

HAGYOMÁNYOS TENYÉSZÉRTÉKBECSLÉSI MÓDSZEREK ÖSSZEHAISONLÍTÁSA LIMOUSIN HÚSMARHA FAJTÁBAN

SZÚCS MÁRTON - SZABÓ FERENC - MÁRTON JUDIT - ANTON ISTVÁN -
ZSOLNAI ATTILA - BENE SZABOLCS

ÖSZEFOGLALÁS

A munka során limousin tenyészbikák tenyészértékbecslését végezték a szerzők borjak választási súlya alapján. Az értékelésben 110 tenyészbika és azoknak 37 hazai tenyészetből származó 13 611 borja választási súlya és választási életkora szerepelt. A borjak adataiból két adatbázist (fajtatiszta és keresztezett, ill. vegyes) képeztek. Mindkét adatbázist négy különböző BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) modellel (2 apamodell, 2 egyedmodell) futtatták. Nem találtak nagy eltérést a két különböző apamodellel becsült populációgenetikai paraméterek között. Ezzel szemben a két egyedmodell 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. Az eredmények alapján megállapítható, hogy egyedmodellel nagyobb - bizonyos esetekben sokkal nagyobb - öröklődhetőségi értékeket kaptak, mint az apamodellel. Mivel fajtatiszta állományban az apamodell és az egyedmodell között nem találtak különbséget, fajtatiszta állományban az apamodell kellő pontosságúnak tekinthető. Egyedmodellel becsülve a limousin tenyészbikák tenyészértéke és az ez alapján felállított rangsora lényegesen különbözött egymástól attól függően, hogy a tenyészértékbecslés fajtatiszta, illetve keresztezett állomány adatbázisán történt. Ez az eredmény azt sugallja, hogy másként kell megítélni ugyanazt a tenyészbikát, ha azt fajtatiszta állományon, illetve, ha keresztezési célra használják.

SUMMARY

Szűcs, M. - Szabó, F. - Márton, J. - Anton, I. - Zsolnai, A. - Bene, Sz.: COMPARISON OF DIFFERENT TRADITIONAL MODELS FOR BREEDING VALUE ESTIMATION IN LIMOUSIN BEEF CATTLE

Based on the national database of the Association of Hungarian Limousin and Blonde d'Aquitaine Breeders (AHLBB) weaning results (weaning weight, age at weaning) of 13 611 Limousin calves sired by 110 breeding bulls, at 37 herds were evaluated. Considering the genotype of calves, two databases (one purebred and one of mixed or crossed genotype calves) were formed from the starting data. Four BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) models (2 sire models and 2 animal models) were used for breeding value estimation. Genetic parameters and breeding value of sires were estimated on weaning weight trait. According to the results no difference was found between two sire models. However, there were differences as for the heritability value of weaning weight between animal models depending on whether the database was purebred ($h^2=0,28 \pm 0,05$), or crossbred (mixed) ($h^2=0,57 \pm 0,06$). Furthermore, the animal model resulted in higher values of heredity than that of sire model. As no differences were found on heritability, breeding value and rank of sires between purebred or crossbred population estimated by sire model, this model can be considered appropriate for applying in purebred population. Using animal model considerable differences were found as for heritability, breeding value and rank of sires between purebred and crossbred population. This result calls attention to the differences on breeding values of a given sire estimated on the database of purebred or crossbred population, ie. it is possible to estimate purebred and crossbred breeding value for the same sire.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A húsmarhatenyésztés -melyben a limousin fajta kiemelt szerepet játszik- a hazai állattenyésztés egyik legdinamikusabban fejlődő ágazata, annak ellenére, hogy, a marhahús előállításában a húshasznú állományok mellett a tej- és kettős hasznosítású fajták is meghatározó arányt képviselnek. Mindegyik húsmarha fajtában, így a limousinban is fontos, hogy az adott tulajdonságot a következő generációban leginkább javító tenyészállatokat, elsősorban tenyészbikákat használjunk. Ennek feltétele, hogy megbízható információval rendelkezünk az adott tenyészbika várható örökítőértékéről, azaz a tenyésztértékéről. Egy tenyészállat tenyésztértéke azt jelenti, hogy az adott egyed mit ér a tenyésztőnek szülőként, vagyis milyen tulajdonságú, teljesítményű ivadékokat várhatunk tőle. Mivel egy-egy húshasznosítású tenyészbikának több ivadéka van, mint a teheneknek, a tenyésztértékbecslés rendszerint az apák (tenyészbikák) várható örökítő értékének becslésére irányul.

A tenyésztértéket különböző módszerekkel, modellekkel becsülhetjük. Az utóbbi időben terjed a genom alapú, ún. genomikai tenyésztértékbecslés eljárás, amely referencia populációk hagyományos tenyésztértéke és a genomikai információk kapcsolata alapján érdemi teljesítményadatok nélkül, már az állat fiatal korában lehetővé teszik a becslést. Fontosnak tartjuk azonban hangsúlyozni, hogy a genotípus-környezet kölcsönhatás miatt a genomikai becslések eredménye csak olyan környezeti feltételek között megbízható, amely körülmények között a teljesítményadatokat gyűjtöttük, és a hagyományos (nem genomikai) tenyésztértékbecslést elvégezzük. Emiatt, ha szélesebb körben alkalmazzuk is a genomikai tenyésztértékbecslést, fajtánként és környezet típusonként rendelkezünk kell származási- és teljesítmény adatokkal rendelkező ún. referencia állományokkal, amelyek a származási információk mellett teljesítményadatokat is tartalmaznak. Emiatt a hagyományos tenyésztértékbecslési módszerek a jövőben sem lesznek mellőzhetők. Ugyancsak kiemeli a hagyományos tenyésztértékbecslési módszerek jelentőségét az a tény, hogy a genomikai tenyésztértékbecslés a hagyományos modellek elveit követi, csak azokban a tényleges teljesítményadatok mellett genom (DNS) információk is szerepelnek.

A hagyományos tenyésztértékbecslési modellek elve a BLUP (Best Linear Unbiased Prediction), amely mind származási, mind oldalági rokon és ivadékteljesítmény adatokat figyelembe vehet. Ha az adott egyed még nem rendelkezik ivadék teljesítménnyel, a módszer kellő számú oldalági rokon (apai féltestvér) adata alapján is viszonylag megbízható becslési eredményt adhat.

Az említett BLUP módszernek különböző modelljeit fejlesztették ki, amelyek mindegyikét alkalmazhatjuk jelenleg is.

Apamodell. Az apamodell (sire model) a BLUP legrégebbi módszere. Tejhasznosítású állományokban ma már kevésbé használják. Ezzel tulajdonképpen apai féltestvércsoportok varianciaanalízisét végezzük, azaz a teljes varianciát apai féltestvércsoportokon belüli, ill. azok közötti varianciára választjuk szét. Az első esetben környezeti vagy hibavarianciáról, míg a második esetben additív genetikai varianciáról beszélünk. A tenyésztérték mellett a becsült genetikai variancia, ill. a teljes variancia aránya előrejelzi a várható öröklődhetőségi értéket egy adott

tulajdonság esetében. Apamodellnél az apa véletlen hatásként szerepel (Szőke és Komlósi, 2000; Lengyel és mtsai, 2004; Komlósi, 2015).

Egyedmodell. Az egyedmodell (animal model) a genetikai varianciát képes különböző komponensekre felbontani rokonsági mátrixok alapján. Olyan vegyes modell, mely fix és véletlen hatásokat egyaránt tartalmaz. Ez a módszer az apamodelltől eltérően az apai származás mellett, a rendelkezésre álló többi rokon adatait is figyelembe veszi. Itt tehát, a genetikai variancia kialakításánál, az apa hatása mellett az anya hatását is becsülni lehet. Nyilvánvaló, hogy az azonosítható fix vagy véletlen hatások számának növelésével csökkenthető a hibavariancia. Szőke és Komlósi (2000) találó megállapítása szerint, a véletlen hatás tulajdonképpen maga az egyed és a hiba.

Többfajtás tenyésztérbécslés. Jelenleg a szakemberek egyre gyakrabban alkalmazzák a többfajtás tenyésztérbécslést melynek lényege, hogy több fajta, ill. keresztezett állomány adatbázisát egyidejűleg értékelik.

A keresztezett állományokban használt tenyésztérbécslési módszer hasonló a fajtatizta állományok vizsgálatához, de előbbi esetben a fajták közötti genetikai különbségekkel, ill. a heterózis hatással is számol (Graser, 1999). A többfajtás tenyésztérbécslés alkalmazásával a keresztezési célra használt tenyészállatok megítélése pontosabb, megbízhatóbb lehet, ugyanis a módszer figyelembe veszi a kombinálódó képességet, azaz a keresztezések során megnyilvánuló speciális tenyésztérbécslet is (Bene és mtsai, 2007a).

Keresztezett populációban először Notter és Cundiff (1991) végeztek ilyen típusú vizsgálatokat, de azoknak az akkori gyakorlat nem tulajdonított nagy jelentőséget. Később, Rodríguez Almeida és mtsai (1997) arra a következtetésre jutottak, hogy a keresztezett populációkban végzett tenyésztérbécslés eredményei kiterjeszthetők fajtatizta állományokra is, másrészt pedig így még pontosabb eredményeket lehet elérni. A következő években számos modellt használtak többfajtás tenyésztérbécslésre (Elzo és Famula, 1985; Arnold és mtsai, 1992; Pollak és Quaas, 1998). Egyes szerzők szerint a fajtatizta és a keresztezett állományokon vizsgált paraméterek értékei eltérhetnek egymástól (Splan és mtsai, 1998, 2002; Sullivan és mtsai, 1999; Newman és mtsai, 2002). Ezzel szemben Szabó (1993), ill. Gregory és mtsai (1995) arra a következtetésre jutottak, hogy hasonló körülmények között tartott fajtatizta és keresztezett állományok főbb paramétereinek genetikai varianciája és öröklődhetősége nem különbözik egymástól jelentős mértékben.

Az elmúlt években számos jelentős tanulmány foglalkozott tenyésztérbécs és öröklődhetőségi érték -BLUP módszerek alkalmazásán alapuló bécslésével (Trus és Wilton, 1988; Meyer és mtsai, 1993; Núñez-Domínguez és mtsai, 1993; Van Vleck és mtsai, 1996; Ahunu és mtsai, 1997; Lee és mtsai, 1997; Dodenhoff és mtsai, 1999; Iwaisaki és mtsai, 2005).

BREEDPLAN. A világviszonylatban is egyik legelterjedtebb tenyésztérbécslési módszer a BLUP alapú BREEDPLAN, amelyet az ausztráliai New South Wales Mezőgazdasági Intézet és a New England Egyetem fejlesztett ki még 1984-ben. Ez egy olyan többfajtás tenyésztérbécslési modell (multibreed breeding value estimation, MBVE, MBE), amellyel egyidejűleg több tulajdonságcsoporthat (pl. ellés

módja, növekedés, vágóérték stb.) lehet vizsgálni (Newman és mtsai, 2002) és felhasználható fajtán belül, illetve keresztezett állományokban egyaránt.

A BREEDPLAN eljárását ma számos országban alkalmazzák és jelenleg 41 húsmarhafajta, ill. keresztezett állomány tenyésztési adatait kezeli, lefedve ezzel a világ húsmarha állományának több mint 75%-át (Bene és mtsai, 2013). A módszer több hazai tenyésztői egyesület alkalmazza, például a Magyar Charolais Tenyésztők Egyesülete, a Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete, de a Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete is végeztetett ilyen típusú elemzést.

Az említetteken kívül az elmúlt években több modellt is használtak a többfajtás tenyésztértébecslés még pontosabb elvégzéséhez (Elzo és Famula, 1985; Arnold és mtsai, 1992; Pollak és Quaas, 1998). Ezen esetekben tehát a genetikai előrejelzéshez fajtatizta vagy keresztezett borjak adatait, ill. értékmérőit használták. A módszer a tenyésztértébecslés során a borjak közötti különbséget, a fajták közötti különbséget és a heterózis hatást egyaránt figyelembe veszi.

Elvileg bármilyen tulajdonság alapján becsülhetünk tenyésztértéket, amelyről kellő adatbázis áll a rendelkezésünkre. Jelen munkánkban a becslést a limousin állományok borjainak választási súlya alapján végezzük. A választási súlyra egyrészt azért esett a választásunk, mert az a húshasznú tehén hozama, ennél fogva nem közömbös, hogy annak súlya miként alakul. Nagyobb választási súly több árbevételt, kedvezőbb eredményt ad, mint a kisebb. Tenyésztési szempontból ugyanakkor az adott életkorra elért borjúsúly a tehén borjúnevelő képességének is kifejezője, ezért fontos értékmérő tulajdonság, tenyésztértébecslési és egyben szelekciós szempont (Szabó, 1993, 2005). Másrészt, ha egyéb teljesítményadatot nem is mérünk, a választási súlyt általában akkor is megállapítjuk és feljegyezzük, ezért e tulajdonságról áll rendelkezésünkre a legnagyobb adatbázis.

A választási súlyt az összehasonlíthatóság érdekében a BIF (Beef Improvement Federation) és az ICAR (International Committee for Animal Recording) ajánlását követve hazánkban is a borjú 205-napos életkorra korrigáljuk (Szabó, 2005). A 205. napra korrigált választási súly öröklődhetősége (h^2) számos szerző megállapítása alapján átlagosan 0,2-0,5 körüli, genetikai korrelációja (r_g) a születési súllyal 0,6-0,8, a későbbi súlygyarapodással 0,5-0,8, az éveskori súllyal 0,3-0,7 körüli értékű (Szabó, 2005).

A választási tulajdonságok genetikai paramétereinek, ill. öröklődhetőségének becslésével több külföldi és hazai kutató foglalkozott az elmúlt évek során. Számos külföldi tanulmány szerint az anya állandó környezeti varianciájának az aránya a fenotípusban különböző nagyságrendű lehet. Ennek értékét Núñez-Domínguez és mtsai (1993), Lee és mtsai (1997), valamint Carnier és mtsai (2000) 0 és 10% közöttinek találták. Meyer és mtsai (1993) a választási súlyt vizsgálva hereford és wokalup fajtában, az anya állandó környezeti hatásának a fenotípushoz való hozzájárulását 20%-ra, illetve 12%-ra értékelték. Van Vleck és mtsai (1996) ugyanazt a hatást, hereford, limousin és charolais fajtákban végzett vizsgálatokban, a választási súly esetében 30%, 18% és 21%-ra becsülték.

A választási súly öröklődhetősége többnyire egy adott környezetben tartott állományra jellemző, ezért, tenyésztési programok kidolgozásakor az adott állományra, és környezetre kell a számításokat elvégezni. Az adott környezetben egy tulajdonság öröklődhetőségét a genetikai variancia nagysága határozza

meg. Ez számos tényezőtől függ, mint például az apától, a rokonságtól, illetve a beltenyésztettség fokától. Másrészt, az öröklődhetőségi érték (h^2) függ a számítás módszerétől is, ugyanis az eljárások pontossága különböző lehet, így módszertől függően, a hibavariancia is eltérhet. Egyes szerzők megállapították, hogy az életkorral változik a gének expressziója, ezáltal a genetikai variancia is. Így tehát, az öröklődhetőségi érték függ attól is, hogy azt milyen korú egyedek alapján becsültük. *Albuquerque és Meyer* (2001), ill. *Meyer* (2002) arra a következtetésre jutottak, hogy a direkt öröklődhetőségi érték a születést követően jelentősen csökken, majd 100 napos kor után ismételtelen növekszik az egyed 600 napos koráig. Az anyai öröklődhetőség tekintetében kimutatták, hogy ez 160 és 200 napos kor között a legnagyobb. A hazai kutatók közül *Szabó* (1993) számos tulajdonság öröklődhetőségére vonatkozóan közöl adatokat. *Tózsér és mtsai* (2002) limousin állományokban a választási súly öröklődhetőségét 0,14-nek, míg *Lengyel és mtsai* (2004) 0,22-nek találták. *Bene és mtsai* (2006) magyar tarka borjak választási eredményeinek vizsgálata során arra a következtetésre jutottak, hogy az additív direkt genetikai hatás kapott öröklődhetőségi értéke ($h^2_d = 0,37 - 0,42$) közepes. Megállapították továbbá, hogy a vizsgált tulajdonságok anyai öröklődhetősége kicsi ($h^2_m = 0,08 - 0,12$), valamint a direkt és az anyai genetikai hatás közötti korreláció negatív ($r_{dm} = -0,52$ és $-0,74$ közötti). Következésképpen a szelekció során célszerű mind a két hatást együttesen figyelembe venni.

Jelen munkánk célja, hogy elvégezzük különböző limousin tenyészbikák tenyészértékbecslését a borjak választási súlya alapján az említett modellekkel, és modellenként, adatbázisonként összehasonlítsuk az adott tulajdonságra kapott öröklődhetőségi- és tenyészérték adatokat és a tenyészbikák rangsorát.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Munkánkhoz a Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesületének a borjak választási eredményére vonatkozó, pedigree információkat is tartalmazó adatbázisát használtuk. A vizsgált populációban mind fajtatiszta, mind keresztezett állományok előfordultak. Az összehasonlítás, illetve a többfajtás tenyészértékbecslés alkalmazása érdekében blonde d' aquitaine állományokat is értékeltünk. A kiindulási adatbázisok szerkezete, valamint néhány kiindulási paramétere az 1. táblázatban látható.

A feldolgozott törzskönyvi adatbázisban 13613 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 két adatbázist alakítottunk ki. Az első adatbázis (adatbázis 1., $N = 9233$) kizárólag a fajtatiszta limousin, a második adatbázis (adatbázis 2., $N = 13613$) emellett tartalmazta olyan keresztezett borjak adatait is, melyek apai ágról limousin származásúak voltak. Ez az adatbázis tehát „vegyes” genotípusú volt. A keresztezett borjak anyai származását nem határoztuk meg, az anyák (tehének) a limousin kivételével bármilyen fajtájúak, vagy akár keresztezett genotípusúak is lehettek. A vizsgálatba vont 13611 borjú mindegyike apai ágon tehát limousin származású volt, azaz az adatbázisainak apai féltestvér csoportok választási eredményeit tartalmazták. A választott borjak összesen 110 apa ivadékai voltak (2. táblázat).

Az értékelésbe, vagyis a kiindulási adatbázisba csak olyan apák kerültek be,

1. táblázat

A kiindulási adatbázisok szerkezete

Felhasznált adatbázisok (1)	Adatbázis 1.	Adatbázis 2.	
Genotípus struktúra (2)	fajtatiszta (3)	vegyes genotípusú, fajtatiszta és keresztezett együtt (4)	
- apa genotípusa (5)	LIM	LIM	LIM
- anya genotípusa (6)	LIM	LIM	random
- borjak száma (7)	9233	9233	4380
Borjak száma az adatbázisban (8)	9233	13613	
Tenyészetek száma (9)	27	37	
Borjak születési ideje (10)	1992-2009	1992-2009	
Anyák ellésszáma (11)	1-12	1-12	
Választási életkor (nap) (12)	120-365	120-365	
Választási súly (kg) (13)	100-350	100-350	

LIM = Limousin

Table 1. Structure of database evaluated

database (1); structure of genotypes (2); purebred (3); purebred, crossbred and mixed together (4); genotype of sire (5); genotype of dam (6); number of calves (7); number of calves in the database (8); number of herds (9); birth year of calves (10); number of calves per cow (11); age at weaning (12); weaning weight (13)

2. táblázat

A vizsgálatba vont limousin apák

Megnevezés (1)	Létszám (2)
A vizsgálatba vont apák száma összesen (3)	110
- ezek ivadékaiknak a száma (4)	13613
Egy apára jutó ivadékok száma átlagosan (5)	123,7
Egy apára jutó ivadékok száma minimum (6)	15
Csak fajtatiszta ivadékokkal rendelkező apák száma (7)	21
- ezek ivadékaiknak a száma (8)	719
Fajtatiszta és keresztezett ivadékokkal is rendelkező apák száma (9)	85
- ezek ivadékaiknak a száma (10)	12804
- ebből fajtatiszta (11)	8514
- ebből keresztezett (12)	4290
Csak keresztezett ivadékokkal rendelkező apák száma (13)	4
- ezek ivadékaiknak a száma (14)	93

Table 2. The studied limousin sires

parameter (1); number (2); number of sires studied (3); number of progeny (4); average number of progeny per sire (5); minimum number of progeny per sire (6); number of sires having only purebred progeny (7); number of progeny of the above sires (8); number of sires having both purebred and crossbred progeny (9); number of progeny of the above sires (10); purebred (11); crossbred (12); number of sires having only crossbred progeny (13); number of their progeny (14).

melyek után legalább 15 borjú választási adatai álltak rendelkezésre. Az egy apára jutó ivadékok száma átlagosan 123,7 volt. A 110 értékelt apa közül 85 olyan tenyészbikát találtunk, melyeknek fajtatiszta és keresztezett ivadékai is voltak. Így a kiindulási adatbázisban 13611 olyan borjú adata állt rendelkezésre, melyeknek voltak fajtatiszta és keresztezett féltestvérei is. Hozzáteve, hogy az értékelésbe vont 37 tenyészet közül majdnem mindegyikében választottak fajtatiszta és keresztezett borjakat, a vegyes genotípusú adatbázisunk (adatbázis 2.) a tenyészetekben történő apahasználat, valamint az árutermelő keresztezések következtében létrejött genotípus-struktúra meglehetősen sokszínű, sok átfedést

3. táblázat

Az alkalmazott modellek

Modell száma (1)	Modell 1	Modell 2	Modell 3	Modell 4
Modell típusa (2)	Apamodell (3)	Apamodell (3)	Egyedmodell (4)	Egyedmodell (4)
A populáció genotípusa (5)	Fajtatiszta (6)	Vegyes genotípusú (7)	Fajtatiszta (6)	Vegyes genotípusú (7)
Random hatások (8)				
- apa (9)	+	+	+	+
- egyed (10)	-	-	+	+
- anya (11)	-	-	+	+
Fix hatások (12)				
- borjú genotípusa (13)	-	+	-	+
- tenyészet (14)	+	+	+	+
- anya ellésszáma (15)	+	+	+	+
- születési évjárat (16)	+	+	+	+
- születési évszak (17)	+	+	+	+
- borjú ivara (18)	+	+	+	+
Egyéb hatások (19)				
- anyai genetikai hatás (20)	-	-	+	+
- anya állandó környezeti hatása (21)	-	-	+	+
Kovariáns (választási kor) (22)	+	+	+	+
Vizsgált tulajdonság (választási súly) (23)	+	+	+	+

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

Table 3. The models used in the study

number of model (1); type of model (2); sire model (3); animal model (4); genotype (5); purebred (6); mixed (7); random effects (8); sire (9); individual (10); dam (11); fixed effects (12); genotype of calf (13); herd (14); parturity (15); birth year (16); birth season (17); gender of calf (18); other effects (19); genetic effect of dam (20); permanent environmental effect of dam (21); covariant (weaning age) (22); weaning weight as a studied trait (23); this effect is included in the model (24); this effect is not included in the model (25)

és rokon kapcsolat tartalmazó volt. Munkánk során az előzőekben bemutatott adatbázisokat különböző BLUP modellekkel (Henderson, 1975) értékeltük ki. Vizsgálatainkban négy különböző modellt állítottunk össze, majd összehasonlítottuk egymással az ezekkel kapott eredményeket. A négy modell közül kettő apamodell, kettő pedig egyedmodell volt (Szőke és Komlósi, 2000). Mind az apamodellt, mind pedig az egyedmodellt a fajtatizta borjak adatbázisain (adatbázis 1. és adatbázis 2.) 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.

4. táblázat

A modellek és futtatások száma és tartalma

Futtatás sorszáma (1)	Alkalmazott modell (2)			Értékelésbe vont borjak (3)		Falhasznált adatbázis száma* (6)
	Apa	Egyed	Száma#	Fajtatizta (4)	Keresztezett (5)	
1.	+		modell 1	+		1.
2.	+		modell 1			2.
3.	+		modell 2		+	3.
4.		+	modell 3	+		1.
5.		+	modell 3			2.
6.		+	modell 4		+	3.

*az 1. táblázat alapján (7); #a 3. táblázat alapján (8); + = a futtatás során a megjelölt kiindulási feltevések teljesültek (9)

Table 4. Number of runnings

number of runnings (1); model (2); number of calves (3); purebred (4); crossbred (5); number of database (6); as in Table 1. (7); as in Table 3. (8); completed in the running * as in table 1, as in Table 2. (9)

Apamodellekkel végzett becslés

Az apamodelleknel tulajdonképpen apai féltestvércsoportok varianciaanalízisét végezzük, azaz a teljes varianciát apai féltestvércsoportokon belüli, illetve azok közötti varianciára választjuk szét. Apamodellben az apa véletlen hatásként szerepel (Lengyel és mtsai, 2004).

A számításaink során használt két különböző apamodell számos hatást tartalmazott. Az első apamodellt (modell 1) kizárólag a fajtatizta adatbázisokon (adatbázis 1. és 2.) alkalmaztuk. Ennek összeállítása során az apát véletlen (random), a többi vizsgált tényezőt (a tenyészetet, a tehenek ellésszámát, az évjáratot, a születés hónapját, valamint a borjú ivarát - korábbi vizsgálataink, valamint Kovács és mtsai (1993), illetve Tőzsér és mtsai (1996) eredményei alapján) fix hatásként vettük figyelembe. A munka során a választási életkort, mint kovariánst is a mo-

dellbe építettük. A második apamodell (modell 2) - melyet kizárólag a vegyes genotípusú adatbázison (adatbázis 3.) futtattunk - felírása során a többfajtás tenyésztértébecslés irányelveit vettük figyelembe. A két apamodell csupán anynyiban különbözött egymástól, hogy az egyik tartalmazta a borjú genotípusát (fajtatiszta limousin, limousin apaságú keresztezett), mint fix hatást, a másik pedig nem. A két apamodellt a következőképp írtuk fel:

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

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

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 = a születési évszak fix hatása; C_n = a borjú ivarának fix hatása; b = regressziós koefficiens (választási életkor); $e_{hijklmno}$ = véletlen hiba.

A munka során mindkét apamoddellel két varianciakomponenst 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_g) a következő képlet segítségével számítottuk ki: $V_g = (MS_{\text{apa}} - MSE) / k_1$ (ahol k_1 tényező a vizsgálati elemszámból és az apa szabadságfokából számított koefficiens). A becslés során kapott MSE (hiba, vagy maradék) értéke megegyezett a környezeti variancia (V_k) értékével. Azaz $MSE = V_k$. A fenotípusos varianciát (V_f) a genetikai variancia ($V_g = V_g \times 4$) és a környezeti variancia (V_k) összegeként határoztuk meg ($V_f = V_g + V_k$). Az öröklődhetőségi 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 tenyésztértékét megbecsültük a választási súly tulajdonságra. A tenyésztértéket az apa ivadékcsoportjának átlagos teljesítménye, valamint a teljes populáció átlagos teljesítményének a különbségeként határoztuk meg. Minden apa esetén két tenyésztértéket számítottunk. Egyet a fajtatiszta, egyet pedig a vegyes genotípusú populációban. Ennek eredményeit táblázatos formában csak a 2020 legtöbb ivadékkal rendelkező apa esetén mutatjuk be. A két különböző apamoddellel becsült tenyésztértékek ismeretében az apák rangsorait is meghatároztuk a vizsgált tulajdonságban. Az apamodell futtatását Harvey (1990) „Least Square Maximum Likelihood” eljárása szerint, „Harvey” programmal végeztük.

Egyedmodellekkel végzett becslés

Az előzőekhez hasonlóan, a becsléseink során használt két egyedmodellel is számos hatást építettünk. Az apamoddellekhez 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 hatás-ként 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 apamodellnél 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 korábban *Bene* (2007) is részletesen ismertette. Az egyik egyedmodell tehát a „hagyományos” elveken alapult, a másiknál pedig a „többfajtás” tenyésztértébecslés (*Van Vleck és mtsai*, 1992; *Núnez-Dominguez és mtsai*, 1995; *Roso és mtsai*, 2005) irányelveit érvényesítettük. 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 öröklődhetőség (h^2_d); anyai öröklődhetőség (h^2_m); teljes öröklődhetőség (h^2_r); direkt-anyai genetikai korreláció (r_{dm}); az állandó környezeti variancia aránya a fenotípusos varianciában (c^2); a hiba variancia aránya a fenotípusos varianciában (e^2). A komponensek számításának menetét *Willham* (1972), valamint *Lengyel* (2005) által ismertetett módszer szerint végeztük.

Az alkalmazott egyedmodell általános alakját az alábbiak szerint írtuk fel: $y = a$ megfigyelés vektora (tulajdonság, azaz a 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 = a véletlen hatások előfordulási mátrixa; W = az anyai genetikai hatás előfordulási mátrixa; S = az anya állandó környezeti hatásának előfordulási mátrixa):

$$\text{Modell 3: } y = X_{b1} + Z_u + W_m + S_{pe} + e$$

$$\text{Modell 4: } y = X_{b2} + Z_u + W_m + S_{pe} + e$$

A vizsgálatban szereplő összes apa tenyésztértékét 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 tenyésztértékeket - *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 becsült tenyésztértéke alapján négy különböző rangsort állítottunk fel, fajtánként külön-külön. A modellnek az apák rangsorára gyakorolt hatást *Núnez-Dominguez és mtsai* (1995), *Lengyel és mtsai* (2004), valamint *Lengyel* (2005) vizsgálataihoz hasonlóan rangkorreláció-számítással határoztuk meg. Ehhez a MS Excel statisztikai programcsomagját használtuk.

EREDMÉNYEK ÉS MEGBESZÉLÉS

Az előzőekben bemutatott négy különböző BLUP modellel becsült, hat futtatás során kapott populációgenetikai paramétereket az 5. táblázatban ismertetjük. A választási súly tulajdonság öröklődhetősége a különböző futtatások eredményei alapján meglehetősen tág határok között változott. Ezek alapján összességében megállapítható, hogy a vizsgált populációban a választási súly öröklődhetősége gyenge és jó közötti volt.

A két különböző apamodellel (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 ($0,57 \pm 0,06$) kapott h^2 érték esetén. Eredményeink alapján az is megállapítható, hogy valamennyi adatbázison az egyedmodellel nagyobb - bizonyos esetekben sokkal nagyobb - öröklődhetőségi értékeket kaptunk, mint az apamodellel. A h^2 értékek statisztikai értelemben vett megbízhatósága a négy modell között számottevő mértékben nem különbözött.

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. Adataink teljesen azonosak voltak azokkal az eredményekkel, melyeket Lengyel és mtsai (2004), valamint Lengyel (2005) apamodellel és egyedmodellel határozott meg.

A vegyes genotípusú adatbázis alapján kapott populációgenetikai paramétereink részben a már meglévő szakirodalmi adatokhoz hasonlóan, részben attól eltérően alakultak. A választási súly esetén Splan és mtsai (1998) valamint Crews és Kemp (1999) az általunk számítottnál jóval kisebb öröklődhetőségi értékeket becsültek limousin keresztezett populációkban. 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) apamodellel 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 állományon, 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 ivadékaiknak számát, valamint a különböző adatbázisok alapján, különböző BLUP modellekkel becsült választási súly tenyésztékét, illetve az e tenyésztékek alapján felállított rangsorát a 6. táblázatban mutatjuk be.

Eredményeink alapján egyértelműen megállapítható, hogy valamennyi apa esetén a négy különböző BLUP modellel más és más tenyésztékeket becsültünk a választási súly tulajdonságra. A legtöbb apa esetén a tenyésztékek populációátlaghoz viszonyított iránya (javító vagy rontó hatás) ugyan hasonló volt, de a számszerű értékekben nagyon nagy különbségeket találtunk közöttük (pl.: 16444-es apa tenyésztékéi a választási súly tulajdonságban: modell 1: +7,68

5. táblázat

A vizsgálat során kapott populációgenetikai paraméterek

Paraméter (1)	Apamodell (2)			Egyedmodell (3)		
	Modell 1		Modell 2	Modell 3		Modell 4
	Fajtatiszta (4)		Keresztezett (5)	Fajtatiszta (4)		Keresztezett (5)
	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 és egyéb környezeti variancia (11); σ_p^2 = fenotípusos variancia (12); h_d^2 = direkt öröklődhetőség (13); h_m^2 = anyai öröklődhetőség (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 öröklődhetőség (18)

Table 5. Population genetic parameters obtained in the study

parameter (1); sire model (2); animal model (3); purebred (4); crossbred (5); number of runnings (6); direct genetic variance (7); maternal genetic variance (8); direct-maternal covariance (9); maternal permanent environmental variance (10); error and other environmental variance (11); phenotypic variance (12); direct heritability (13); maternal heritability (14); direct-maternal genetic correlation (15); ratio of direct environmental variance in the phenotype (16); ratio of error variance in the phenotype (17); total heritability (18)

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 tenyésztérbéke a választási súly tulajdonságra nézve fajtatiszta populációkban rontó hatású, de a vegyes genotípusú állományban javító hatású volt. A négy modell közül a legkiugróbb eredményeket a vegyes genotípusú állományon futtatott apamodell (modell 2) esetén tapasztaltuk. Az ezzel a modellel becsült tenyésztérbékek számos apa (pl.: 14712-es apa tenyésztérbékei 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

6. táblázat

A limousin apák választási súly tulajdonság alapján becsült tenyésztéke és rangsora

Apa száma KLSZ (6)	N (7)		Apamodell (1)				Egyedmodell (2)			
	Adat- bázis 1.	Adat- bázis 2.	Modell 1 (adatbázis 1.) (3)		Modell 2 (adatbázis 2.) (3)		Modell 3 (adatbázis 1.) (3)		Modell 4 (adatbázis 2.) (3)	
			Fajtatiszta populációban (4)		Keresztezett populációban (5)		Fajtatiszta populáció- ban(4)		Keresztezett populáció- ban(5)	
			TÉ (8)	SR (9)	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 (10)	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 ivadékaik száma (7); TÉ = tenyésztéke (8); SR = a tenyésztékek alapján felállított rangsorban lévő pozíció (9); FÁ = a populáció főátlaga (10)

Table 6. Estimated breeding values and rank of limousin sires on weaning weight

sire model (1); animal model (2); database (3); purebred population (4); crossbred population (5); identity number of sire (6); number of progeny of sires (7); breeding value (8); rank (9); mean value of population (10)

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

7. táblázat

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

$r_{\text{rang}}/r_{\text{rank}}$	Modell 2	Modell 3	Modell 4
Modell 1	0,37*	0,92*	0,68*
Modell 2		0,36*	0,32*
Modell 3			0,75*

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); * $p < 0,01$

Table 7. Rank correlation coefficients of sires' rank according to different models (n=110)

model 1 = purebred + sire model (1); model 2 = mixed genotype + sire model (2); model 3 = purebred + animal model (3); model 4 = mixed genotype + animal model (4); * $p < 0.01$

A fajtatiszta limousin adatbázis alapján apamodellel (modell 1) és egyedmodellel (modell 2) meghatározott rangsor egymáshoz nagyon hasonlóan bizonyult ($r_{\text{rank}} = 0,92$; $p < 0,01$), 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 ($r_{\text{rank}} = 0,32-0,37$; $p < 0,01$) között. Ez alapján ismételtelen megállapítható, hogy a 2-es modellel kapott eredményeink kiugróan tekinthetők a többi modellel kapott értékekhez képest. A vegyes genotípusú adatbázis egyedmodellel (modell 4) történő kiértékelése során felállított rangsor csak közepes mértékben ($r_{\text{rank}} = 0,68-0,75$; $p < 0,01$) hasonlított a fajtatiszta populációban meghatározott sorrendekhez. Ez az eredmény hasonlóságot mutatott a legtöbb szakirodalmi adattal (Sullivan és mtsai, 1999; Newman és mtsai, 2002; Splan és mtsai, 2002).

KÖVETKEZTETÉSEK

Fajtatiszta, keresztezett és vegyes genotípusú limousin állományokban a választási súly alapján, különböző BLUP modellekkel végzett tenyésztéértébecslés eredményeiből az alábbi következtetések vonhatók le:

Mivel a fajtatizsita populációkban az apamoddell és az egyedmodell egymáshoz hasonló eredményeket kaptunk az öröklődhetségsben, a tenyészértékben és a tenyészbiák rangsorában, ezen állományokban az apamoddelt is kellő pontosságúnak tekinthetjük.

A fajtatizsita és a vegyes genotípusú borjak adatait egyaránt tartalmazó adatbázisokon a négy különböző BLUP modellt történt tenyészértékbecslés során számottevően különböző populációgenetikai paramétereket becsültünk. Az apamoddell kisebb, az egyedmodell nagyobb értékeket adott. Ennek a magyarázata az lehet, hogy az apamoddell csupán additív génhatásokat, az egyedmodell génközönhatásokat (dominancia) is figyelembe vesz. Emiatt a fajtatizsita állományokon kapott, és a korábbi közleményekben szereplő öröklődhetségi értékeket nem tarjuk célravezetőnek a vegyes genotípusú állományokban irányadónak tekinteni.

Egyedmodell becsülve a limousin tenyészbiák tenyészértéke és az ez alapján felállított rangsora lényegesen különbözött egymástól attól függően, hogy a tenyészértékbecslés fajtatizsita, illetve keresztezett állomány adatbázisán történt. Ez az eredmény azt sugallja, hogy másként kell megítélnünk ugyanazt a tenyészbiát, ha azt fajtatizsita állományon, illetve, ha keresztezési célra használjuk.

Az előbbiek alapján célszerű különbséget tennünk egy-egy tenyészbika fajtatizsita, illetve keresztezési tenyészértéke között. Amennyiben egy limousin tenyészbiát egyaránt használunk saját, illetve más fajtájú tehének termékenyítésére, akkor megfontolandó, hogy becsüljük az adott tenyészbika mindkét (fajtatizsita és keresztezési) tenyészértékét egyaránt. Ezek közül azt az értéket (fajtatizsita vagy keresztezési tenyészérték) tekintjük irányadónak, amely célra (fajtatizsita tenyésztés, vagy keresztezés) az adott apát igénybe kívánjuk venni.

IRODALOMJEGYZÉK

- 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.
- Albuquerque, L. G. - Meyer, K. (2001): Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.*, 79. 2776-2789. <https://doi.org/10.2527/2001.79112776x>
- 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, tenyészértékek. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 55. 505-519.
- Bene, Sz. (2007): Különböző fajtájú húshasznú tehének néhány értékmérője azonos környezetben. Doktori (PhD) értekezés, Keszthely.
- Bene, Sz. - Komlósi, I. - Nagy, B. - Lengyel, Z. - Szabó, F. (2007a): Többfajtás húsmarha tenyészértékbecslés a választási eredmények alapján. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 56. 521-539.
- Bene, Sz. - Balika, S. - Lengyel, Z. - Nagy, B. - Zsuppán, Zs. - Szabó, F. (2007b): Blonde d'Aquitaine borjak választási eredménye. 2. Genetikai paraméterek, tenyészértékek. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 56. 299-311.
- 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. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 62. 218-233.

- 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.
- 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.
- Bretting, P. K. - Widrechner, M. P. (1995): Genetic markers and horticultural germplasm management. *HortScience*. 30. 1349-1356.
- Carnier, 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. <https://doi.org/10.2527/2000.78102532x>
- Corander, J. - Waldmann, P. - Sillanpää, M. J. (2003): Bayesian analysis of genetic differentiation between populations. *Genetics*, 163. 367-374.
- 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.
- Henderson, C. R. (1975): Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31. 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.
- Komlósi, I. (2015): Mennyiségi tulajdonságok genetikai paraméterei. In: Szabó F. (szerk.): Általános állattenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 145-163.
- 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 covariance components for weaning weight in Simmental cattle. *J. Anim. Sci.*, 75. 325-330.
- 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.
- Lengyel, Z. (2005): Húshasznú borjak választási eredményét befolyásoló környezeti és genetikai tényezők. Doktori (PhD) értekezés, Keszthely.
- 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. *Livest. 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.
- Meyer, K. (2002): Estimates of covariance functions for growth of Australian beef cattle from a large set of field data. *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France, August, 2002. Session 11.
- Newman, S. - Reverter, A. - Johnston, D. J. (2002): Purebred-crossbred performance and genetic evaluation of postweaning growth and carcass traits in *Bos indicus* × *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. - Van Vleck, L. D. (1998): Genetic parameters for sex-specific traits in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 76. 2272-2278.
- 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.
- 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.
- Szabó, F. (szerk.) (2005): Húsmarhatenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest
- Szabó, F. (szerk.) (2015): Általános állattenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Budapest
- Szőke, Sz. - Komlósi, I. (2000): A BLUP modellek összehasonlítása. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 49. 231-247.
- Tőzsér, J. - Dobra, L. - Domokos, Z. - Kertész, I. - Zsoltész, S. (1996): Charolais borjak választási teljesítményének értékelése egy törzstenyésztetben. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 45. 349-357.
- Tőzsér, J. - Balika, S. - Komlósi, I. (2002): Estimation de l'héritabilité du poids vif au sevrage pour la race Limousine 9^{èmes} Rencontres autor des Recherches sur les Ruminants, Paris, France, les 4-5 décembre, 2002, INRA-Institute de l'Évage, 97.
- Trus, D. - Wilton, J. W. (1988): Genetic parameters for maternal traits in beef cattle. *Can. J. Anim. Sci.*, 68. 119-128.
- 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.

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.

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: 2020. február

Szerzők címe: Szűcs M.

Limousin és Blonde d' Aquitaine Tenyésztők Egyesülete

Authors' adress: Limousin and Blonde d' Aquitaine Breeder's Association

H-1134 Budapest, Lőportár u.16.

Szabó F.

Széchenyi István Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar

Széchenyi István University Faculty of Agricultural and Food Sciences

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

szabo.ferenc@sze.hu

Márton J.

Magyar Hereford, Angus, Galloway Tenyésztők Egyesülete

Hungarian Hereford, Angus, Galloway Breeder's Association

H-7400 Kaposvár, Dénesmajor 2.

Anton I. - Zsolnai A.

Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ (NAIK) Állattenyésztési, Takarmányozási és Húsipari Kutatóintézet

National Agricultural and Innovation Centre, Research Institute of Animal Breeding, Nutrition and Meat Science

H-2053 Herceghalom, Gesztenyés u.1.

Bene Sz.

Szent István Egyetem, Georgikon Campus, Állattudományi Tanszék

Szent István University, Georgikon Campus, Department of Animal Sciences

H-8360 Keszthely, Deák Ferenc u. 16.

Bene.Szabolcs.Albin@szie.hu