ_p^2 fenotípusos variancia(11)	1377	1378	1406
	h_a^2 direkt örökölhetőség(12)	0,40±0,27	0,40±0,27	0,51±0,30
	h_m^2 anyai örökölhetőség(13)	0,13±0,33	0,14±0,33	0,14±0,31
	r_{gm} direkt-anyai genetikai korreláció(14)	-0,12±0,88	-0,17±0,81	-0,27±0,62
	c^2 állandó körny. var. aránya a fenotípusban(15)	0,00±0,18	0,00±0,18	0,00±0,17
	e^2 a hiba var. aránya a fenotípusban(16)	0,50±0,19	0,50±0,19	0,42±0,21
	$h_m^2+c^2$	0,13	0,14	0,14
	h_T^2 teljes örökölhetőség(17)	0,42	0,41	0,47
	-2 log likelihood	4598	4591	4667

*VS=választási súly(3); SGY=súlygyarapodás(4); KVS=205. napos súly(5)

** kg/nap-ban becsülve(18)

Table 5.: Genetic parameters, variance and covariance components
 traits(1), parameters(2), weaning weight(3), preweaning daily gain(4), 205th day weight(5), additive direct genetic variance(6), maternal genetic variance(7), direct maternal genetic covariance(8), maternal permanent environmental effect(9), residual variance(10), phenotypic variance(11), direct heritability(12), maternal heritability(13), direct-maternal genetic correlation(14), the ratio of the permanent environmental variance to the phenotypic variance(15), the ratio of the residual variance to the phenotypic variance(16), total heritability(17), **=estimated in kg/day(18)

A vizsgált tulajdonságok anyai örökölhetősége $h^2_m=0,07-0,15$ között változott. Ez az eredmény hasonló a szakirodalomban található legtöbb — fajtatizsza és keresztezett állományokon végzett — vizsgálat (*Núñez-Dominguez és mtsai*, 1993; *Van Vleck és mtsai*, 1996; *Lee és mtsai*, 1997; *Dodenhoff és mtsai*, 1999; *Carnier és mtsai*, 2000; *Gutiérrez és mtsai*, 2007) eredményéhez.

Az anyai genetikai hatás és az anyai állandó környezeti hatás együttesen ($h^2_m+c^2$) 0,07–0,15 értéket mutatott, ami kisebb, mint amit *Lengyel* (2005) fajtatizsza limousin állományokban tapasztalt. E két hatás együttvéve kisebb mértékben járult a fenotípus kialakításához, mint az additív direkt genetikai hatás.

A vizsgált tulajdonságok teljes örökölhetősége $h^2_T=0,37-0,47$ közötti. Ez nagyobb, mint amit keresztezett állományokban *Meyer* (1992), valamint *Benett és Gregory* (2001), illetve fajtatizsza populációban *Eler és mtsai* (1995) tapasztaltak.

A kapott örökölhetőségi értékek hibája nagy, ezért azokat csak tájékoztató jellegűnek tekinthetjük.

Tenyészértékek

Az 9. táblázat a vizsgált apák három modellel becsült tenyészértékét tartalmazza az additív direkt- és az anyai genetikai hatás szerint. A direkt additív genetikai hatás alapján becsült tenyészértékek szerint a vizsgált apák közül a legjobb a 11010-as számú magyar tarka bika volt, melynek tenyészértéke a 2. modell alapján a populáció átlagához képest +14,4 kg, 63 g/nap és +23,5 kg volt. Valamennyi modell esetén a leggyengébb apának a 16528-as számú ugyancsak magyar tarka tenyészbika bizonyult, amely a vizsgált tulajdonságokban –30,2 kg, –120 g/nap és –35,3 kg tenyészértéket mutatott.

A 10. táblázat, valamint az 1., 2. és 3. ábra a három eltérő modellt figyelembe véve tartalmazza a tenyész bikák rangsorát a direkt és anyai hatásra becsült tenyészértékek szerint.

A táblázatokban megfigyelhető az is, hogy a három különböző modellel becsült direkt hatáson alapuló tenyészértékek alapján felállított rangsorok között nincs jelentős eltérés.

A kapott eredmények alapján az is elmondható, hogy az a bika, melynek választási súlyra becsült tenyészértékei jók, tenyészértékei a napi súlygyarapodás és 205. napos súly estében is hasonlóak (pl. a 14111-es hereford bika 2-es modellel becsülve a választási súly esetén 5., súlygyarapodásban 1., míg 205. napos súlyban 2. a rangsorban).

A vizsgált modellek összehasonlítása

A három modell összehasonlítását, illetve a három modell közül a legjobban illeszkedő kiválasztását a szakirodalmi ajánlásoknak megfelelően (*Splan és mtsai*, 2002; *Roso és mtsai*, 2005) a program által becsült „–2 log likelihood” illeszkedési értékek alapján végeztük. Ezek alapján az a modell illeszkedik legjobban a vizsgált populációra, amelyik esetén ez az érték a legkisebb. A modellek között kis eltérések adódtak csupán, de mindhárom tulajdonság esetén a 2. modell volt a legjobb, mert ennél volt a legkisebb a „–2 Log L”. Ez a modell fi-

gyelembbe veszi a borjú és az anya genotípusát, az anya életkorát, az évjáratot, az ellési évszakot és a született borjú ivarát is.

1. ábra: A tenyészbikák direkt rangsora a választási súly szerint

	M1	M2	M3	
18320 RA	●	●	●	1
11010 MT	●	●	●	2
14282 HE	●	●	●	3
14213 AA	●	●	●	4
14427 MT	●	●	●	5
14111 HE	●	●	●	6
14765 SH	●	●	●	7
16558 CH	●	●	●	8
8812 LR	●	●	●	9
14180 MT	●	●	●	10
14347 BD	●	●	●	11
15087 AA	●	●	●	12
14957 CH	●	●	●	13
18337 LI	●	●	●	14
17428 HE	●	●	●	15
13201 MT	●	●	●	16
16477 BD	●	●	●	17
9330 MT	●	●	●	18
17179 RA	●	●	●	19
16137 CH	●	●	●	20
10166 SH	●	●	●	21
14684 LI	●	●	●	22
18275 AA	●	●	●	23
14992 CH	●	●	●	24
16772 RA	●	●	●	25
13184 HE	●	●	●	26
16528 MT	●	●	●	27

MT=magyar tarka(1); HE=hereford; AA=aberdeen angus; RA=red angus; LR=lincoln red; LI=limousin; CH=charolais; BD=blonde d'aquitaine; SH=shawer
M1=1. modell; M2=2. modell; M3=3. modell

Fig. 1.: The direct rank line of sires in weaning weight Hungarian Fleckvieh(1)

A három modellel meghatározott genetikai paraméterek, tenyészértékek és rangsorok kis különbséggel hasonló értékeket mutattak. Ezért azokat rangkorreláció számítás segítségével is összehasonlítottuk (11., 12. és 13. táblázat). A kapott eredmények azt bizonyítják, hogy a háromféle modellel becsült rangsorok között jelentős különbség nincs. Ezt a kapott rangkorrelációs együtthatók ($r_{\text{rang}}=0,93-0,99$; $P<0,01$) is alátámasztják. Úgy tűnik, hogy az azonos körülmények között tartott egyedek tenyészértékük alapján megállapított rangsorát a modell nem, vagy csak nagyon kis mértékben befolyásolja.

9. táblázat

A vizsgált apák tenyésztértékei

KLSZ (1)	Faj- ta (2)	n	1. modell						2. modell						3. modell					
			VS, kg(3)		SGY, g/nap(4)		KVS, kg(5)		VS, kg(3)		SGY, g/nap(4)		KVS, kg(5)		VS, kg(3)		SGY, g/nap(4)		KVS, kg(5)	
			di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)
8812	LR	1	5,4	-0,7	18	1	6,0	-1,7	5,3	-0,8	18	0	6,2	-2,0	6,1	-1,0	19	0	8,2	-2,6
9330	MT	3	-2,8	0,2	5	0	3,0	-0,2	-2,6	0,3	5	0	3,0	-0,3	-0,6	0,1	13	1	9,1	-1,3
10166	SH	2	-5,6	0,5	-22	-2	-7,9	0,5	-5,5	0,6	-21	-1	-7,8	0,8	-6,3	0,8	-23	-2	-10,2	1,4
11010	MT	7	14,3	-1,3	63	6	23,5	-1,6	14,4	-1,6	63	3	23,5	-2,3	19,6	-2,6	79	6	35,1	-5,0
13184	HE	118	-18,9	4,0	-51	10	-14,8	7,3	-18,4	4,6	-50	16	-14,8	8,2	-19,8	4,9	-51	15	-14,8	9,0
13201	MT	8	-1,2	-1,0	-9	-4	-2,2	-1,5	-1,2	-1,2	-8	-5	-2,1	-1,6	-19,8	2,3	-66	-6	-31,1	4,1
14111	HE	76	8,1	0,1	77	8	15,0	-1,9	8,1	-0,1	76	5	14,9	-2,4	7,2	-0,3	75	5	16,7	-3,5
14180	MT	2	4,9	-11,5	2	-16	-5,4	-9,4	5,5	-12,4	5	-20	-4,7	-10,0	8,1	-12,6	10	-19	-1,0	-10,2
14213	AA	2	10,5	-0,8	27	3	6,2	1,1	5,7	0,8	16	3	5,1	1,4	12,2	-1,5	34	3	10,2	0,3
14282	HE	47	12,8	-3,5	24	-12	10,4	-5,6	13,1	-4,0	26	-16	10,6	-6,3	14,2	-4,4	30	-15	13,1	-7,0
14347	BD	2	3,3	0,4	14	4	8,4	0,1	3,4	0,3	14	4	8,4	-0,2	3,4	1,1	17	9	9,7	0,7
14427	MT	14	8,6	5,6	51	23	12,3	7,8	8,5	5,7	49	24	12,0	8,0	13,3	4,5	66	24	18,8	6,0
14684	LI	2	-6,9	0,6	-42	-4	-15,7	1,0	-6,6	0,8	-42	-2	-15,7	1,6	-6,0	0,8	-36	-3	-19,5	2,8
14765	SH	2	7,3	-0,6	35	4	12,5	-0,8	7,2	-0,8	35	2	12,5	-1,2	9,9	-1,3	32	2	15,9	-2,3
14957	CH	4	2,7	0,2	20	2	2,7	0,2	2,7	0,1	20	0	2,7	0,2	2,7	-0,1	20	1	4,0	-0,3
14992	CH	28	-11,3	1,0	-43	-4	-5,9	0,4	-11,3	1,3	-43	-2	-5,8	0,6	-11,9	1,6	-43	-3	-9,7	1,4
15087	AA	4	2,7	2,5	17	11	-4,5	3,3	6,0	2,4	25	13	-4,0	3,7	4,1	2,3	28	13	-3,7	3,9
16137	CH	4	-3,4	-3,9	-24	-14	-5,2	-3,8	-3,1	-4,3	-22	-15	-4,9	-4,0	-3,5	-4,2	-22	-15	-5,1	-4,0
16477	BD	43	-2,6	0,2	-6	-1	-7,6	0,5	-2,7	0,3	-7	0	-7,6	0,8	-1,8	0,2	0	0	-6,7	0,9
16528	MT	40	-30,0	2,6	-119	-12	-35,1	2,3	-30,2	3,5	-120	-6	-35,3	3,5	-26,3	3,4	-105	-7	-33,8	4,8
16558	CH	4	6,1	-2,2	3	-4	0,8	-1,9	6,2	-2,6	5	-5	0,9	-2,1	6,4	-2,7	2	-5	1,4	-2,2
16772	RA	124	-12,6	0,8	-72	-7	-7,5	-0,1	-12,1	0,9	-72	-4	-7,4	0,0	-13,0	-0,1	-68	-9	-4,8	-1,2
17179	RA	8	-3,0	0,3	10	1	-5,7	0,4	-2,8	0,3	9	1	-5,7	0,6	-3,5	0,5	4	0	-8,9	1,3
17428	HE	27	-1,1	0,1	-46	-5	-8,8	0,6	-2,0	0,2	-49	-3	-8,9	1,0	-1,2	0,2	-51	-4	-14,3	2,0
18275	AA	7	-10,1	0,9	-19	-2	4,5	-0,3	-7,6	0,9	-13	-1	4,9	-0,5	-13,3	1,7	-37	-3	0,9	-0,1
18320	RA	8	15,2	-1,3	64	6	12,3	-0,8	14,5	-1,7	62	3	12,2	-1,2	14,6	-1,9	55	4	11,0	-1,6
18337	LI	16	-0,3	0,0	8	1	3,3	-0,2	-0,5	0,1	7	0	3,2	-0,3	-3,9	0,5	5	0	3,6	-0,5

VS=választási súly(3), SGY=súlygyarapodás(4), KVS=205. napos súly(5)

*MT=magyar tarka(8), HE=hereford, AA=aberdeen angus, RA=red angus, LR=lincoln red, LI=limousin, CH=charolais, BD=blonde d'aquitaine; SH=shawer

Table 9.: The breeding values of the sires

identity number of sire(1), breed of sire(2), VS=weaning weight(3), SGY=preweaning daily gain, g/day(4), KVS=205th day weight(5), direct(6), maternal(7)Hungarian Fleckvieh(8)

10. táblázat

A vizsgált tenyészbikák rangsora

KLSZ (1)	Faj- ta (2)	n	1. modell						2. modell						3. modell					
			VS, kg(3)		SGY, g/nap(4)		KVS, kg(5)		VS, kg(3)		SGY, g/nap(4)		KVS, kg(5)		VS, kg(3)		SGY, g/nap(4)		KVS, kg(5)	
			di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)	di- rekt (6)	anyai (7)
18320	RA	8	1	23	2	5	5	18	1	23	3	8	4	18	2	22	4	7	6	19
11010	MT	7	2	22	3	6	1	21	2	22	2	6	1	23	1	23	1	5	1	25
14282	HE	47	3	25	7	24	6	26	3	25	6	26	6	26	3	26	7	25	5	26
14213	AA	2	4	20	6	9	8	5	9	8	10	7	9	6	5	21	5	8	7	13
14427	MT	14	5	1	4	1	4	1	4	1	4	1	5	2	4	2	3	1	2	2
14111	HE	76	6	15	1	4	2	23	5	18	1	4	2	24	8	18	2	6	3	23
14765	SH	2	7	18	5	8	3	19	6	20	5	9	3	19	6	20	6	9	4	21
16558	CH	4	8	24	15	18	14	24	7	24	16	23	14	22	9	24	16	21	13	20
8812	LR	1	9	19	9	13	9	22	11	19	9	15	8	21	10	19	10	15	10	22
14180	MT	2	10	27	16	27	18	27	10	27	14	27	17	27	7	27	13	27	15	27
14347	BD	2	11	10	11	7	7	13	12	11	11	5	7	14	12	8	11	4	8	12
15087	AA	4	12	4	10	2	16	3	8	4	7	3	16	3	11	5	8	3	16	5
14957	CH	4	13	14	8	10	13	12	13	16	8	11	13	12	13	16	9	11	11	15
18337	LI	16	14	17	13	12	11	16	14	17	13	12	11	16	19	11	14	12	12	16
17428	HE	27	15	16	24	22	24	7	16	15	24	20	24	7	15	14	24	20	23	7
13201	MT	8	16	21	18	20	15	20	15	21	18	22	15	20	26	4	25	22	26	4
16477	BD	43	17	13	17	15	22	9	18	13	17	14	22	9	16	13	17	14	19	11
9330	MT	3	18	12	14	14	12	15	17	14	15	13	12	15	14	15	12	10	9	18
17179	RA	8	19	11	12	11	19	11	19	12	12	10	19	11	17	12	15	13	20	10
16137	CH	4	20	26	21	26	17	25	20	26	21	25	18	25	18	25	18	26	18	24
10166	SH	2	21	9	20	17	23	8	21	10	20	17	23	8	21	9	19	16	22	8
14684	LI	2	22	8	22	19	26	6	22	9	22	18	26	5	20	10	20	17	25	6
18275	AA	7	23	6	19	16	10	17	23	7	19	16	10	17	24	6	21	18	14	14
14992	CH	28	24	5	23	21	20	10	24	5	23	19	20	10	22	7	22	19	21	9
16772	RA	124	25	7	26	23	21	14	25	6	26	21	21	13	23	17	26	24	17	17
13184	HE	118	26	2	25	3	25	2	26	2	25	2	25	1	25	1	23	2	24	1
16528	MT	40	27	3	27	25	27	4	27	3	27	24	27	4	27	3	27	23	27	3

VS=választási súly(3), SGY=súlygyarapodás(4), KVS=205. napos súly(5)

MT=magyar tarka(8), HE=hereford, AA=aberdeen angus, RA=red angus, LR=lincoln red, LI=limousin, CH=charolais, BD=blonde d'aquitaine;SH=shaver

Table 10.: The rank line of sires
identity number of sire(1), breed of sire(2), VS=weaning weight(3), SGY=preweaning daily gain,
g/day(4), KVS=205th day weight(5), direct(6), maternal(7) Hungarian Fleckvieh(8)

11. táblázat

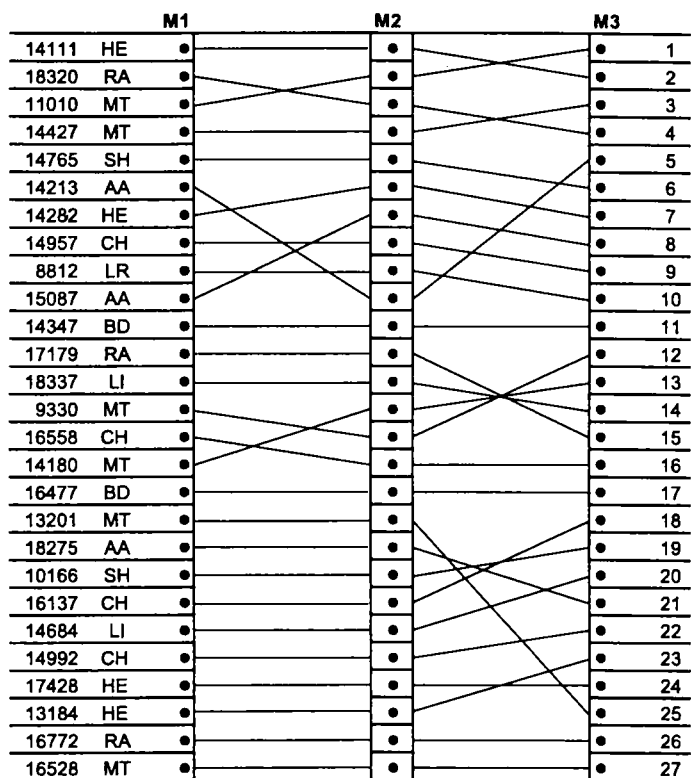
Rang korreláció a választási súly esetén

	1. modell	2. modell	3. modell
1. modell	—	0,98**	0,94**
2. modell		—	0,93**
3. modell			—

**=P<0,01

Table 11.: The comparison of the models with rank-correlation in weaning weight

2. ábra: A tenyészbikák direkt rangsora a súlygyarapodás szerint



MT=magyar tarka(1); HE=hereford; AA=aberdeen angus; RA=red angus; LR=lincoln red; LI=limousin; CH=charolais; BD=blonde d'aquitaine; SH=shaver
M1=1. modell; M2=2. modell; M3=3. modell

Fig. 2.: The direkt rank line of sires in preweaning daily gain Hungarian Fleckvieh(1)

12. táblázat

Rang korreláció a súlygyarapodás esetén

	1. modell	2. modell	3. modell
1. modell	—	0,99**	0,97**
2. modell		—	0,96**
3. modell			—

**=P<0,01

Table 12.: The comparison of the models with rank-correlation in preweaning daily gain

3. ábra: A tenyészbikák direkt rangsora a 205. napos súly szerint

	M1	M2	M3
18320 RA	•	•	• 1
14213 AA	•	•	• 2
14282 HE	•	•	• 3
14765 SH	•	•	• 4
14111 HE	•	•	• 5
11010 MT	•	•	• 6
14347 BD	•	•	• 7
14427 MT	•	•	• 8
8812 LR	•	•	• 9
14992 CH	•	•	• 10
9330 MT	•	•	• 11
13201 MT	•	•	• 12
18337 LI	•	•	• 13
14957 CH	•	•	• 14
14180 MT	•	•	• 15
17179 RA	•	•	• 16
10166 SH	•	•	• 17
15087 AA	•	•	• 18
18275 AA	•	•	• 19
17428 HE	•	•	• 20
13184 HE	•	•	• 21
16477 BD	•	•	• 22
16137 CH	•	•	• 23
16558 CH	•	•	• 24
16772 RA	•	•	• 25
14684 LI	•	•	• 26
16528 MT	•	•	• 27

MT=magyar tarka(1); HE=hereford; AA=aberdeen angus; RA=red angus; LR=lincoln red; LI=limousin; CH=charolais; BD=blonde d'aquitaine; SH=shawer
M1=1. modell; M2=2. modell; M3=3. modell

Fig. 3.: The direct rank line of sires in 205th day weight
Hungarian Fleckvieh(1)

13. táblázat

Rang korreláció a 205. napos súly esetén

	1. modell	2. modell	3. modell
1. modell	—	0,99**	0,94**
2. modell		—	0,94**
3. modell			—

**=P<0,01

Table 13.: The comparison of the models with rank-correlation in 205th day weight

KÖVETKEZTETÉSEK

A különböző genotípusú borjak választási eredményeinek vizsgálata során az additív direkt genetikai hatásra kapott örökölhetőségi érték ($h^2_d=0,31-0,51$) közepes. A kapott értékek nagyobbak, mint amit keresztezett állományok vizsgálatakor *Splan* és *mtsai* (1998, 2002), *Crews* és *Kemp* (1999), valamint *Newman* és *mtsai* (2002) tapasztaltak.

A vizsgált tulajdonságok anyai örökölhetősége értéke — a legtöbb keresztezett populáció vizsgálatához (*Splan* és *mtsai*, 2002; *Roso* és *mtsai*, 2005) hasonlóan — kicsi ($h^2_m=0,07-0,15$). Ennek ellenére az anya hatása nem hanyagolható el a borjú fenotípusát illetően, ugyanis az anyai örökölhetőség (az anya genetikai hatásának a fenotípushoz való hozzájárulása) és az anya állandó környezeti hatásának fenotípushoz való hozzájárulása ($h^2_m+c^2$) összességében körülbelül harmada akkora, mint a direkt örökölhetőség (h^2_d).

A kapott örökölhetőségi értékek hibája meglehetősen nagy, ezért azokat csak tájékoztató jellegűnek tekinthetjük. Ennek oka nagy valószínűséggel a kis egyedszám lehet.

A három különböző egyedmodellel mindhárom tulajdonságra hasonló genetikai paramétereket kapunk. A három modell közül a „2 Log L” értékek alapján a 2. modellt tekinthetjük a legpontosabbnak. Ez a modell figyelembe veszi a borjú és az anya genotípusát, az anya életkorát, az évjáratot, az ellési évszakot és a született borjú ivarát is.

A vizsgálat során alkalmazott modellek különbözősége az egyedek tenyésztértékét csak nagyon kis mértékben befolyásolta, a rangsorok között pedig alig volt különbség. Ez arra enged következtetni, hogy azonos körülmények között tartott állományok esetében az egyszerűbb modellekkel is megbízható eredményeket kapunk.

IRODALOM

- Ahunu, B.K. – Arthur, P.F. – Kissiedu, H.W.A.*(1997): Genetic and phenotypic parameters for birth and weaning weights of purebred and crossbred N'Dama and West African Shorthorn cattle. *Liv. Prod. Sci.*, 51. 165–171.
- Arnold, J.W. – Bertrand, J.K. – Benyshek, L.L.*(1992): Animal model for genetic evaluation of multibreed data. *J. Anim. Sci.*, 70. 3322–3332.
- Bene, Sz. – Füller, I. – Lengyel, Z. – Nagy, B. – Fördös, A. – Szabó, F.*(2006): Húshasznú magyar tarka borjak választási eredménye. 2. Közlemény: Genetikai paraméterek, tenyésztértékek. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 55. 6. 505–519.
- Benett, G.L. – Gregory, K.E.*(2001): Genetic (co)variances for calving difficulty score in composite and parental populations of beef cattle: II. Reproductive, skeletal, and carcass traits. *J. Anim. Sci.*, 79. 52–59.
- Boldman, K.G. – Kriese, L.A. – Van Vleck, L.D. – Kachman, S.D.*(1993): A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. USDA-ARS, Clay Center, NE
- Cameron, N.D.*(1997): Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding. CAB International
- Camier, P. – Albera, A. – Dal Zotto, R. – Groen, A.F. – Bona, M. – Bittante, G.*(2000): Genetic parameters for direct and maternal calving ability over parities in Piedmontese cattle. *J. Anim. Sci.*, 78. 2532–2539.

- Crews, D.H. – Kemp, R.A.(1999): Contributions of preweaning growth information and maternal effects for prediction of carcass trait breeding values among crossbred beef cattle. *Can. J. Anim. Sci.*, 79. 17–25.
- Cubas, A.C. – Berger, P.J. – Healey, M.H.(1991): Genetic parameters for calving ease and survival at birth in Angus field data. *J. Anim. Sci.*, 69. 3952–3958.
- Dodenhoff, J. – Van Vleck, L.D. – Gregory, K.E.(1999): Estimation of direct, maternal and grandmaternal genetic effects for weaning weight in several breeds of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 77. 840–845.
- Duangjinda, M. – Bertrand, J.K. – Misztal, I. – Druet, T.(2001): Estimation of additive and nonadditive genetic variances in Hereford, Gelbvieh and Charolais by method „R”. *J. Anim. Sci.*, 79. 2997–3001.
- Eler, J.P. – Van Vleck, L.D. – Ferraz, J.B.S. – Lobo, R.B.(1995): Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. *J. Anim. Sci.*, 73. 3253–3258.
- Elzo, M.A. – Famula, T.R.(1985): Multibreed sire evaluation procedures within a country. *J. Anim. Sci.*, 60. 942–952.
- Falconer, D.S. – Trudy, F.C.M.(1996): Introduction to quantitative genetics. Longman Group Ltd., 4th Edition
- Graser, H.U.(1999): Multi-breed EBV – Now and when? In: *Proc. Assoc. Adv. Anim. Breed. Genet.*, Mandurah, WA, Australia, 13. 62–66.
- Gregory, K.E. – Cundiff, L.V. – Koch, R.M.(1995): Genetic and phenotypic (co)variances for growth and carcass traits of purebred and composite populations of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 73. 1920–1926.
- Gutiérrez, J.P. – Goyache, F. – Fernández, I. – Alvarez, I. – Royo, L.J.(2007): Genetic relationships among calving ease, calving interval, birth weight, and weaning weight in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. *J. Anim. Sci.*, 85. 69–75.
- Iwaisaki, H. – Tsuruta, S. – Misztal, I. – Bertrand, J.K.(2005): Estimation of correlation between maternal permanent environmental effects of related dams in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 83. 537–542.
- Kaps, M. – Herring, W.O. – Lamberson, W.R.(2000): Genetic and environmental parameters for traits derived from the Brody growth curve and their relationships with weaning weight in Angus cattle. *J. Anim. Sci.*, 78. 1436–1442.
- Keeton, L.L. – Green, R.D. – Golden, B.L. – Anderson, K.J.(1996): Estimation of variance components and prediction of breeding values for scrotal circumference and weaning weight in Limousin cattle. *J. Anim. Sci.*, 74. 31–36.
- Lee, C. – Van Tassel, C.P. – Pollak, E.J.(1997): Estimation of genetic variance and covariance components for weaning weight in Simmental cattle. *J. Anim. Sci.*, 75. 325–330.
- Lengyel, Z.(2005): Húshasznú borjak választási eredményét befolyásoló környezeti és genetikai tényezők. Doktori (PhD.) értekezés, Keszthely
- Lengyel, Z. – Balika, S. – Polgár, J.P. – Szabó, F.(2004): Hazai limousin állományok ellés lefolyásának és választási eredményeinek vizsgálata. 2. közlemény: Apa- és egyedmodell összehasonlítása. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 53. 3. 199–211.
- Meyer, K.(1992): Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Liv. Prod. Sci.*, 31. 179–204.
- Meyer, K.(1998): DFREML. Version 3.0. User Notes
- Meyer, K.(2004): Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. *Aus. J. Agric. Res.*, 55. 195–210.
- Meyer, K. – Carrick, M.J. – Donnelly, B.J.P.(1993): Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. *J. Anim. Sci.*, 71. 2614–2622.
- Newman, S. – Reverter, A. – Johnston, D.J.(2002): Purebred-crossbred performance and genetic evaluation of postweaning growth and carcass traits in *Bos indicus* x *Bos taurus* crosses in Australia. *J. Anim. Sci.*, 80. 1801–1808.
- Notter, D.R. – Cundiff, L.V.(1991): Across-breed expected progeny differences: use of within-breed expected progeny differences to adjust breed evaluations for sire sampling and genetic trend. *J. Anim. Sci.*, 69. 4763–4776.
- Núñez-Domínguez, R. – Van Vleck, L.D. – Boldman, K.G. – Cundiff, L.V.(1993): Correlations for genetic expression for growth of calves of Hereford and Angus dams using a multivariate animal model. *J. Anim. Sci.*, 71. 2330–2340.
- Núñez-Domínguez, R. – Van Vleck, L.D. – Cundiff, L.V.(1995): Prediction of genetic values of sires for growth traits of crossbred cattle using a multivariate animal model with heterogeneous variances. *J. Anim. Sci.*, 73. 2940–2950.

- Pariacote, F. – Van Vleck, L.D. – MacNeil, M.D.*(1998): Effects of inbreeding and heterozygosity on preweaning traits in a closed population of Herefords under selection. *J. Anim. Sci.*, 76. 1303–1310.
- Pollak, E.J. – Quaas, R.L.*(1998): Multibreed genetic evaluation of beef cattle. In: *Proc. 6th Wrlld Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Armidale, NSW, Australia, 23. 81–88.
- Rodríguez-Almeida, F.A. – Van Vleck, L.D. – Gregory, K.E.*(1997): Estimation of direct and maternal effects for prediction of expected progeny differences for birth and weaning weights in three multibreed populations. *J. Anim. Sci.*, 75. 1203–1212.
- Roso, V.M. – Schenkel, F.S. – Miller, S.P. – Wilton, J.W.*(2005): Additive, dominance, and epistatic loss effects on preweaning weight gain of crossbred beef cattle from different *Bos taurus* breeds. *J. Anim. Sci.*, 83. 1780–1787.
- Splan, R.K. – Cundiff, L.V. – Dikeman, M.E. – Van Vleck, L.D.*(2002): Estimates of parameters between direct and maternal genetic effects for weaning weight and direct genetic effects for carcass traits in crossbred cattle. *J. Anim. Sci.*, 80. 3107–3111.
- Splan, R.K. – Cundiff, L.V. – Van Vleck, L.D.*(1998): Genetic parameters for sex-specific traits in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 76. 2272–2278.
- Sullivan, P.G. – Wilton, J.W. – Miller, S.P. – Banks, L.R.*(1999): Genetic trends and breed overlap derived from multiple – breed genetic evaluations of beef cattle for growth traits. *J. Anim. Sci.*, 77. 2019–2027.
- Szabó, F.*(1993): Fajtakülönbségek populációgenetikai elemzése a húsmarha tenyésztésben. Doktori értekezés, MTA
- Szöke, Sz. – Komlósi, I.*(2000): A BLUP modellek összehasonlítása. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 49. 3. 231–245.
- Van Vleck, L.D. – Hakim, A.F. – Cundiff, L.V. – Koch, R.M. – Crouse, J.D. – Boldman, K.G.*(1992): Estimated breeding values for meat characteristics of crossbred vattle with animal model. *J. Anim. Sci.*, 70. 363–371.
- Van Vleck, L.D. – Gregory, K.E. – Bennett, G.L.*(1996): Direct and maternal covariances by age of dam for weaning weight. *J. Anim. Sci.*, 74. 1801–1805.
- Willham, R.L.*(1972): The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *J. Anim. Sci.*, 35. 1288–1293.

Érkezett: 2007. június

Szerzők címe: Bene, Sz. – Nagy, B. – Lengyel, Z. – Szabó, F.: Pannon Egyetem,

Authors' address: Georgikon Mezőgazdaságtudományi Kar
University of Pannonia, Georgikon Faculty of Agriculture
H-8360 Keszthely, Deák F. u. 16.
bszbb@citromail.hu

Komlósi, I.: DE-ATC, Mezőgazdaságtudományi Kar
University of Debrecen, Centre of Agricultural Sciences
H-4032 Debrecen, Bószörményi út 138.
komlosi@agr.unideb.hu