

A DIREKT ÉS AZ ANYAI GENETIKAI HATÁS KAPCSOLATA LIMOUSIN APASÁGÚ BORJAK VÁLASZTÁSI SÚLYÁBAN

SZABÓ FERENC – MÁRTON JUDIT – SZŰCS MÁRTON – ANTON ISTVÁN –
ZSOLNAI ATTILA – BENE SZABOLCS

ÖSSZEFOGLALÁS

A Szerzők munkájuk során limousin fajtájú borjak választási súlyának populációgenetikai paramétereit, direkt és anyai tenyésztértékét és genetikai trendjét értékelték. Összesen 19764 egyed - ebből 15437 fajtatiszta limousin és 4327 limousin és magyar tarka keresztezett (F_1 , R_1) borjú - adatát dolgozták fel, amelyek 44 magyarországi tenyészetből, 241 apától származtak. A populációgenetikai paraméterek becslésére DFREML és MTDFREML szoftvereket, a tenyésztértékbecslésre BLUP egyedmodellel használtak. A genetikai trendet súlyozott lineáris regressziós modellel vizsgálták. Az eredmények szerint az anyai öröklődhetőségi értékek ($h^2_m = 0,29 \pm 0,03$, ill. $0,32 \pm 0,10$) hozzávetőlegesen fele akkorák voltak, mint a direkt öröklődhetőség ($h^2_d = 0,63 \pm 0,05$, ill. $0,68 \pm 0,12$). A direkt és az anyai hatás kovarianciája, ezzel együtt a két hatás közötti genetikai korrelációs együttható ($r_{dm} = -0,80 \pm 0,03$, ill. $-0,96 \pm 0,07$) is szoros erősségűnek és negatív irányúnak bizonyult. A direkt és az anyai tenyésztérték közötti Spearman-féle rangkorrelációs együttható fajtatiszta állományban ($r_{rang} = -0,33$; $p < 0,01$) közepes erősségű, negatív előjelű, míg keresztezett állomány esetében ($r_{rang} = -0,99$; $p < 0,01$) szoros erősségű negatív irányú volt. A limousin borjak választási súlyának genetikai trendje mind a direkt, mind az anyai tenyésztérték alapján a vizsgált időszakban stagnáló jelleget mutatott ($b = +0,01$, ill. $+0,19$ kg/év).

SUMMARY

Szabó, F. – Márton, J. – Szűcs, M. – Anton, I. – Zsolnai, A – Bene, Sz.: RELATIONSHIP BETWEEN DIRECT- AND MATERNAL GENETIC EFFECT ON WEANING WEIGHT OF LIMOUSIN SIREBEEF CALVES

The aim of the study was to estimate the weaning weight direct and maternal breeding value of Limousin sires, the relationship between them, and the genetic trend based on the two kind of breeding values in Hungary. Population genetic parameters, direct and maternal breeding value, genetic trend in weaning weight of Limousin beef cattle calves were estimated. Data of 19764 calves - 15437 purebred Limousin and 4327 Limousin x Hungarian Simmental crossbred (F_1 , R_1) - were computed. Calves in question came from 44 herds and from 241 sires. DFREML and MTDFREML softwares were used for the estimation of population genetic parameters, BLUP animal model for breeding value estimation. Weighted linear regression models were used for describing genetic trends. There were no differences in variance components and other population genetic parameters between purebred (M1 model) and crossbred (M2 model) population. The maternal heritability ($h^2_m = 0.29 \pm 0.03$; 0.32 ± 0.10) was approximately half of the direct heritability ($h^2_d = 0.63 \pm 0.05$; 0.68 ± 0.12). The direct-maternal genetic covariance was negative, the direct-maternal genetic correlation coefficients ($r_{dm} = -0.80 \pm 0.03$ and -0.96 ± 0.07) were strong negative. The Spearman rank correlation between direct and maternal breeding value in purebred population was moderate and negative ($r_{rang} = -0.33$; $p < 0.01$) in crossbred population strong and negative ($r_{rang} = -0.99$; $p < 0.01$). The genetic trend of weaning weight of purebred and crossbred Limousin calves appeared by direct and maternal breeding value of sires and that of the whole population were stagnant during the examined period ($b = +0.01$ to $+0.19$ kg/year). The negative relationship between direct and maternal genetic effect call attention to the importance of maternal breeding value. In a case when breeders don't take the maternal breeding value into consideration, and practically select sires on their direct breeding value, the weaning performance of grand-offspring will decrease and no genetic progress can be forecasted in the weaning weight of beef calves.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A húsmarhatenyésztésben a borjú választási súly fontos értékmérő tulajdonság. Alakulása a borjú öröklött növekedési erélye mellett elsősorban az anyja tejtermelésétől függ. Vagyis a borjak választási súlya anyjuk borjúnevelő képességére utal, ugyanakkor a választott borjú a tehéntartás egyetlen hozama, vagyis a végterméke is. A borjú kellő növekedéséhez, genetikai képességének kihasználásához, a nagy választási súly eléréséhez megfelelő mennyiségű tejet kell szopnia az anyjától. Mivel a húshasznosítású tehenek tejtermelésének mérése nem egyszerű feladat, a borjú választási súlya alkalmas lehet a tejtermelő-képesség kifejezésére, így alapjául szolgálhat a tejtermelés növelésére irányuló szelekciónak is. *MacNeil és mtsai* (2006) vizsgálati eredménye szerint a húshasznosítású tehenek tejtermelésének növelésére irányuló szelekció a borjú választási súlya alapján csaknem olyan hatékony volt, mint közvetlenül a tej mennyisége alapján végzett szelekció. Ha a borjú választási súlyának növelése érdekében folytatunk szelekciót - ennek megfelelően választunk ki továbbtenyésztésre tenyészbika jelölteket -, akkor nem elegendő a jelöltek direkt genetikai hatását figyelembe venni, hanem célszerű tekintettel lenni az anyai genetikai hatásra is.

A választási tulajdonságok javítására irányuló szelekció hatékonysága elsősorban a választási súly genetikai meghatározottságától függ. Azonban a tenyészkiválasztás során nemcsak a direkt genetikai hatást, azaz az öröklött gének összességének hatását, hanem az anyai genetikai hatást, azaz az anya genetikailag meghatározott környezethatását is célszerű figyelembe venni.

A tehenek tejtermelését, valamint a borjak növekedési erélyét - illetve ezek eredőjéből a borjak választási súlyát - számos tényező (hatás) befolyásolhatja. Ilyen tényező lehet a fajta, a környezeti hatások, mint a tenyészet, a takarmányozás, az évjárat, az évszak, az anyai ösztönök, az egyedek közti különbségek, vagy a borjak ivara. A különböző húshasznosítású szarvasmarha fajták választási eredményeinek értékelésével számos korábbi forrásmunka foglalkozott (*Szabó és mtsai*, 2005, 2012, 2013). A hazai állományokban kapott legfontosabb eredményeket (*Kovács és mtsai*, 1993; *Tózsér és mtsai*, 1996; *Gáspárdy és mtsai*, 1998; *Zándoki és mtsai*, 2003; *Nagy és mtsai*, 2004; *Bene és mtsai*, 2006; 2007), valamint *Kurucz és Bene* (2017) részletesen bemutatták, így azok megismétlésétől itt eltekintünk.

Számos szakirodalmi forrásmunka szerint a húshasznosítású borjak adott életkorra korrigált választási súlya gyengén, vagy közepesen öröklődő tulajdonság (*Koury Filho és mtsai*, 2010; *Chud és mtsai*, 2014). *Montaldo és Kinghorn* (2003) több húsmarhafajta esetében azt találták, hogy amíg a választási tulajdonságok direkt öröklődhetősége (h^2_d) közepes, addig az anyai öröklődhetősége (h^2_m), nullához közeli volt. *Meyer* (1998) vizsgálata szerint ausztrál többfajtás állományban a választási súly direkt öröklődhetőségi értéke 0,12-0,28, az anyai öröklődhetőségi értéke 0,01-0,14 volt. Ehhez hasonló adatokat ($h^2_d = 0,21$; $h^2_m = 0,13$) közöltek *Boligon és mtsai* (2018) nallore populációban. *Tilki és mtsai* (2008) a direkt öröklődhetőségre 0,15, az anyai öröklődhetőségre 0,06 értéket közöltek brown swiss populációra vonatkozóan. *Martínez és mtsai* (2016) 0,24-0,47 közötti direkt, 0,15-0,21 anyai öröklődhetőségi értékeket találtak brahman zebu populációban. *Keeton és mtsai* (1996) limousin fajtában $h^2_d = 0,53$ és $h^2_m = 0,18$, *Van Vleck és mtsai* (1996) charolais fajtában $h^2_d = 0,16$ és $h^2_m = 0,12$, *Lee és mtsai* (1997) szimentáli fajtában

$h^2_d = 0,21$ és $h^2_m = 0,09$, illetve *Splan és mtsai* (1998) keresztezett állományban $h^2_d = 0,16$ és $h^2_m = 0,34$ értékeket számoltak. Az említett publikációk megerősítik, hogy a húshasznosítású borjak választási súlya direkt módon gyengén vagy közepesen öröklődő tulajdonság, amelynek értékei azonban nagyobbak az anyai öröklődhetőségi értékeknél.

Számos publikáció közölt adatokat a direkt és anyai genetikai hatás kapcsolatról. *Tilki és mtsai* (2008) a direkt és az anyai hatás közötti genetikai korrelációt (r_{dm}) szoros és negatív értékűnek (-0,92) találták. Ezzel szemben *Penasa és mtsai* (2012) szerint a r_{dm} értéke brown swiss borjak születési súlyában az előzőknél jóval kisebb, -0,02, ill. -0,31 volt. *Martínez és mtsai* (2016) arról számoltak be, hogy a direkt és az anyai hatás közötti korreláció a húshasznosítású borjak választási súlyában szoros, negatív (-0,59 és -0,76 közötti) volt. Limousin fajtában a direkt-anyai genetikai korrelációs értékre *Keeton és mtsai* (1996) -0,44, *Lee és mtsai* (1997) -0,07, *Kaps és mtsai* (2000) -0,51 értékeket becsültek. Hazai vizsgálatok (*Lengyel és mtsai*, 2004; *Szabó és mtsai*, 2012) a direkt és anyai genetikai hatás genetikai korrelációját szintén szoros, negatívnak (-0,53 és -0,62 közöttinek) találták.

Az említett adatok alapján feltételezhető, hogy a szóban forgó direkt és anyai hatás negatív kapcsolata a tenyészállatok direkt és anyai tenyészértékében, illetve a kétféle tenyészérték alapján végzett szelekció eredményeként megnyilvánuló genetikai trendben is megmutatkozhat. Mivel erre vonatkozóan meglehetősen kevés megbízható információ áll rendelkezésünkre, vizsgálatunk céljából azt tűztük ki, hogy értékeljük a direkt és az anyai tenyészérték kapcsolatát, valamint a kétféle tenyészérték alapján megnyilvánuló genetikai trendet fajtatiszta és keresztezett limousin borjak választási súlyára vonatkozóan.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Munkánk során limousin apaságú borjak választási súlyának variancia, kovariancia komponenseit, öröklődhetőségét, a választási súlyban megnyilvánuló direkt és anyai hatás korrelációját, továbbá tenyészállatok direkt és anyai tenyészértékét, valamint a választási súly genetikai trendjét becsültük. Az értékelés az 1992-2019 közötti időszak hazai, egyesületi adatbázisán történt.

Az adatbázis

Az értékeléshez a Magyar Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesületének említett időszakra vonatkozó adatbázisát használtuk fel. Ebben a származási adatok mellett a borjak választási életkora és választási súlya szerepelt. Összesen 19764 borjú adatát dolgoztuk fel, amelyek közül 15437 borjú fajtatiszta limousin, 4327 pedig keresztezett - limousin bika és magyar tarka tehén (F_1), vagy limousin bika és limousin x magyar tarka keresztezett tehén (R_1) ivadéka - volt. Az említett borjak 44 tenyészetből, 241 apától származtak. A felhasznált adatbázist az 1. táblázatban mutatjuk be.

1. táblázat

A vizsgált adatbázis szerkezete

Az adatbázis (1)	Fajtatiszta adatbázis (AB1) (2)	Keresztezett adatbázis (AB2) (3)
Vizsgált időszak (4)	1992-2019	1992-2014
Tenyészték száma (5)	37	23
Tehenek életkora (év) (6)	2-16	2-16
Tehenek fajtája (7)	LIM	MT
Tenyészbikák (apák) fajtája (8)	LIM	LIM
Tenyészbikák (apák) száma (9)	241	98
Borjak genotípusa (10)	LIM	MT x LIM (F ₁)
Borjak létszáma (11)	15437	4327
Átlagos ivadékszám apánként (12)	64,3	44,2
Választási életkor (nap) (13)		
- átlag±SD (14)	219,1±46,3	218,6±54,0
- intervallum (15)	100-365	100-365
Választási súly (kg) (16)		
- átlag±SD (14)	223,5±48,1	216,8±43,7
- intervallum (15)	120-400	120-400

LIM = limousin; MT = magyar tarka (17)

Table 1. The structure of the evaluated database

applied database (1); purebred (2); crossbred (3); the studied period (4); number of herds (5); age of cows (year) (6); breed of cows (7); breed of sires (8); number of sires (9); genotype of calves (10); number of calves (11); average progeny number per sire (12); age at weaning (day) (13); mean±SD (14), range (15); weaning weight (kg) (16); Hungarian Simmental (17)

A populációgenetikai paraméterek becslése

A becslésre BLUP egyedmodelleket használtuk, amellyel a következő variancia és kovariancia komponenseket becsültük meg: additív direkt genetikai variancia (σ_d^2), anyai genetikai variancia (σ_m^2), direkt és anyai genetikai kovariancia (σ_{dm}), anya állandó környezeti hatása (varianciája), (σ_{pe}^2), hiba variancia (σ_e^2), fenotípusos variancia (σ_p^2), direkt öröklődhetőség (h_d^2), anyai öröklődhetőség (h_m^2), direkt és anyai hatás genetikai korrelációja (r_{dm}), az állandó környezethatás aránya a fenotípusos varianciában (c^2), valamint a hiba variancia aránya a fenotípusos varianciában (e^2).

A teljes öröklődhetőséget az alábbi módon számítottuk (Willham, 1972):

$$h_T^2 = (\sigma_d^2 + 0,5 \sigma_m^2 + 1,5 \sigma_{dm}) / \sigma_p^2$$

A populációgenetikai paraméterek (és a tenyésztérek) becslésre két, különböző BLUP modellt alkalmaztunk (2. táblázat).

Egyik modellt (M1) a fajtatiszta borjak adatbázisának (AB1) értékelésére használtuk Keeton és mtsai (1996), valamint Dodenhoff és mtsai (1999) iránymutatása szerint. Ebben a modellben a tehén borjazásainak száma, a borjú születésének

2. táblázat

Az alkalmazott BLUP modellek

A modell típusa és jelölése (1)	BLUP egyed modell (2)	
	1. modell (M1)	2. modell (M2)
A használt adatbázis (3)	Fajtatiszta (AB1) (4)	Keresztezett (AB2) (5)
Módszer (6)	Általános tenyésztértékbecslés (7)	Fajtaközi tenyésztértékbecslés (8)
A borjak genotípusa az adatbázisban (9)	LIM	LIM x MT (F_1 ; R_1)
Véletlen hatások (10)		
- egyed (borjú) (11)	+	+
- anyai genetikai hatás (12)	+	+
- anyai állandó környezethatás (13)	+	+
Fix hatások (14)		
- borjú genotípusa (15)	-	+
- tenyészet (16)	+	+
- tehenek életkora (17)	+	+
- borjak születési éve (18)	+	+
- borjak születési évszaka (19)	+	+
- borjak ivara (20)	+	+
Rokonsági mátrix (21)		
- egyed, teljes testvér, féltestvér, apa, anya, nagyszülők (22)	+	+
A vizsgált tulajdonság (23)		
- választási súly (24)	+	+
Kovariáns (25)		
- választási életkor (26)	+	+

LIM = limousin; MT = magyar tarka (27); + = a modell a hatást tartalmazza (28); - = a modell a hatást nem tartalmazza (29)

Table 2. Applied BLUP animal models

type and sign of models, M1 = purebred, M2 = across breed (1); BLUP animal model (2); database used (3); purebred (AB1) (4); crossbred (AB2) (5); method (6); breeding value estimation (BVE) (7); across breed breeding value estimation (ABBVE) (8); genotype of calves in database (9); random effects (10); animal (calf) (11); maternal genetic effect (12); maternal permanent environment effect (13); fixed effects (14); genotype of calves (15); herd (16); age of cows (17); birth year of calf (18); birth season of calf (19); sex of calf (20); pedigree matrix (21); animal, full sibs, half sibs, sires, dams, grandparents (22); trait studied (23); weaning weight (24); covariant (25); age of calf at weaning (26); Hungarian Simmental (27); + = the model includes this effect (28); - = the model doesn't include this effect (29)

éve és évszaka, valamint a borjú ivara fix hatásként szerepelt (Gregory és mtsai, 1995; Lee és mtsai, 1997).

A másik modellt (M2) a keresztezett borjak adatbázisának (AB2) értékelésére használtuk, amely Van Vleck és mtsai (1992); Lo és mtsai (1997); Roso és mtsai (2005); valamint Brandt és mtsai (2010) javaslatai alapján a fajták közötti

tenyészték-bebecslésre is alkalmas volt. Ebben a modellben a borjú genotípusa *Splan* és *mtsai* (2002) munkájához hasonlóan fix hatásként szerepelt.

A BLUP modellek használata során két mátrixot, egy származási (pedigré) mátrixot és egy adatbázis mátrixot alkalmaztunk (Szőke és Komlósi, 2000). A származási mátrixban az egyed teljes testvérei, a féltestvérei, az anyja, az apja, és a nagyszülei szerepeltek. Az adatbázis mátrix a vizsgált tulajdonságok mellett fix (az előzőek szerint) és véletlen (random) hatásokat is tartalmazott. Minden modellekben az anyai genetikai hatás, és anya állandó környezeti hatása véletlen hatásként szerepelt.

A BLUP egyedmodell formulája az alábbi volt (Henderson, 1975):

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

(Ahol: y = a megfigyelés (tulajdonság) vektor; b = a fix hatás vektora; u = a véletlen (egyed) hatás vektora; m = az anyai genetikai hatás vektora; pe = az anyai állandó környezeti hatás vektora; e = hiba vektor; X = fix hatás előfordulási mátrixa; Z = véletlen hatás előfordulási mátrixa; W = anyai genetikai hatás előfordulási mátrixa; S = anya állandó környezeti hatásának előfordulási mátrixa.)

Tenyésztékbebecslése

Az egyes tenyészbikákra vonatkozóan az említett modellekkel direkt és anyai tenyésztékbebecslést készítettünk mind a fajtatiszta, mind a keresztezett populációban. A tenyésztékbebecslést az apa ivadékcsoportjának átlagos teljesítménye, valamint a teljes populáció átlagos teljesítményének a különbségeként határoztuk meg.

A tenyészbikákat mindkét tenyészték alapján rangsoroltuk, továbbá közöttük a rangkorrelációs együtthatókat - *Núñez-Dominguez és mtsai* (1995) iránymutatása alapján - is meghatároztuk.

A vizsgálatban szereplő összes tenyészbika direkt és anyai tenyésztékbebecslését meghatároztuk mind a fajtatiszta populációban, mind pedig a keresztezett állományban. A rang-korrelációs vizsgálatok, valamint a genetikai trendek számítása során az összes tenyészbika tenyésztékbebecslését felhasználva dolgoztunk. Mindezek mellett táblázatos formában - terjedelmi megfontolásból - csak a 25 legtöbb ivadékkal rendelkező tenyészbika tenyésztékbebecslését mutatjuk be.

A genetikai trendek bebecslése

A választási súlyban megnyilvánuló genetikai trend bebecslésére súlyozott lineáris regresszió analízist használtunk. Meghatároztuk mind az egyes tenyészbikák (apák), mind a teljes állomány évenkénti tenyésztékbebecslésének súlyozott számtani átlagát (eredményváltozó)t. Az apa, illetve a teljes állomány éves átlagos tenyésztékbebecslése független, az év függő változóként, a létszám pedig súlyozó faktorként szerepelt a regressziós modellben.

Az alkalmazott szoftverek

A variancia-, a direkt és anyai hatás kovariancia-, a direkt és anyai hatás genetikai korrelációs együttható-, az öröklődhetőségi értékek- és tenyésztékek becslésére *Willham* (1972); *Henderson* (1975); *Trus és Wilton* (1988); *Meyer és mtsai* (1993); *Lee és mtsai* (1997); valamint *Vanderick és mtsai* (2017) javaslata alapján két szoftvert, a DFREML (*Meyer*, 1998) és az MTDFREML (*Boldman és mtsai*, 1993) programokat használtuk.

EREDMÉNYEK

A becsült populációgenetikai paramétereket a 3. táblázatban foglaltuk össze. Az adatok azt mutatták, hogy nincs érdemi különbség a variancia komponensekben és az egyéb becsült mutatókban a fajtatiszta (M1 modell) és a keresztezett (M2 modell) populáció között. Az anyai öröklődhetőség ($h^2_{\text{a}} \pm \text{SE} = 0,29 \pm 0,03$, ill. $0,32 \pm 0,10$) hozzávetőlegesen fele volt, mint a direkt öröklődhetőség ($h^2_{\text{d}} \pm \text{SE} = 0,63 \pm 0,05$, ill. $0,68 \pm 0,12$). A direkt és az anyai genetikai hatás kovariáciája

3. táblázat

Limousin borjak választási súlyának populációgenetikai paraméterei

Populációgenetikai paraméterek (1)	Választási súly (2)	
	M1 modell (fajtatiszta) (3)	M2 modell (keresztezett) (4)
Additív genetikai variancia (σ^2_{a}) (5)	651,39	580,06
Anyai genetikai variancia (σ^2_{m}) (6)	305,78	270,60
Direkt-anyai genetikai hatás kovariancia (σ_{dm}) (7)	-359,21	-382,30
Anyai állandó környezeti variancia (σ^2_{pe}) (8)	88,30	104,83
Hiba variancia (σ^2_{e}) (9)	355,13	278,09
Fenotípusos variancia (σ^2_{p}) (10)	1041,39	851,27
Direkt öröklődhetőség (h^2_{d}) (11)	$0,63 \pm 0,05$	$0,68 \pm 0,12$
Anyai öröklődhetőség (h^2_{m}) (12)	$0,29 \pm 0,03$	$0,32 \pm 0,10$
Direkt-anyai hatás genetikai korrelációja (r_{dm}) (13)	$-0,80 \pm 0,03$	$-0,96 \pm 0,07$
Az állandó környezeti variancia aránya a fenotípusban (c^2) (14)	$0,09 \pm 0,01$	$0,12 \pm 0,05$
A hiba variancia aránya a fenotípusban (e^2) (15)	$0,34 \pm 0,04$	$0,33 \pm 0,09$
Az anyai öröklődhetőség és az állandó anyai hatás összege ($h^2_{\text{m}} + c^2$) (16)	0,38	0,44
Teljes öröklődhetőség (h^2_{T}) (17)	0,25	0,17

Table 3. Estimated population genetic parameters of weaning weight of Limousin calves

population genetic parameters (1); weaning weight (2); purebred (3); crossbred (4); additive direct genetic variance (σ^2_{a}) (5); maternal genetic variance (σ^2_{m}) (6); direct-maternal genetic covariance (σ_{dm}) (7); maternal permanent environmental variance (σ^2_{pe}) (8); residual variance (σ^2_{e}) (9); phenotypic variance (σ^2_{p}) (10); direct heritability (h^2_{d}) (11); maternal heritability (h^2_{m}) (12); direct-maternal genetic correlation (r_{dm}) (13); ratio of the permanent environmental variance to the phenotypic variance (c^2) (14); ratio of the residual variance to the phenotypic variance (e^2) (15); sum of the maternal heritability and permanent environmental variance ($h^2_{\text{m}} + c^2$) (16); total heritability (h^2_{T}) (17)

negatív, a direkt és az anyai hatás genetikai korrelációja szintén negatív és szoros értékeket mutatott ($r_{dm} \pm SE = -0,80 \pm 0,03$, ill. $-0,96 \pm 0,07$).

A választási súly alapján végzett tenyésztértékbecslés eredményét a 4. táblázat szemlélteti. A táblázat a vizsgált 241 apa közül csak a legtöbb ivadékkal rendelkező 25 apára vonatkozó eredményeket tartalmazza.

Az adatok ugyanazon tenyészbikák esetében, mind a fajtatista, mind a keresztezett populációban nagy különbséget mutattak a direkt és az anyai tenyésztértékek

4. táblázat

Limousin apák direkt és anyai tenyésztértéke a borjaik választási súlya alapján

Az apa központi lajstromszáma (1)	Választási súly (kg) (2)					
	Fajtatista borjak (3)			Keresztezett borjak (4)		
	N	Tenyésztérték (5)		N	Tenyésztérték (5)	
		Direkt (6)	Anyai (7)		Direkt (6)	Anyai (7)
9034	61	+2,82	+0,88	394	-5,16	+0,27
12015	608	-7,17	-12,30	257	-18,30	+14,10
12470	43	+7,75	-6,18	50	-4,41	+2,28
12481	88	+1,06	-5,65	66	-14,63	+7,78
12482	54	+11,37	-1,29	54	-16,61	+11,74
12483	79	+7,88	-8,94	56	-20,60	+12,97
12484	72	-1,22	+6,74	59	-10,48	+7,64
12485	49	+9,15	-0,28	60	-13,26	+8,64
13098	1019	-3,17	+3,88	516	+0,13	+0,93
13869	259	-10,88	-4,31	31	+6,38	-5,41
14284	177	-16,77	+4,99	48	+0,08	-0,05
14473	185	-10,27	+2,66	55	+13,07	-10,15
14474	216	-6,51	+4,73	77	-7,31	+4,46
14475	109	-6,39	+2,62	32	+10,09	-6,65
14476	207	-8,09	+4,65	51	-6,58	+4,34
14602	52	-4,13	-1,36	198	-22,89	+13,12
14684	792	-21,92	-3,18	107	-5,73	+3,81
14709	66	-18,34	+10,11	80	+29,46	-19,42
14714	37	-1,43	+0,79	119	+12,85	-8,47
15250	619	-35,39	+22,97	165	-60,03	+39,56
16444	485	-9,74	+4,97	62	+12,80	-8,44
16851	80	-10,85	+23,90	36	+7,09	-4,68
16854	202	+1,63	-1,66	45	+33,78	-23,41
17562	153	+3,11	+0,53	52	+23,80	-16,48
21207	86	-8,63	-4,66	31	+21,38	-14,59
Főátlag ($\pm SD$) (8)	223,5 $\pm$ 48,1			216,8 $\pm$ 43,7		

Table 4. Direct and maternal breeding value of Limousin sires in different populations based on weaning weight of their calves

registration number of sire (1); weaning weight (kg) (2); purebred (3); crossbred (4); breeding value (5); direct (6); maternal (7); overall mean ($\pm SD$) (8)

között. A különbségek nemcsak a tenyésztértékek abszolút értékében, hanem a legtöbb esetben azok irányában (előjelében), pozitív, vagy negatív voltában is megmutatkoztak. A 25 részletesen bemutatott apaállat közül a fajtatiszta populációban becsült tenyésztérték előjele 20 esetben, a keresztezett állományon becsült tenyésztérték előjele pedig 24 esetben volt különböző. A tenyésztértékek főátlagtól különböző irányban történő eltérései az említett negatív genetikai korreláció következményeinek tekinthetők, amelyeket a direkt és az anyai genetikai hatások között kaptunk.

A tapasztalt különbségek szintén megmutatkoztak a vizsgált tenyészbikák direkt, illetve anyai tenyésztérték alapján felállított rangsorában is (5. táblázat). Amint a táblázat adatai tükrözték, a vizsgált tenyészbikák rangsorában fajtatiszta populációban közepes, negatív ($r_{\text{rang}} = -0,33$; $p < 0,01$), keresztezett állományban pedig szoros, negatív ($r_{\text{rang}} = -0,99$; $p < 0,01$) kapcsolatra utaló rangkorrelációs együtthatókat kaptunk.

5. táblázat

Spearman féle rangkorreláció az értékelt limousin tenyészbikák direkt és anyai tenyésztértéke között

r_{rang}	$T\acute{E}_a$ - fajtatiszta	$T\acute{E}_d$ - keresztezett	$T\acute{E}_a$ - keresztezett
$T\acute{E}_d$ - fajtatiszta (1)	*-0,33	-0,11	+0,11
$T\acute{E}_a$ - fajtatiszta		+0,19	-0,18
$T\acute{E}_d$ - keresztezett (2)			*-0,99

* $p < 0,01$; r_{rang} = Spearman-féle rangkorrelációs együttható (3); $T\acute{E}_d$ = direkt tenyésztérték (4); $T\acute{E}_a$ = anyai tenyésztérték (5)

Table 5. Spearman rank correlation coefficients among direct and maternal breeding values of the sires

purebred (1); crossbred (2); Spearman rank correlation coefficients (3); direct breeding value (4); maternal breeding value (5)

A választási súly genetikai trendjére kapott lineáris regressziós függvény paramétereit a 6. táblázat tartalmazza.

Látható, hogy a meredekségi együttható (b) közel állt a nullához, ami arra utalt, hogy a vizsgált időszakban nem mutatkozott számottevő genetikai előrehaladás a hazai limousin állomány borjainak választási súlyában.

A tapasztalt genetikai trendet az 1. és a 2. ábra is szemlélteti. Mindkét ábra szintén azt mutatja, hogy a vizsgált 27 év során nem mutatkozott érdemi genetikai előrehaladás a vizsgált értékmérő tulajdonságban a hazai limousin populációban. Mindkét ábra jól szemlélteti azt a negatív kapcsolatot is, amelyet a direkt és az anyai tenyésztérték között kaptunk. Nevezetesen mind a vizsgált apák tenyésztértékeinek éves átlagai (1. ábra), mind a teljes állomány tenyésztértékeinek éves átlagai (2. ábra) egymással ellentétes irányú változást mutattak. Ahol a direkt tenyésztérték változása növekvő volt, ott az anyai tenyésztérték változása csökkenő tendenciát mutatott, illetve fordítva.

6. táblázat

Genetikai trend a limousin borjak választási súlyában

Függő változó (1)	Merekségi együttható (2)		Tengelymetszet (3)		Determinációs együttható (4)
	b	SE	a	SE	
Apák tenyésztértéke fajtatiszta állományban (5)					
- direkt (6)	+0,19	0,23	-377,17	468,40	0,03
- anyai (7)	+0,04	0,15	-84,44	298,29	0,00
Apák tenyésztértéke keresztezett állományban (8)					
- direkt (6)	+0,02	0,26	-37,61	512,63	0,00
- anyai (7)	+0,01	0,17	-14,90	340,64	0,00
A teljes populáció tenyésztértéke fajtatiszta állományban (9)					
- direkt (6)	-0,05	0,03	97,65	64,15	0,06
- anyai (7)	+0,03	0,02	-69,17	47,71	0,05
A teljes populáció tenyésztértéke keresztezett állományban (10)					
- direkt (6)	-0,03	0,04	57,77	79,55	0,01
- anyai (7)	+0,02	0,03	-33,22	51,44	0,01

Table 6. Genetic trend in weaning weight of Limousin calves

dependent variable (1); slope coefficient (2); Y-intercept coefficient (3); coefficient of determination (4); breeding value of sires in purebred population (5); direct breeding value (6); maternal breeding value (7); breeding value of sires in crossbred population (8); breeding value of whole population in purebred population (9); breeding value of whole population in crossbred population (10)

1. ábra Genetikai trendek a borjak választási súlyában az apák direkt és anyai tenyésztési értéke alapján fajtatiszta állományban

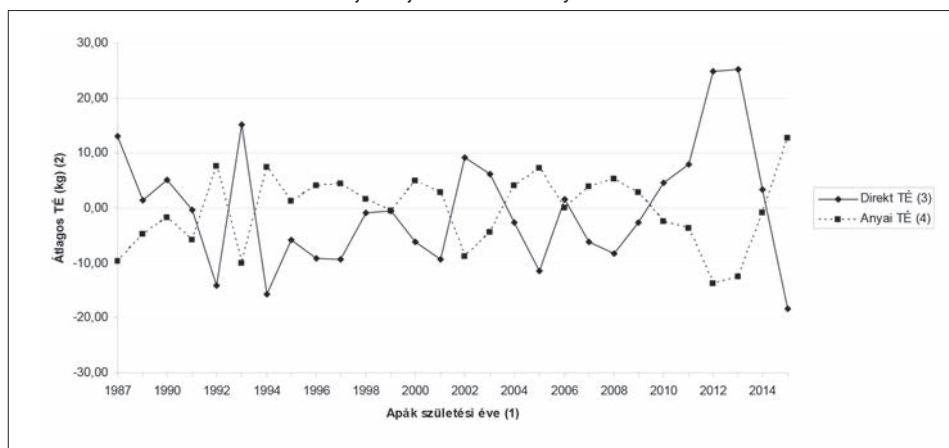


Figure 1. Genetic trends in weaning weight of calves based on direct and maternal breeding values of sires in purebred population

birth year of sires (1); annual mean breeding value (kg) (2); direct breeding value (3); maternal breeding value (4)

2. ábra Genetikai trendek a teljes állomány választási súly direkt és anyai tenyésztési értéke alapján fajtatista állományban

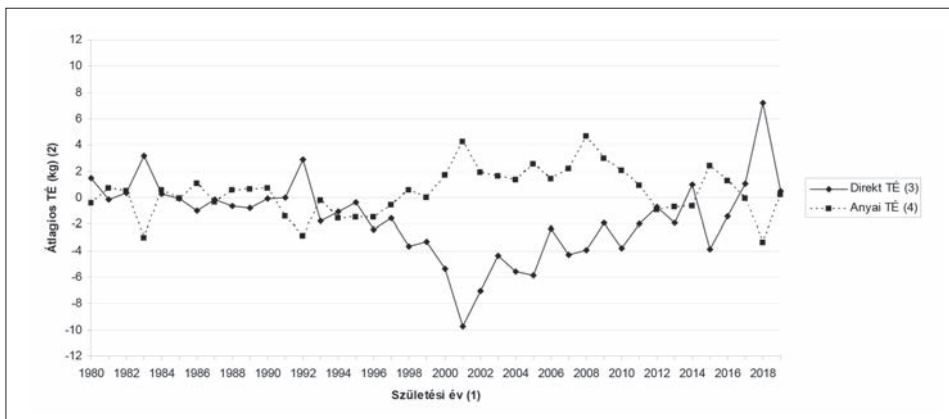


Figure 2. Genetic trends in weaning weight of calves based on direct and maternal breeding values of whole purebred population

birth year (1); annual mean breeding value (kg) (2); direct breeding value (3); maternal breeding value (4)

MEGBESZÉLÉS

A hazai fajtatista és a keresztezett limousin borjak választási súlyának örökölhetőségi értékei - hasonlóan a korábbi irodalmi közlésekhez (*Koury Filho és mtsai*, 2010; *Chud és mtsai*, 2014) - kicsik, vagy közepesek voltak, amelyek gyenge, vagy közepes genetikai meghatározottságra utaltak. A kapott adatok hasonlóak, illetve valamivel kisebbek voltak annál, mint amelyeneket *Keeton és mtsai* (1996), *Splan és mtsai* (1998), *Crews és Kemp* (1999), *Dodenhoff és mtsai* (1999) valamint *Lukaszewicz és mtsai* (2015) tapasztaltak. Eredményeink nagyobbak voltak azoknál az adatoknál, mint amelyenokről *Albuquerque és Meyer* (2001); *Tilki és mtsai* (2008); *Martínez és mtsai* (2016); valamint *Boligon és mtsai* (2018) beszámoltak.

Ezek az információk megerősítik azokat a korábbi megállapításokat, hogy a húshasznosítású borjak adott életkorra elért választási súlyának alakulásában a környezethatások erősebbek lehetnek, mint a genetikai hatások.

Vizsgálatunkban az anyai örökölhetőségi értékek mind a fajtatista mind a keresztezett limousin populációban nagyobbak voltak annál, mint amekkora értékek a vonatkozó szakirodalomban (*Keeton és mtsai*, 1996; *Lee és mtsai*, 1997; *Kaps és mtsai*, 2000) szerepeltek. A jelen munkánkban tapasztalt, negatív előjelű direkt-anyai hatás negatív genetikai kovarianciája hasonló volt korábbi hazai (*Lengyel és mtsai*, 2004; *Bene és mtsai*, 2010; *Szabó és mtsai*, 2012, 2013) megállapításokhoz. A két hatás közti genetikai korrelációs együttható - mind a keresztezett, mind a fajtatista populációban - nagyobb volt annál, mint amekkora értékeket *Cubas és mtsai* (1991); *Tilki és mtsai* (2008); *Penasa és mtsai* (2012); valamint *Martínez és mtsai* (2016) tapasztaltak.

Saját vizsgálatunk eredményei - miszerint a limousin borjak választási súlyában a direkt és anyai hatás kovarianciája és korrelációja negatív előjelű volt - nyilvánvalóan azt igazolják, hogy a direkt és az anyai genetikai hatás egymással ellentétes irányban változik. Mindezt az idézett irodalmi forrásmunkák is alátámasztották. Ezt az állítást megerősíti az is, hogy az tenyészbikák rangsora a kétféle hatás alapján egymással ellentétesnek bizonyult. Vagyis az értékelt limousin tenyészbikák között másféle rangsort kaptunk attól függően, hogy azokat a direkt tenyészértékük, vagy anyai tenyészértékük alapján rangsoroltuk. Ennek igazolására végzett rangkorrelációs vizsgálatban a fajtatiszta populációban kapott közepes, a keresztezett populációban tapasztalt szoros negatív kapcsolat irodalmi adatokhoz hasonlóan szintén megerősíti a kétféle hatás közötti ellentétes irányú tendenciát.

A direkt és az anyai genetikai hatás közötti negatív kapcsolatot alátámasztja a becsült genetikai trend is, amelyet a vizsgált limousin apák és a teljes állomány direkt és anyai tenyészértéke alapján tapasztaltunk. Gyakorlatilag nem mutatkozott érdemi genetikai előrehaladás a limousin borjak választási súlyában a vizsgált időszakban. Amikor ugyanis a direkt tenyészérték alapján felvázolt trend növekvő jellegű volt, akkor az anyai tenyészérték szerinti trend csökkenést mutatott, illetve fordítva.

KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

A direkt és az anyai genetikai hatás közötti negatív kapcsolat az anyai tenyészérték fontosságára hívja fel a figyelmet. Abban az esetben ugyanis, ha a tenyésztők nem fordítanak figyelmet az anyai tenyészértékre és a tenyészbikáikat csupán a direkt tenyészérték alapján választják ki továbbtenyésztésre, akkor annak ellenére, hogy az első generációs ivadékaik választási súlya növekedhet, a második generációs ivadékaik, azaz az unokáik választási súlyában visszaesés következhet be.

Mindezek alapján javasolható, ha a tenyészbikákat hízóvéghtermék előállításra használjuk, akkor azokat a direkt, ha pedig tenyészüző előállításra használjuk, akkor azokat anyai tenyészértékük alapján válasszuk ki tenyésztésre.

IRODALOM

- Albuquerque, G. – Meyer, K.* (2001): Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nellore cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, 118. 83–92.
- 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. – Füller, I. – Fördös, A. – Szabó, F.* (2010): Weaning results of beef Hungarian Fleckvieh calves. 2nd paper: Genetic parameters, breeding values. *Arch. Tierz.*, 53. 26–36.
- Bene, Sz. – Komlósi, I. – Nagy, B. – Lengyel, Z. – Szabó, F.* (2007): Többfajtás húsmarha tenyészértékbecslés a választási eredmények alapján. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 56. 521–539.
- Boldman, K. G. – Kriese, L. A. – Van Vleck, L. D. – Kachman, S. D.* (1993): Manual for use of TD-FREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. USDA-ARS, Clay Center, NE

- Boligon, A. A. – Vicente, I. S. – Roso, V. M. – Pablos de Souza, F. R. (2018): Direct and maternal annual genetic changes for selected traits at weaning and yearling in beef cattle. *Acta Sci. Anim. Sci.*, 41. e42572
- Brandt, H. – Müllenhoff, A. – Lambertz, C. – Erhardt, G. – Gauly, M. (2010): Estimation of genetic and crossbreeding parameters for preweaning traits in German Angus and Simmental beef cattle and the reciprocal crosses. *J. Anim. Sci.*, 88. 80–86.
- Chud, T. C. S. – Caetano, S. L. – Buzanskas, M. E. – Grossi, D. A. – Guidolin, D. G. F. – Nascimento, G. B. – Munari, D. P. (2014): Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Livest. Sci.*, 170. 16–21.
- Crews, D. H. – Kemp, R. A. (1999): Contributions of preweaning growth information and maternal effects for prediction of carcass trait breeding values among crossbred beef cattle. *Can. J. Anim. Sci.*, 79. 17–25.
- Cubas, A. C. – Berger, P. J. – Healey, M. H. (1991): Genetic parameters for calving ease and survival at birth in Angus field data. *J. Anim. Sci.*, 69. 3952–3958.
- Dodenhoff, J. – Van Vleck, L. D. – Gregory K. E. (1999): Estimation of direct, maternal and grand maternal genetic effects for weaning weight in several breeds of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 77. 840–845.
- Gáspárdy, A. – Szabára, L. – Sváb, L. – Bodó, I. (1998): Charolais borjak választási súlyának üzemi értékelése egyedi állatmodell alkalmazásával. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 47. 503–513.
- 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 as beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 73. 1920–1926.
- Henderson, C. R. (1975): Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31. 423–447.
- Kaps, M. – Herring, W. O. – Lamberson, W. R. (2000): Genetic and environmental parameters for traits derived from the Brody growth curve and their relationships with weaning weight in Angus cattle. *J. Anim. Sci.*, 78. 1436–1442.
- Keeton, L. L. – Green, R. D. – Golden, B. L. – Anderson, K. J. (1996): Estimation of variance components and prediction of breeding values for scrotal circumference and weaning weight in Limousin cattle. *J. Anim. Sci.*, 74. 31–37.
- Koury Filho, W. – Albuquerque, L. G. – Forni, S. – Silva, J. A. – Yokoo, M. J. – Alencar, M. M. (2010): Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte [Genetic parameters estimates for visual scores and their association with body weight in beef cattle]. *Rev. Brasil Zootec.*, 39. 1015–1022. [in Portugal]
- Kovács, A. – Szűcs, E. – Völgyi Csík, J. (1993): A tenyészkörzet, az évszak és az ivar szerepe a limousin borjak választási teljesítményében. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 42. 117–130.
- Kurucz, E. – Bene, Sz. (2017): Választási eredmények egy hazai charolais húsmarha állományban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 66. 225–239.
- 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. – 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.
- Lo, L. L. – Fernando, R. L. – Grossman, M. (1997): Genetic evaluation by BLUP in two-breed terminal crossbreeding systems under dominance. *J. Anim. Sci.*, 75. 2877–2884.
- Lukaszewicz, M. – Davis, R. – Bertrand, J. K. – Misztal, I. – Tsuruta, S. (2015): Correlations between purebred and crossbred body weight traits in Limousin and Limousin x Angus populations. *J. Anim. Sci.*, 93. 1490–1493.

- MacNeil, M. D. – Leesburg, V. R. – Mott, T. (2006): Validating the breeding value for maternal preweaning gain in beef cattle with measured milk production. *S. Afr. J. Anim. Sci.*, 36. (Suppl.1). 1–5.
- Martínez, R. A. – Dassonneville, R. – Bejarano, D. – Jimenez, A. – Even, G. – Mészáros G. – Sölkner, J. (2016): Direct and maternal genetic effects on growth, reproduction, and ultrasound traits in zebu Brahman cattle in Colombia. *J. Anim. Sci.*, 94. 2761–2769.
- 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. (1998): DFREML Version 3.0. User Notes.
- Montaldo, V. H. H. – Kinghorn, B. P. (2003): Additive and non-additive, direct and maternal genetic effects for growth traits in a multibreed population of beef cattle. *Arch. Med. Vet.*, 35. 243–248.
- Nagy, B. – Bodó, I. – Gera, I. – Lengyel, Z. – Török, M. – Szabó, F. (2004): Magyar szürke szarvasmarha állományok választási eredményei. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 53. 503–513.
- 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.
- Penasa, M. – Cecchinato, A. – Dal Zotto, R. – Blair, H. T. – López-Villalobos, N. – Bittante, G. (2012): Direct and maternal genetic effects for body weight and price of calves sold for veal production. *J. Anim. Sci.*, 90. 3385–3391.
- 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. 3107–3711.
- Szabó, F. – Bene, Sz. – Nagy, L. – Erdei, I. – Márton, D. – Török, M. – Lengyel, Z. (2005): Néhány tényező hatása a húshasznú borjak választási súlyára. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 53. 15–25.
- Szabó, F. – Szabó, E. – Bene, Sz. (2012): Statistic and genetic parameters of 205-day weaning weight of beef calves. *Arch. Tierz.*, 55. 552–561.
- Szabó, F. – Szabó, E. – Bene, Sz. (2013): Population genetic evaluation of weaning weight of different beef cattle breeds. *J. Cent. Eur. Agric.*, 14. 865–871.
- Szőke, Sz. – Komlósi, I. (2000): A BLUP modellek összehasonlítása. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 49. 231–246.
- Tilki, M. – Saatci, M. – Çolak M. (2008): Genetic parameters for direct and maternal effects and estimation of breeding values for birth weight in Brown Swiss cattle. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*, 32. 287–292.
- Tőzsér, 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. Anim. Sci.*, 68. 119–128.
- Vanderick, S. – Gillon, A. – Glorieux, G. – Mayeres, P. – Mota, R. R. – Gengler N. (2017): Usefulness of multi-breed models in genetic evaluation of direct and maternal calving ease in Holstein and Belgian Blue Walloon purebreds and crossbreds. *Livest. Sci.*, 198. 129–137.
- 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.
- Zándoki, R. – Balázs, F. – Márton, I. – Tózsér, J. (2003): Az angus fekete és vörös színváltozatának választási teljesítményei egy tenyészetben. Állattenyésztés és Takarmányozás, 52. 203–213.
- 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: 2022. március

A szerzők címe: Szabó F.- Márton J.

Széchenyi István Egyetem, Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar

Authors' address: Széchenyi István University, Albert Kázmér Faculty of Mosonmagyaróvár
H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.
szabo.ferenc@sze.hu

Szűcs M.

Limousin és Blonde d' Aquitaine Tenyésztők Egyesülete

Association of Hungarian Limousin and Blonde d'Aquitaine Breeders
Budapest

Anton I. - Bene Sz.- Zsolnai A.

Magyar Agrár- és Élelmiszertudományi Egyetem, Georgikon Campus

Herceghalom, Keszthely

Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Georgikon Campus
Herceghalom, Keszthely