

KÜLÖNBÖZŐ MODELLEKKEL BECSÜLT ÖRÖKÖLHETŐSÉGI ÉS TENYÉSZÉRTÉKEK FAJTATISZTA ÉS KERESZTEZETT HÚSTÍPUSÚ BORJAK VÁLASZTÁSI ADATBÁZISÁN

BENE SZABOLCS - SZŰCS MÁRTON - POLGÁR J. PÉTER -
SZABÓ FERENC

ÖSSZEFOGLALÁS

A Szerzők a Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete adatbázist dolgozták fel, melyben összesen 18746 limousin és blonde d'Aquitaine apaságú, fajtatiszta és keresztezett borjú választási súlya és választási életkora szerepelt. A borjak genotípusát figyelembe véve a kiindulási adatokból három adatbázist (kettő csak fajtatiszta, a harmadik fajtatiszta és keresztezett borjak adatait együtt tartalmazta) alakítottak ki, majd ezeket négy különböző BLUP modellel (két-két apamodell és egyedmodell) dolgozták fel. Összesen hat futtatás történt, melyek során a választási súly tulajdonságra örökölhetőségi értéket, a vizsgálatban részt vevő apákra pedig választási súly tenyészhértékét becsülték. A választási súly tulajdonság örökölhetősége a különböző futtatások eredményei alapján meglehetősen tág határok között változott ($h^2 = 0,20-0,60$). Nevezetesen jelentős különbség mutatkozott a fajtatiszta és a vegyes genotípusú állományok között. Valamennyi apa esetén a négy különböző BLUP modellel történő becslés más és más eredményeket adott. Az apák rangsorában is számottevő különbségeket találtak ($r_{\text{rang}} = 0,32-0,95$; $p < 0,01$).

SUMMARY

Bene, Sz. - Szűcs, M. - Polgár, J. P. - Szabó, F.: HEREDITABILITY AND BREEDING VALUES FOR WEANING WEIGHTS OF PUREBRED AND CROSSBRED CALVES ESTIMATED WITH DIFFERENT MODELS

Based on the database of Association of Hungarian Limousin and Blonde d'Aquitaine Breeders weaning weight and age at weaning of 18746 purebred and crossbred calves sired by Limousin and Blonde d'Aquitaine bulls were evaluated. Considering the genotype of calves, three databases (two for purebred, one for mixed genotypes) were formed from the initial data. Estimation was done with four different BLUP models (two sire models and two animal models). Altogether six runnings were applied. For weaning weight heritability value, for the sires breeding value were estimated. According the results of six runnings, the heritability estimates of weaning weight ranged between 0.20 and 0.60. Substantial differences were found between purebred and mixed genotype populations. Breeding values of sires estimated with different BLUP models showed differences according to the genotype of their progeny. Rank correlations of the sires' breeding values were between 0.32 and 0.95 depending on the way of prediction.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A borjú-előállításra szakosodott húshasznú szarvasmarha állományokban gyakran alkalmaznak közvetlen és kombinatív haszonállat-előállító keresztezéseket. Ezen „árutermelő” keresztezések egyrészt a heterózis hatás, másrészt a végtermék típusú apák komplementer hatásának kiaknázására irányulnak. A kistestű, kisigényű fajták fajtatiszta borjainak a 205 napra korrigált választási súlya a legtöbb esetben elmarad a keresztezett társaikétól, különösen akkor, ha ez utóbbiak apja egy nagy testű, intenzív, francia származású tenyészbika volt. A húsmarhatenyésztés gyakorlatából jól ismert, hogy az egymástól meglehetősen nagy genetikai távolságra lévő brit és francia fajták kombináló képessége kiváló. A kombinálódó képesség akkor a legjobb, ha a brit fajtákat anyaként, a francia fajtákat pedig apaként használjuk. Ilyenkor a keresztezett borjú súlya nemcsak a szülők átlagát, hanem a jobbik szülő teljesítményét is számottevő mértékben felülmúlhatja.

A végtermék típusú - így a limousin és a blonde d'Aquitaine - apákat saját fajtájukba, illetve más fajtákba tartozó tehenek és üszők termékenyítésére használhatjuk, azaz velük mind fajtatiszta, mind keresztezett ivadékok előállítása a célunk lehet. Számos irodalmi forrásmunka arra utal, hogy az adott tulajdonság örökölhetőségi értéke attól is függ, hogy azt fajtatiszta, keresztezett, vagy vegyes genotípusú (fajtatiszta és keresztezett együtt) állomány adatbázisán kaptuk. Nyilvánvaló különbségek mutatkozhatnak a tenyésztékben is, ugyanis fajtatiszta ivadékok teljesítménye alapján megnyilvánuló, általános tenyészték elsősorban az additív génhatásokkal, amíg a keresztezett ivadékok teljesítménye alapján kapott speciális tenyészték az additív génhatások mellett a génkölsönhatásokkal magyarázható.

Ezek következtében a húsmarhatenyésztők az utóbbi időben világszerte egyre több figyelmet fordítanak az apaállatok keresztezésekben betöltött szerepére. A „többfajtás” tenyészték becslés (*multibreed breeding value estimation*, MBVE) mellett „fajtaközi” (*across breed breeding value estimation*, ABBVE) becsléseket végeznek. 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. Ezek előnye elsősorban az, hogy alkalmazásukkal a keresztezési célra használt tenyészállatok megítélése pontosabb, megbízhatóbb lesz, ugyanis a módszer figyelembe veszi a kombinálódó képességet, azaz a keresztezések során megnyilvánuló speciális tenyésztéket is. Az ilyen tenyésztékbecslés a genetikai előrejelzéshez tehát több fajtába tartozó állatok értékmérő tulajdonságait - így a fajtatiszta, vagy keresztezett borjak adatait - használja. Ez a módszer nem csak a borjak közötti különbséget használja fel a tenyésztékek becsléséhez, hanem a fajták közötti különbséget, és a heterózis hatást is figyelembe veszi.

A vegyes genotípusú állományokban használt tenyésztékbecslés módszere abban különbözik a fajtatiszta állományokétól, hogy itt a fajták közötti genetikai különbségekkel és kapcsolatokkal, valamint a heterózis hatással is számolni kell (Greaser, 1999).

Keresztezett populációban elsőként Notter és Cundiff (1991) közöltek tenyésztékbecslési eredményeket, de azoknak a gyakorlat akkoriban csak kis

jelentőséget tulajdonított. *Rodríguez-Almeida és mtsai* (1997) szerint a keresztezett populációkban történő tenyésztértékbecslés növekvő fontosságú, ugyanis a többfajtás becslés során kapott eredmények kiterjeszthetők a fajtatiszta és a keresztezett állományok még teljesebb körű jellemzésére is.

Az évek során több modell (*Elzo és Famula*, 1985; *Arnold és mtsai*, 1992; *Pollak és Quaas*, 1998) készült a többfajtás tenyésztértékbecslés még pontosabb elvégzéséhez.

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

Az előzőeken kívül számos külföldi kutatócsoport foglalkozott a különböző BLUP módszerek használatával, az örökölhetőségi értékek becslésével, valamint a tenyésztértékek meghatározásával is (*Trus és Wilton*, 1988; *Meyer és mtsai*, 1993; *Núñez-Dominguez és mtsai*, 1993; *Van Vleck és mtsai*, 1996; *Ahunu és mtsai*, 1997; *Lee és mtsai*, 1997; *Dodenhoff és mtsai*, 1999; *Iwaisaki és mtsai*, 2005 stb.). E munkák eredményeit korábbi dolgozatainkban (*Bene és mtsai*, 2006, 2007a, 2013) részletesen ismertettük, így azokat itt nem részletezzük.

A fentiek tükrében vizsgálatunk célja fajtatiszta populációk, valamint vegyes genotípusú állomány adatai alapján számított populációgenetikai paraméterek összehasonlítása volt. Kíváncsiak voltunk arra, hogy az apák választási súly tulajdonság esetén, fajtatiszta populációban becsült tenyésztértéke milyen mértékben különbözik azoktól az értékektől, melyeket vegyes genotípusú állományban becsülhetünk. Szerettünk volna választ kapni arra is, hogy az apák fajtatiszta és vegyes genotípusú populációkban, eltérő BLUP modellekkel felállított rangsora mennyiben különbözik egymástól.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Munkánk során a Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesületének országos borjú választási adatbázist dolgoztunk fel. A kiindulási adatbázisok szerkezetét, valamint néhány kiindulási paramétert az 1. táblázatban foglaltunk össze.

A feldolgozott törzskönyvi adatbázisban 18746 borjú választási súlya és választási életkora szerepelt, melyek 37 hazai tenyészetben 1992 és 2009 között születtek. Számításainkat megelőzően a borjak genotípusát figyelembe véve a kiindulási adatokból három adatbázist alakítottunk ki. Az első adatbázis (adatbázis 1., $N = 9233$) kizárólag a fajtatiszta limousin, a második adatbázis (adatbázis 2., $N = 3310$) pedig kizárólag a fajtatiszta blonde d'Aquitaine borjak adatait tartalmazta. A harmadik adatbázisban (adatbázis 3., $N = 18746$) az előző kettőt egyesítettük, de az ezek mellett tartalmazta olyan keresztezett borjak adatait is, melyek apai ágról limousin, vagy blonde d'Aquitaine származásúak voltak. Ez az adatbázis tehát „vegyes” genotípusú volt. A keresztezett borjak anyai származását

1. táblázat

A kiindulási adatbázisok szerkezete

Felhasznált adatbázisok (1)	AB1	AB2	AB3			
Genotípus struktúra (2)	fajtatiszta (12)	fajtatiszta (12)	vegyes genotípusú (fajtatiszta és keresztezett együtt) (13)			
- apa genotípusa (3)	LIM	BDA	LIM	BDA	LIM	BDA
- anya genotípusa (4)	LIM	BDA	LIM	BDA	vegyes (14)	vegyes (14)
- borjak száma (5)	9233	3310	9233	3310	4380	1823
Borjak száma összesen (6)	9233	3310	18746			
Tenyészetek száma (7)	27	6	37			
Borjak születési ideje (8)	1992-2009	1993-2009	1992-2009			
Anyák ellésszáma (9)	1-12	1-11	1-12			
Választási életkor (nap) (10)	120-365	120-365	120-365			
Választási súly (kg) (11)	100-350	100-350	100-350			

AB = adatbázis (15); LIM = limousin; BDA = blonde d'Aquitaine; random = az anya az apai fajtaiktól eltérő bármilyen fajtájú (pl. magyar tarka), vagy akár keresztezett genotípusú (pl. limousin x magyar tarka) lehet (16)

Table 1. The structure of the database

used database (1); genotype structure (2); genotype of sire and dam (3; 4); number of calves (5); number of calves in database (6); number of herds (7); birth date of calves (8); parity of dam (9); age at weaning (day) (10); weaning weight (11); purebred (12); mixed genotype (purebred and crossbred together) (13); mixed (14); database (15); genotype of dam can be any breed (typically Hungarian Simmental, or crossbred (Limousin x Hung. Simmental) (16)

nem határoztuk meg, az anyák (tehenek) a limousin, illetve a blonde d'Aquitaine kivételével bármilyen fajtájúak, vagy akár keresztezett genotípusúak is lehetnek.

A vizsgálatba vont 18746 borjú mindegyike apai ágon tehát limousin, vagy blonde d'Aquitaine származású volt, azaz az adatbázisainak apai féltestvér csoportok választási eredményeit tartalmazták. A választott borjak összesen 148 apa ivadékaik voltak, melyek közül 110 tenyészbika limousin, 38 pedig blonde d'Aquitaine fajtájú volt (2. táblázat).

Az értékelésbe, vagyis a kiindulási adatbázisba csak olyan apák kerültek be, melyek után legalább 15 borjú választási adatai a rendelkezésre álltak. Az egy apára jutó ivadékok száma átlagosan 126,7 volt. A 148 értékelt apa közül 120 olyan tenyészbikát találtunk, melyeknek fajtatiszta és keresztezett ivadékaik is voltak. Így a kiindulási adatbázisban 17825 olyan borjú adata állt rendelkezésre, melyeknek voltak fajtatiszta, illetve keresztezett féltestvérei is. Hozzáátve, hogy az értékelésbe vont 37 tenyészet közül majdnem mindegyikében választottak fajtatiszta és keresztezett borjakat, a vegyes genotípusú adatbázisunk (adatbázis 3.) a tenyészetekben történő apahasználat, valamint az árutermelő keresztezések következtében létrejött genotípus struktúra meglehetősen sokszínű, sok átfedést és rokoni kapcsolatot tartalmazó volt.

2. táblázat

A vizsgálatba vont apák

Apa fajtája (1)	LIM	BDA	Összesen (2)
A vizsgálatba vont apák száma összesen (3)	110	38	148
- ezek ivadékaiknak a száma (4)	13611	5135	18746
Egy apára jutó ivadékok száma átlagosan (5)	123,7	135,1	126,7
Egy apára jutó ivadékok száma minimum (6)	15	15	15
Csak fajtatiszta ivadékokkal rendelkező apák száma (7)	21	2	23
- ezek ivadékaiknak a száma	719	64	783
Fajtatiszta és keresztezett ivadékokkal is rendelkező apák száma (8)	85	35	120
- ezek ivadékaiknak a száma	12799	5026	17825
- ebből fajtatiszta (9)	8514	3246	11760
- ebből keresztezett (10)	4285	1780	6065
Csak keresztezett ivadékokkal rendelkező apák száma (11)	4	1	5
- ezek ivadékaiknak a száma	93	45	138

LIM = limousin; BDA = blonde d'Aquitaine

Table 2. The examined sires

breed of sire (1); total (2); number of the examined sires (3); number of their progeny (4); the average number of progeny per sire (5); minimum number of progeny per sire (6); number of sires with purebred progeny only (7); number of sires with purebred and crossbred progeny (8); from this purebred or crossbred (9, 10); number of sires with crossbred progeny only (11)

Munkánk során az előzőekben bemutatott adatbázisokat különböző BLUP modellekkel (Henderson, 1975) értékeltük ki. Vizsgálataink során négy különböző modellt állítottunk össze, majd az ezekkel kapott eredményeket egymással összehasonlítottunk. A négy modell közül kettő apamodell, kettő pedig egyedmodell volt (Szőke és Komlósi, 2000). Mind az apamodellt, mind pedig az egyedmodellt a fajtatiszta borjak adatbázisain (adatbázis 1. és adatbázis 2.), mind pedig a vegyes genotípusú adatbázison (adatbázis 3.) külön-külön lefuttattuk. Számításaink során egyetlen tulajdonságot, a választási súlyt értékeltük. A négy különböző modellt, valamint az összeállításuk során figyelembe vett kiindulási paramétereket a 3. táblázatban mutatjuk be.

A jobb érthetőség, valamint a könnyebb áttekinthetőség érdekében a munka során elvégzett számításokat (a hat futtatást) a 4. táblázatban foglaltuk össze.

Az apamodellek

A számításaink során használt két különböző apamodell számos hatást tartalmazott. Az első apamodellt (modell 1) kizárólag a fajtatiszta adatbázisokon (adatbázis 1. és 2.) alkalmaztuk. Ennek összeállítása során az apát (a pedigréből csak az apára vonatkozó adatokat használtuk) véletlen (random), a többi vizsgált tényezőt (a tenyészetet, a tehének ellésszámát, az évjáratot, a születés hónapját, valamint a borjú ivarát - korábbi vizsgálataink, valamint Kovács és mtsai (1993),

3. táblázat

Az alkalmazott modellek

Modell száma (1)	Modell 1	Modell 2	Modell 3	Modell 4
Modell típusa (2)	Apamodell (20)	Apamodell (20)	Egyedmodell (21)	Egyedmodell (21)
A populáció genotípusa (3)	fajtatiszta (22)	vegyes geno-típusú (23)	fajtatiszta (22)	vegyes geno-típusú (23)
Random hatások (4)				
- apa (5)	+	+	+	+
- egyed (6)	-	-	+	+
- anya (7)	-	-	+	+
Fix hatások (8)				
- borjú genotípusa (9)	-	+	-	+
- tenyészet (10)	+	+	+	+
- anya ellésszáma (11)	+	+	+	+
- születési évjárat (12)	+	+	+	+
- születési évszak (13)	+	+	+	+
- borjú ivara (14)	+	+	+	+
Egyéb hatások (15)				
- anyai genetikai hatás (16)	-	-	+	+
- anya állandó körny. hatása (17)	-	-	+	+
Kovariáns (vál. életkor) (18)	+	+	+	+
Viszgált tulajdonság (választási súly) (19)	+	+	+	+

+ = a modell ezt a hatást tartalmazza (24); - = a modell ezt a hatást nem tartalmazza (25)

Table 3. The used models

number of model (1); type of model (2); genotype of population (3); random effects (4); sire (5); animal (6); dam (7); fix effects (8); genotype of calf (9); herd (10); parity of dam (11); birth year (12); birth season (13); sex of calf (14); other effects (15); maternal genetic effect (16); maternal permanent environmental effect (17); covariant (age at weaning) (18); trait (weaning weight) (19); sire model (20); animal model (21); purebred (22); mixed genotype (23); the model include this effect (24); the model doesn't include this effect (25)

illetve *Tőzsér és mtsai* (1996) eredményei alapján - fix hatásként vettük figyelembe. A munka során a választási életkort, mint kovariánst is a modellbe építettük. A második apamodell (modell 2) - melyet kizárólag a vegyes genotípusú adatbázison (adatbázis 3.) futtattunk - felírása során a többfajtás tenyészértékbecslés irányelveit vettük figyelembe. A két apamodell csupán annyiban különböztek egymástól, hogy az egyik tartalmazta a borjú genotípusát (fajtatiszta limousin, fajtatiszta blonde d'Aquitaine, limousin apaságú keresztezett, blonde d'Aquitaine

4. táblázat

A modell futtatások száma és tartalma

Futtatás sorszáma (1)	Alkalmazott modell (2)			Értékelésbe vont borjak (3)			Falhasznált adatbázis száma* (6)
				Fajtatiszta (4)		Vegyes genotípusú (5)	
	Apa (7)	Egyed (8)	Száma# (9)	LIM	BDA		
F1	+		modell 1	+			AB1
F2	+		modell 1		+		AB2
F3	+		modell 2			+	AB3
F4		+	modell 3	+			AB1
F5		+	modell 3		+		AB2
F6		+	modell 4			+	AB3

*az 1. táblázat alapján (10); #a 3. táblázat alapján (11); LIM = limousin; BDA = blonde d'Aquitaine; + = a futtatás során a megjelölt kiindulási feltételek teljesültek (12)

Table 4. The number and content of the model runned

number of run (1); used model (2); examined calves (3); purebred (4); mixed genotype (5); number of used database (6); sire or animal model (7; 8); number of model (9); as it seen on Table 1 and 3 (10; 11); during the runs, the signed starting conditions have been fulfilled (12)

apaságú keresztezett), mint fix hatást, a másik pedig nem. A két apamodellt a következőképp írtuk fel:

$$\text{Modell 1: } Y_{ijklmno} = \mu + S_i + F_j + A_k + Y_l + M_m + C_n + b(x_{ijklmno} - X) + e_{ijklmno}$$

$$\text{Modell 2: } Y_{ijklmno} = \mu + S_i + G_h + F_j + A_k + Y_l + M_m + C_n + b(x_{ijklmno} - X) + e_{ijklmno}$$

(ahol: $Y_{ijklmno}$ = i-edik apától, h genotípusú, j-dik tenyészetben, az anya k-adik elléséből, l évben, m évszakban, n ivarú, o korú választott borjú választási súlya. μ = az összes megfigyelés átlaga; S_i = a bika véletlen hatása; G_h = a borjú genotípusának fix hatása; F_j = a tenyészet fix hatása; A_k = a tehén ellésszámának (korának) a fix hatása; Y_l = a születési év fix hatása; M_m = az születési évszak fix hatása; C_n = a borjú ivarának fix hatása; b = regressziós koefficiens (választási életkor); $e_{ijklmno}$ = véletlen hiba)

A munka során mindkét apamoddellel két variancia komponenst becsültünk. Ezek a genetikai variancia (ivadékcsoportok közötti variancia; V_g), valamint a környezeti variancia (ivadékcsoporton belüli variancia; V_k) voltak. Az apamoddellel becsült genetikai varianciát (V_{ga}) a következő képlet segítségével számítottuk ki: $V_{ga} = (MS_{apa} - MS_E) / k_1$ (ahol k_1 az apa szabadságfokából számított koefficiens). A becslés során kapott MS_E (hiba, vagy maradék) értéke megegyezett a környezeti variancia (V_k) értékével. Azaz $MS_E = V_k$. A fenotípusos varianciát (V_f) a genetikai variancia ($V_g = V_{ga} \times 4$) és a környezeti variancia (V_k) összegeként határoztuk meg ($V_f = V_g + V_k$). Az örökölhetőségi értéket (h^2) a genetikai variancia (V_g) és a fenotípusos variancia (V_f) hányadosaként számítottuk ki ($h^2 = V_g / V_f$).

Ezt követően a vizsgálatban szereplő összes apa tenyésztékét megbecsültük a választási súly tulajdonságra. A tenyésztékét az apa ivadékcsoportjának átlagos teljesítménye, valamint a teljes populáció átlagos teljesítményének a különbségeként határoztuk meg. Minden apa esetén két tenyésztékét számítottunk. Egyet a fajtatiszta, egyet pedig a vegyes genotípusú populációban. Ennek eredményeit táblázatos formában csak a 20-20 legtöbb ivadékkal rendelkező apa esetén mutatjuk be. A két különböző apamoddell becsült tenyésztékek ismeretében az apák rangsorait is meghatároztuk a vizsgált tulajdonságban.

Az apamoddell futtatását *Harvey* (1990) „*Least Square Maximum Likelihood*” eljárása szerint, „*Harvey*” programmal végeztük.

Az egyedmodellek

Az előzőekhez hasonlóan a számításainak során használt két egyedmodellbe is számos hatást építettünk. Az apamodellekhez hasonlóan ezek is csak abban különböztek egymástól, hogy az egyiket (modell 3) kizárólag a fajtatiszta adatbázisokon futtattuk és nem tartalmazta a borjak genotípusát, a másikat (modell 4) pedig kizárólag a vegyes genotípusú adatbázis esetében használtuk, a borjak genotípusát pedig - *Splan és mtsai* (2002) vizsgálatához hasonlóan - fix hatásként beleépítettük. Ezen kívül a modellek teljesen azonosak voltak, mindkettő egyformán tartalmazta a pedigrére vonatkozó random hatásokat (a rokonsági mátrixban az apákra, anyákra és a nagyszülőkre vonatkozó adatok szerepeltek), az apamoddellnél bemutatott fix hatásokat, a választási életkort, mint kovariánst, valamint az anyai genetikai hatást, és az anya állandó környezeti hatását is. Ez utóbbi két hatás értelmezését korábbi munkánk (*Bene, 2007*) során részletesen bemutattuk, így azt itt nem ismételjük. Az egyik egyedmodell tehát a „hagyományos” elveken alapult, a másikinál pedig a „többfajtás” tenyésztékbecslés (*Van Vleck és mtsai, 1992; Núñez-Dominguez és mtsai, 1995; Roso és mtsai, 2005*) irányelveit érvényesítettük.

Az egyedmodell általános alakja az alábbiak szerint írható fel (ahol: y = a megfigyelés vektora (választási súly); b_1 és b_2 = a fix hatás(ok) vektora - a fentiek szerint; u = a véletlen hatás vektora (egyed); m = az anyai genetikai hatás vektora; pe = az anya állandó környezeti hatásának vektora; e = hiba vektor; X = a fix hatások előfordulási mátrixa; Z = az additív genetikai hatások előfordulási mátrixa; W = az anyai genetikai hatás előfordulási mátrixa; S = az anya állandó környezeti hatásának előfordulási mátrixa):

$$\text{Modell 3: } y = Xb_1 + Zu + Wm + Spe + e$$

$$\text{Modell 4: } y = Xb_2 + Zu + Wm + Spe + e$$

Az egyedmodellel történő becslés során a következő variancia és kovariancia komponenseket, valamint populációgenetikai paramétereket határoztuk meg: additív direkt genetikai variancia (σ_a^2); anyai genetikai variancia (σ_m^2); direkt-anyai genetikai kovariancia (σ_{dm}); anyai állandó környezeti hatás (σ_{pe}^2); hiba variancia (σ_e^2); fenotípusos variancia (σ_p^2); direkt örökölhetőség (h_d^2); anyai örökölhetőség (h_m^2); teljes örökölhetőség (h_T^2); direkt-anyai genetikai korreláció (r_{dm}); az állandó

környezeti variancia (c^2), illetve a hiba variancia (e^2) aránya a fenotípusos varianciában. A komponensek számításának menetét *Willham* (1972), valamint *Lengyel* (2005) részletesen ismertette, így annak újbóli bemutatásától itt eltekintünk.

A vizsgálatban szereplő összes apa tenyésztékét egyedmodellel is megbecsültük a választási súly tulajdonság esetén. Az ide vonatkozó irányelvek megegyeztek az apamodellnél leírtakkal, így azt itt nem ismételjük.

Az egyedmodell esetén a populációgenetikai paramétereket és a tenyésztékeket - *Lengyel és mtsai* (2004), valamint *Lengyel* (2005) iránymutatása alapján - a DFREML (*Meyer*, 1998) és az MTDFREML (*Boldman és mtsai*, 1993) programokkal becsültük.

Az apák rangsorának összehasonlítása

A négy különböző BLUP modellel az apák választási súly tulajdonságra számított tenyésztéké alapján négy különböző rangsort állítottunk fel, fajtánként külön-külön. A modellnek az apák rangsorára gyakorolt hatást *Núñez-Domínguez és mtsai* (1995), valamint *Lengyel* (2004, 2005) vizsgálataihoz hasonlóan rangkorreláció számításal határoztuk meg. Ehhez a MS Excel statisztikai programcsomagját használtuk.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

Az előzőekben bemutatott négy különböző BLUP modellel becsült, hat futtás során számított populációgenetikai paramétereket az 5. táblázatban ismertetjük. A választási súly tulajdonság örökölhetősége a különböző futtatások eredményei alapján meglehetősen tág határok között változott. A legkisebb h^2 értéket ($0,20 \pm 0,03$) a fajtatiszta limousin borjak adatbázisának apamodellel történő kiértékelése, a legnagyobbat ($0,60 \pm 0,014$) pedig a fajtatiszta blonde d'Aquitaine borjak adatbázisának egyedmodellel történő kiértékelése során kaptuk. Ezek alapján összességében megállapítható, hogy a vizsgált populációban a választási súly örökölhetősége gyenge és jó közötti volt.

A vizsgált genotípusok közül - mind az apamodel, mind pedig az egyedmodell esetén - a limousin fajtában kisebbnek találtuk a választási súly örökölhetőségét ($h^2 = 0,20 \pm 0,03$, ill. $h^2 = 0,28 \pm 0,05$) annál, mint amit a blonde d'Aquitaine fajta esetén tapasztaltunk ($h^2 = 0,35 \pm 0,09$, ill. $h^2 = 0,60 \pm 0,14$). A vegyes genotípusú adatbázison számított örökölhetőségi értékek ($h^2 = 0,32 \pm 0,04$, ill. $h^2 = 0,57 \pm 0,06$) az előző kettő közé estek. A nagyobb létszámú, fajtatiszta limousin populációban számított megbízhatósági értékek jobbak voltak azoknál az adatoknál, mint amiket a kisebb létszámú fajtatiszta blonde d'Aquitaine állományban becsültünk. A vegyes genotípusú adatbázison becsült hiba értékek az előzőeknél is kisebbek voltak.

A két fajta közti különbségek az örökölhetőségi értékekben egyrészt az eltérő környezethatással, másrészt a különböző mértékű megbízhatósággal magyarázhatók. Mivel a limousin állomány több tenyészetben volt, feltehetően nagyobbak lehettek a tenyészetek közti környezeti és technológiai különbségek, mint a kevesebb tenyészetben tartott blonde d'Aquitaine esetében. Emiatt az előző fajtánál nagyobb környezethatás, és kisebb genetikai hatás lehetett, emiatt az örökölhetőség kisebb volt, mint az utóbbi fajta esetében.

A két különböző apamoddellel (modell 1 és modell 2) becsült populációgenetikai paraméterek között túlságosan nagy különbségeket nem találtunk. Ezzel szemben a két egyedmodell (modell 3 és modell 4) közötti különbség számottevőnek bizonyult, különösen a fajtatiszta limousin ($0,28 \pm 0,05$) és a vegyes genotípusú populációban ($0,57 \pm 0,06$) számított h^2 érték esetén. Eredményeink alapján az is megállapítható, hogy valamennyi adatbázis esetében az egyedmoddellel nagyobb - bizonyos esetekben sokkal nagyobb - örökölhetőségi értékeket kaptunk, mint az apamoddellel. A számított h^2 értékek statisztikai értelemben vett megbízhatósága a négy modell esetén számottevő mértékben nem különbözött.

5. táblázat

A számított populációgenetikai paraméterek

Paraméter (1)	Apamodell (2)			Egyedmodell (3)		
	Modell 1		Modell 2	Modell 3		Modell 4
	Fajtatiszta (4)		Vegyes genotíp. (5)	Fajtatiszta		Vegyes genotípusú
	F1	F2	F3	F4	F5	F6
σ_d^2	200,24	494,08	423,78	243,21	662,14	603,60
σ_m^2	-	-	-	113,09	339,06	249,92
σ_{dm}	-	-	-	-105,43	-366,10	-310,76
σ_{pe}^2	-	-	-	83,80	54,25	69,28
σ_e^2	795,42	911,02	899,51	531,26	412,40	454,20
σ_p^2	995,66	1405,10	1323,29	865,93	1101,75	1066,24
h_d^2	$0,20 \pm 0,03$	$0,35 \pm 0,09$	$0,32 \pm 0,04$	$0,28 \pm 0,05$	$0,60 \pm 0,14$	$0,57 \pm 0,06$
h_m^2	-	-	-	$0,13 \pm 0,04$	$0,31 \pm 0,07$	$0,23 \pm 0,03$
r_{dm}	-	-	-	$-0,64 \pm 0,09$	$-0,77 \pm 0,07$	$-0,80 \pm 0,03$
c^2	-	-	-	$0,10 \pm 0,02$	$0,05 \pm 0,03$	$0,07 \pm 0,01$
e^2	-	-	-	$0,61 \pm 0,04$	$0,37 \pm 0,10$	$0,43 \pm 0,04$
$h_m^2 + c^2$	-	-	-	0,23	0,36	0,30
h_T^2	0,20	0,35	0,32	0,16	0,26	0,25

F = futtatás sorszáma (6); σ_d^2 = direkt additív genetikai variancia (7); σ_m^2 = anyai genetikai variancia (8); σ_{dm} = direkt-anyai kovariancia (9); σ_{pe}^2 = anyai állandó környezeti variancia (10); σ_e^2 = hiba (egyéb környezeti) variancia (11); σ_p^2 = fenotípusos variancia (12); h_d^2 = direkt örökölhetőség (13); h_m^2 = anyai örökölhetőség (14); r_{dm} = direkt-anyai genetikai korreláció (15); c^2 = állandó környezeti variancia aránya a fenotípusban (16); e^2 = a hiba variancia aránya a fenotípusban (17); h_T^2 = teljes örökölhetőség (18)

Table 5. The calculated population genetics parameters

parameter (1); sire model (2); animal model (3); purebred (4); mixed genotype (5); number of run (6); σ_d^2 = additive direct genetic variance (7); σ_m^2 = maternal genetic variance (8); σ_{dm} = direct maternal genetic covariance (9); σ_{pe}^2 = maternal permanent environmental effect (10); σ_e^2 = residual variance (11); σ_p^2 = phenotypic variance (12); h_d^2 = direct heritability (13); h_m^2 = maternal heritability (14); r_{dm} = direct-maternal genetic correlation (15); c^2 = the ratio of the permanent environmental variance to the phenotypic variance (16); e^2 = the ratio of the residual variance to the phenotypic variance (17); h_T^2 = total heritability (18)

A fajtatiszta limousin populációban az egyedmodellel meghatározott populációgenetikai paramétereink hasonlóak voltak azokhoz az adatokhoz, mint amit munkájuk során Keeton és mtsai (1996), Van Vleck és mtsai (1996), valamint Dodenhoff és mtsai (1999) becsültek. Fajtatiszta limousin borjak esetén a számított adataink teljesen azonosak voltak azokkal az eredményekkel, melyeket Lengyel és mtsai (2003), valamint Lengyel (2004) apa- és egyedmodellel határozott meg.

A fajtatiszta blonde d'Aquitaine adatbázison számított értékeink mind az apamodell, mind pedig az egyedmodell tekintetében korábbi dolgozatunk (Bene és mtsai, 2007b) eredményeihez teljesen hasonlóak voltak.

A vegyes genotípusú adatbázis alapján számított populációgenetikai paramétereink részben a már meglévő szakirodalmi adatokhoz hasonlóan, részben attól eltérően alakultak. A választási súly esetén Crews és Kemp (1999), valamint Splan és mtsai (1998) limousin keresztezett populációkban az általunk számítottnál jóval kisebb örökölhetőségi értékeket becsültek. Ahunu és mtsai (1997), valamint Roso és mtsai (2005) által vegyes genotípusú populációkra közölt értékek - egyedmodell esetén - szintén kisebbek voltak annál, mint amit munkánk során számítottunk. Bourdon és Brinks (1982) apamodellt használva, több fajta átlagában az általunk tapasztaltaknál nagyobb h^2 értékeket közöltek. Ezzel szemben eredményeink hasonlóságot mutattak azokkal az adatokkal, mint amit Magana és Segura (1997) keresztezett állomány apamodellel történő értékelése során kaptak. A választási súlyra becsült populációgenetikai paramétereink hasonlóak azokhoz az adatokhoz is, melyeket Meyer (1992) keresztezett állományok vizsgálatát követően talált.

A limousin fajtájú apák ivadékainak számát, valamint a különböző adatbázisok alapján, különböző BLUP modellekkel számított választási súly tenyésztértékét, illetve az e tenyésztértékek alapján felállított rangsorát a 6. táblázatban mutatjuk be.

Eredményeink alapján egyértelműen megállapítható, hogy valamennyi apa esetén a négy különböző BLUP modellel más és más tenyésztértéket becsültünk a választási súly tulajdonságra. A legtöbb apa esetén a becsült tenyésztérték populációátlaghoz viszonyított iránya (átlag alatti vagy feletti) ugyan hasonló volt, de a számszerű értékekben nagyon nagy különbségeket találtunk közöttük (pl.: 16444-es apa tenyésztértékei a választási súly tulajdonságban: modell 1: +7,68 kg; modell 2: +9,05 kg; modell 3: +11,94 kg; modell 4: +11,64 kg). Mindezek mellett vizsgálatunk során találtunk olyan apákat is (pl.: a 18853-as apa), melyek tenyésztértéke a választási súly tulajdonságra nézve fajtatiszta populációkban átlag alatti, de a vegyes genotípusú állományban átlag feletti volt. A négy modell közül a legkiugróbb eredményeket a vegyes genotípusú állományon futtatott apamodell (modell 2) esetén tapasztaltuk. Az ezzel a modellel becsült tenyésztértékek számos apa (pl.: 14712-es apa tenyésztértékei a választási súly tulajdonságban: modell 1: +13,79 kg; modell 2: -23,95 kg; modell 3: +25,99 kg; modell 4: +17,29 kg) esetén nemcsak irányában, de abszolút értékben nézve is jelentősen eltértek a másik három modellel kapott adatoktól.

A fentiek következtében a limousin apák négy különböző BLUP modellel becsült, a választási súly tulajdonságra irányuló tenyésztértéke alapján felállított rangsoraiban is számottevő különbségeket találtunk. A négy rangsor rangkorrelációval történt összehasonlításának eredményeit a 7. táblázatban mutatjuk be.

A fajtatiszta limousin adatbázis alapján apamodellel (modell 1) és egyedmodellel (modell 3) meghatározott rangsor egymáshoz nagyon hasonlóan bizonyult

6. táblázat

A limousin apák választási súly tulajdonság alapján becsült tenyésztértéke és rangsora

KLSZ	N		Apamodell (1)				Egyedmodell (2)			
			Modell 1 (AB1) (3)		Modell 2 (AB3)		Modell 3 (AB1)		Modell 4 (AB3.)	
	AB1	AB3	Fajtatiszta populációban (4)		Vegyes geno- típusú popu- lációban (5)		Fajtatiszta populációban		Vegyes genotípusú populációban	
			TÉ	SR	TÉ	SR	TÉ	SR	TÉ	SR
9034	41	298	-0,24	7	-7,53	15	-1,99	6	-1,45	6
11572	298	325	-2,81	12	-9,80	17	-8,56	11	-10,72	10
12015	612	907	-1,90	9	-10,06	18	-8,96	13	-15,84	15
12946	232	259	+1,80	5	-7,36	14	-3,15	7	-11,87	11
13098	917	1483	+1,75	6	-9,09	16	-1,02	4	-10,64	9
13869	244	277	-1,60	8	-6,93	13	-5,93	9	-11,98	12
14284	157	198	-8,16	16	+6,07	9	-15,60	18	-20,78	17
14473	148	201	-8,43	18	+10,22	4	-14,49	17	-13,85	13
14474	184	250	-6,15	15	+9,69	5	-10,77	15	-15,31	14
14476	188	236	-5,91	14	+9,66	6	-12,05	16	-16,78	16
14602	37	187	-8,16	17	-2,77	10	-9,21	14	-22,65	18
14684	721	935	-8,43	19	-3,60	11	-21,15	19	-23,11	19
14712	55	188	+13,79	1	-23,95	20	+25,99	1	+17,29	1
15250	531	687	-14,15	20	-15,13	19	-30,80	20	-39,61	20
16444	436	524	+7,68	2	+9,05	8	+11,94	2	+11,64	4
16496	222	242	-3,13	13	+12,14	3	-7,03	10	-4,15	7
16854	173	239	+3,42	4	+17,65	1	-1,29	5	+13,41	3
17031	150	185	-2,59	11	-5,47	12	-8,59	12	-8,64	8
17562	121	191	+7,40	3	+15,47	2	+4,40	3	+10,97	5
18853	199	203	-1,99	10	+9,30	7	-4,18	8	+15,90	2
FÁ	9233	18746	214,8±5,1		227,4±11,5		214,8±5,1		227,4±11,5	

KLSZ = az apa központi lajstromszáma (6); N = az apa ivadékaiknak a száma (7); TÉ = tenyésztérték (kg) (8); SR = a tenyésztértékek alapján felállított rangsorban lévő pozíció (9); FÁ = a populáció főátlaga (kg) (10)

Table 6. The weaning weight breeding value and rank of Limousin sires

sire model (1); animal model (2); database (3); in purebred population (4); in mixed genotype population (5); registration number of sires (6); number of progeny of sire (7); breeding value (8); the position of sires in the rank based on their breeding value (9); overall mean (10)

7. táblázat

Rangkorrelációs értékek az apák különböző modellekkel felállított rangsora között a limousin apák esetén (N=110)

r_{rang}	Modell 2	Modell 3	Modell 4
Modell 1	0,37*	0,92*	0,68*
Modell 2		0,36*	0,32*
Modell 3			0,75*

* $p < 0,01$; modell 1 = adatbázis 1. (fajtatiszta limousin) + apamodel (1); modell 2 = adatbázis 3. (vegyes genotípusú) + apamodel (2); modell 3 = adatbázis 1. (fajtatiszta limousin) + egyedmodell (3); modell 4 = adatbázis 3. (vegyes genotípusú) + egyedmodell (4)

Table 7. Rank correlation values between the ranks of sires (Limousin sires)

model 1 = database 1 (purebred limousin) + sire model (1); model 2 = database 3 (mixed genotype) + sire model (2); model 3 = database 1 (purebred limousin) + animal model (3); model 4 = database 3 (mixed genotype) + animal model (4)

($r_{rang} = 0,92$; $p < 0,01$), azaz a fajtatiszta populációban a két különböző BLUP módszer végső eredményei egymáshoz nagyon hasonlóak voltak. Vizsgálatai során Lengyel és mtsai (2004), valamint Lengyel (2005) hasonlóan szoros összefüggésekről számoltak be fajtatiszta limousin állományok választási adatainak apa- és egyedmodellel történő értékelését követően. Korábbi kutatásaink (Bene és mtsai, 2006, 2007b) alkalmával jelen eredményeinkhez teljesen hasonló rangkorrelációs értékeket határoztunk meg fajtatiszta populációk választási súlyának elemzése során. Laza összefüggést találtunk ugyanakkor a vegyes genotípusú adatbázison futtatott apamodellel (modell 2) felállított rangsor, valamint a másik három modellel meghatározott rangsor ($r_{rang} = 0,32-0,37$; $p < 0,01$) között. Ez alapján ismételtén megállapítható, hogy a 2-es modellel kapott eredményeink kiugrónak tekinthetők a többi modellel kapott értékekhez képest. A vegyes genotípusú adatbázis egyedmodellel (modell 4) történő kiértékelése során felállított rangsor kevésbé ($r_{rang} = 0,68-0,75$; $p < 0,01$) hasonlított a fajtatiszta populációban meghatározott sorrendekhez. Ez az eredmény hasonlóságot mutatott a legtöbb szakirodalmi forrásban (Sullivan és mtsai, 1999; Newman és mtsai, 2002; Splai és mtsai, 2002 stb.) fellelhető információhoz.

Az előzőekhez hasonlóan a blonde d'Aquitaine fajtájú apák ivadékainak számát, valamint a különböző adatbázisok alapján, különböző BLUP modellekkel számított választási súly tenyésztértékét, illetve az e tenyésztérték alapján felállított rangsorát a 8. táblázatban mutatjuk be. Szintén az előzőekhez hasonlóan az apák különböző modellekkel felállított rangsora közti összefüggéseket a 9. táblázatban ismertetjük.

A blonde d'Aquitaine apák esetén a limousin fajtánál tapasztaltakhoz nagyon hasonló eredményeket kaptunk. Mind az apák becsült tenyésztértékében, mind pedig az apák rangsorában számottevő különbségeket találtunk a négy BLUP modell között, ezért a limousin apák esetén leírtakat itt nem ismételjük. A blonde d'Aquitaine és a limousin fajtájú apák rangsorának vizsgálatát követően csupán egy dologban tapasztaltunk jelentős és említésre méltó különbséget. A blonde d'Aquitaine apák esetében a vegyes genotípusú adatbázis kiértékelésére használt apamodel (modell 2) és egyedmodell (modell 4) nagyon hasonló rangsort ($r_{rang} =$

8. táblázat

A blonde d'Aquitaine apák választási súly tulajdonság alapján becsült tenyésztértéke és rangsora

KLSZ	N		Apamodell (1)				Egyedmodell (2)			
			Modell 1 (AB2) (3)		Modell 2 (AB3)		Modell 3 (AB2)		Modell 4 (AB3)	
	AB2	AB3	Fajtatiszta populációban (4)		Vegyes geno- típusú popu- lációban (5)		Fajtatiszta populációban		Vegyes genotípusú populációban	
			TÉ	SR	TÉ	SR	TÉ	SR	TÉ	SR
11273	43	198	+10,35	4	-10,12	16	-0,50	12	-14,39	15
12392	117	360	+1,82	11	+13,04	7	+0,89	11	+20,29	6
12708	10	66	+0,01	12	-5,39	14	+2,97	10	-3,14	13
13229	108	248	-16,70	19	-2,98	13	-28,74	18	-11,84	14
13729	58	146	+9,96	5	+23,45	1	+13,09	6	+48,07	2
13730	142	278	-10,27	15	+9,14	9	-23,64	16	+15,26	8
14053	63	106	-1,13	13	+13,31	6	-7,18	14	+22,66	5
14347	257	356	-11,18	16	+7,28	11	-23,69	17	-2,48	12
15076	50	92	-1,20	14	+15,71	4	-3,88	13	+13,50	10
15641	109	153	-22,25	20	-9,81	15	-40,26	20	-34,46	17
15911	699	1019	+3,48	9	+11,13	8	+7,43	8	+11,66	11
16477	51	60	+8,05	7	+4,93	12	+16,84	5	+14,87	9
16788	492	587	+9,49	6	+8,88	10	+17,72	4	+18,90	7
17032	57	59	+19,15	2	+23,07	2	+37,73	1	+49,00	1
17086	119	129	+17,33	3	+14,96	5	+34,52	3	+33,55	4
17680	265	299	+20,39	1	+16,33	3	+36,85	2	+35,92	3
19335	121	128	-13,62	18	-34,80	20	-31,59	19	-55,24	20
20226	68	77	+5,22	8	-13,58	17	+12,14	7	-24,77	16
20283	53	56	-12,22	17	-28,13	19	-19,79	15	-54,70	19
20284	65	69	+2,73	10	-21,31	18	+5,99	9	-39,36	18
FÁ	3310	18746	252,3±21,3		227,4±11,5		252,3±21,3		227,4±11,5	

KLSZ = az apa központi lajstromszáma (6); N = az apa ivadékaiknak a száma (7); TÉ = tenyésztérték (kg) (8); SR = a tenyésztértékek alapján felállított rangsorban lévő pozíció (9); FÁ = a populáció főátlag (kg) (10)

Table 8. The weaning weight breeding value and rank of Blonde d'Aquitaine sires

sire model (1); animal model (2); database (3); in purebred population (4); in mixed genotype population (5); registration number of sires (6); number of progeny of sire (7); breeding value (8); the position of sires in the rank based on their breeding value (9); overall mean (10)

0,93; $p < 0,01$) eredményezett, vagyis a 2-es modellel ez esetben nem becsültünk a többtől olyan mértékben eltérő tenyésztési értékeket, mint a limousin apák esetében.

9. táblázat

Rangkorrelációs értékek az apák különböző modellekkel felállított rangsora között a blonde d'Aquitaine apák esetén (N=38)

r_{rang}	Modell 2	Modell 3	Modell 4
Modell 1	0,40*	0,95*	0,54*
Modell 2		0,45*	0,93*
Modell 3			0,56*

* $p < 0,01$; modell 1 = adatbázis 2. (fajtatiszta blonde d'Aquitaine) + apamodel (1); modell 2 = adatbázis 3. (vegyes genotípusú) + apamodel (2); modell 3 = adatbázis 2. (fajtatiszta blonde d'Aquitaine) + egyedmodell (3); modell 4 = adatbázis 3. (vegyes genotípusú) + egyedmodell (4)

Table 9. Rank correlation values between the ranks of sires (Blonde d'Aquitaine sires)

model 1 = database 2 (purebred blonde d'Aquitaine) + sire model (1); model 2 = database 3 (mixed genotype) + sire model (2); model 3 = database 2 (purebred blonde d'Aquitaine) + animal model (3); model 4 = database 3 (mixed genotype) + animal model (4)

KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

A Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesületének országos borjú választási adatbázis kiértékelését követően az alábbi megállapításokat tehetjük:

A fajtatiszta és a vegyes genotípusú borjak adatait tartalmazó adatbázisok négy különböző BLUP modellel történő kiértékelése során számottevően különböző populációgenetikai paramétereket kaptunk. A kiindulási adatbázis borjúlétszáma, annak genotípus struktúrája, valamint az alkalmazott modellek különbözősége révén egy azon tulajdonságra többféle, egymástól jelentősen eltérő örökölhetőségi értéket tapasztaltunk.

A kiindulási adatbázisok különbözősége mellett számottevően befolyásolhatta az örökölhetőségi értékek alakulását az is, ha az anyai genetikai hatást a modellbe építettük. Eredményeink alapján megállapítható, ha ezt a hatást a modellben szerepeltettük, akkor a fenotípusos variancia értéke kisebb lett, aminek következtében a h^2 érték nőtt. Ez a választási súly esetén jórészt az additív direkt genetikai variancia és az anyai genetikai variancia közti negatív előjelű kovarianciával magyarázható. E két hatás közti kapcsolatot nagyon sok kutatócsoport értékelte az elmúlt időszakban, azonban a meglehetősen sokszínű eredmények következtében ezek összefüggése, illetve kapcsolatuk milyenségének az örökölhetőségi érték alakulására gyakorolt hatása még nem tűnik teljes mértékben tisztázottnak.

A vizsgált limousin és blonde d'Aquitaine fajták esetén fajtatiszta populációkban, valamint a vegyes genotípusú állományban meghatározott örökölhetőségi értékek csak arra a populációra igazak, amelyek adataiból azok kiszámításra kerültek. Ezért, illetve számított adataink tükrében a fajtatiszta állományok értékelése során becsült örökölhetőségi értékeket nem javasoljuk felhasználni a vegyes genotípusú, vagy keresztezett borjakat, illetve azok adatait (is) tartalmazó populációkban végzett nemesítő és tenyésztői munka során.

A fajtatiszta állományok adatainak a kiértékelése során az apamoddell és az egyedmoddell kapott eredmények (populációgenetikai paraméterek, tenyésztértékek) egymástól ugyan különböztek, de ezek a különbségek az apák választási súly tulajdonság alapján becsült tenyésztértéke alapján felállított rangsorában jelentős eltéréseket nem okoztak. Ezt igazolják az ide vonatkozó nagyon szoros rangkorrelációs értékek is.

Az alkalmazott modellek közül a vegyes genotípusú adatbázison futtatott apamoddell (modell 2) eredményei - különösen a limousin bikák tenyésztértékeinek tekintetében - számottevő mértékben különböztek azoktól az adatoktól, amiket a másik három modellel becsültünk. A blonde d'Aquitaine apák esetében ilyen mértékű különbségeket az eltérő modellekkel becsült tenyésztértékekben nem tapasztaltunk. Úgy gondoljuk, nem lenne értelme találgatásokba belemenni, a két fajta apaállatainak rangsorában kapott eltérő tendenciák tisztázásához mindeképp további vizsgálatok szükségesek.

Mindemellett a limousin bikák 2-es számú apamoddell becsült tenyésztértékeinek a többitől való különbözőségére nem könnyű magyarázatot találni. Az apamoddell elsősorban a környezeti tényezők hatásának a becslésére (korrigálására), az additív génhatások kimutatására, és az azok következtében létrejövő fenotípusos teljesítmények elemzésére, a szelekciós munka elősegítésére szokták felhasználni. Különösen abban az esetben, ha a populáció pedigre adatbázisa nem bonyolult, vagyis jellemzően apa-ivadék kapcsolatról van szó. Ezért az apamoddell használata - a vonatkozó szakirodalmi források túlnyomó része szerint - a fajtatiszta populációk adatbázisainak az értékelésére ajánlható, és kizárólag az apa tenyésztértékének becslését teszi lehetővé. Néhány szakirodalmi forrásban ugyan található adatok az apamoddell vegyes genotípusú állományokon történő használatára, de ezek száma viszonylag kevés. Ezek, valamint a számított adataink tükrében úgy gondoljuk, hogy a választási eredmények értékelése során az apamoddell vegyes genotípusú állományok adatbázisán történő alkalmazhatóságát újra át kell gondolni.

Véleményünk szerint a vizsgált modellek közül összességében a 2-es modellel kapott eredmények szakmai megbízhatósága volt a legkisebb. Ezért az apamoddell inkább fajtatiszta populációk adatbázisainak az értékelésére ajánljuk, különösen olyan esetekben, ahol a rendelkezésre álló létszám kicsi, vagy az értékelt tulajdonság jellege (pl. vágási %) nem teszi lehetővé a bonyolultabb rokonsági mátrixok összeállítását.

Vizsgálatunk eredményei alapján a 4-es számú modell használatát javasoljuk olyan adatbázisok kiértékeléséhez, amelyek fajtatiszta és keresztezett egyedek mért teljesítményeit egyaránt tartalmazzák.

A négy különböző BLUP modell esetén számottevő különbségeket találtunk - a becsült populációgenetikai paraméterek mellett - az apák választási súly tulajdonságra becsült tenyésztértékében is. Munkánk eredményei alapján egyértelműen kijelenthető, ha egy fajtatiszta populációk adatai alapján átlag felettinnek bizonyult apát egy vegyes genotípusú állományban keresztezésre használunk, akkor nem biztos, hogy ott az apának a tenyésztértéke szintén átlag feletti lesz. Javasoljuk ezért, hogy a húsmarhatenyésztés gyakorlatában a fajtatiszta populációk adatai alapján becsült tenyésztérték mellett a „keresztzett” tenyésztérték becslésére is sor kerüljön. Véleményünk szerint nagyban segítené a tenyészbikák kiválasztását

az, ha róluk - adott tulajdonságot tekintve - a „fajtatiszta” tenyészték mellett a „keresztezett” tenyészték is rendelkezésre állna.

Természetesen attól függően, hogy milyen genotípusú a keresztezési partner, illetve a rendelkezésre álló állományban milyen a genotípus struktúra, a keresztezett tenyészték jelentése, használata akár tulajdonságonként is más és más lehet. Munkánk eredményei talán jelenthetnek egy kiindulási alapot ahhoz, hogy létrehozásra kerüljön egy olyan modell, melynek segítségével egységes szempontrendszer szerint, sztemerd kiindulási és matematikai feltételek mellett lehetőség nyíljon a „keresztezett” tenyésztékek becslésére, valamint az így nyert eredmények gyakorlati felhasználására is. Úgy gondoljuk, ennek megvalósításához további lépések, vizsgálatok szükségesek.

FELHASZNÁLT 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. (2007): Különböző fajtájú húshasznú tehének néhány értékmérője azonos környezetben. Doktori (PhD) értekezés, Keszthely.
- Bene Sz. - Balika S. - Lengyel Z. - Nagy B. - Zsuppán Zs. - Szabó F. (2007b): Blonde d'Aquitaine borjak választási eredménye. 2. Genetikai paraméterek, tenyésztékek. Állattenyésztés és Takarmányozás, 56:299-311.
- Bene Sz. - Füller I. - Lengyel Z. - Nagy B. - Fördös A. - Szabó F. (2006): Húshasznú magyar tarka borjak választási eredménye. 2. Közlemény: Genetikai paraméterek, tenyésztékek. Állattenyésztés és Takarmányozás, 55:505-519.
- Bene, Sz. - Giczi, A. - Rádli, A. - Polgár, J. P. - Szabó, F. (2013): Multibreed breeding value estimation based on weaning results in a beef herd in Hungary. Hung. J. Anim. Prod., 62:218-233.
- Bene Sz. - Komlósi I. - Nagy B. - Lengyel Z. - Szabó F. (2007a): Többfajtás húsmarha tenyésztékbecsülés a választási eredmények alapján. Állattenyésztés és Takarmányozás, 56:521-539.
- 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. U.S.A.
- Bourdon, R. M. - Brinks, J. S. (1982): Genetic, environmental and phenotypic relationships among gestation length, birth weight, growth traits and age at first calving in beef cattle. J. Anim. Sci., 55:543-553.
- 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.
- 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.
- Elzo, M. A. - Famula, T. R. (1985): Multibreed sire evaluation procedures within a country. J. Anim. Sci., 60:942-952.
- 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.

- Harvey, W. R. (1990): User's guide for LSLMW and MIXMDL PC-2 version Mixed Model Least-Squares and Maximum Likelihood Computer Program. The Ohio State University. Columbus, OH. U.S.A.
- Henderson, C. R. (1975): Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 31.2.423-447.
- 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.
- 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.
- Kovács A. - Szűcs E. - Völgyi Csik J. (1993): A tenyészkörzet, az évszak és az ivar szerepe a limousin borjak választási teljesítményében. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 42.117-130.
- Lee, C. - Van Tassel, C. P. - Pollak, E. J. (1997): Estimation of genetic variance and co-variance 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*, 53.199-211.
- Magana, J. G. - Segura, J. C. (1997): Heritability and factors affecting growth traits and age at first calving of zebu beef heifers in South-Eastern Mexico. *Trop. Anim. Health Prod.*, 29.185-192.
- 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. - 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.
- Pollak, E. J. - Quaas, R. L. (1998): Multibreed genetic evaluation of beef cattle. In: *Proc. 6th World 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.*
- Szőke Sz. - Komlósi I. (2000): A BLUP modellek összehasonlítása. Állattenyésztés és Takarmányozás, 49.231-246.*
- Tózsér J. - Dobra L. - Domokos Z. - Kertész I. - Zsoltész S. (1996): Charolais borjak választási teljesítményének értékelése egy törzstenyészetben. Állattenyésztés és Takarmányozás, 45.349-357.*
- Trus, D. - Wilton, J. W. (1988): Genetic parameters for maternal traits in beef cattle. Can. J. of Anim. Sci., 68.119-128.*
- Van Vleck, L. D. - Gregory, K. E. - Benett, G. L. (1996): Direct and maternal covariances by age of dam for weaning weight. J. Anim. Sci., 74.1801-1805.*
- 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 cattle with animal model. J. Anim. Sci., 70.363-371.*
- 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: 2017. január

Szerzők címe: Bene Sz. - Polgár J. P.
Pannon Egyetem, Georgikon Kar
Author's address: University of Pannonia, Georgikon Faculty
H-8360 Keszthely, Deák Ferenc u. 16.
e-mail: bene-sz@georgikon.hu
Tel.: +36(83)545-398

Szűcs M..
Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete
Association of Hungarian Limousin and Blonde d'Aquitaine Breeders
H-1134 Budapest, Lóportár u. 16.

Szabó F.
Széchenyi István Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar
Széchenyi István University, Faculty of Agricultural and Food Sciences
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár 2.