

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS

SZÜCS MÁRTON

**MOSONMAGYARÓVÁR
2020**

**SZÉCHENYI ISTVÁN EGYETEM
MEZŐGAZDASÁG- ÉS ÉLELMISZERTUDOMÁNYI KAR
ÁLLATTUDOMÁNYI TANSZÉK**

**WITTMANN ANTAL NÖVÉNY-, ÁLLAT- ÉS ÉLELMISZER-
TUDOMÁNYI MULTIDISZCIPLINÁRIS
DOKTORI ISKOLA**

UJHELYI IMRE ÁLLATTUDOMÁNYI DOKTORI PROGRAM

**DOKTORI ISKOLAVEZETŐ:
DR. ÖRDÖG VINCE DSc
EGYETEMI TANÁR**

**PROGRAMVEZETŐ:
DR. SZABÓ FERENC DSc
EGYETEMI TANÁR**

**TÉMAVEZETŐ:
DR. SZABÓ FERENC DSc
EGYETEMI TANÁR**

**DR. ANTON ISTVÁN PhD
c.EGYETEMI TANÁR**

**A HAZAI LIMOUSIN HÚSMARHAÁLLOMÁNY
GENETIKAI ELEMZÉSE**

**KÉSZÍTETTE:
SZÜCS MÁRTON**

MOSONMAGYARÓVÁR, 2020.

A HAZAI LIMOUSIN HÚSMARHAÁLLOMÁNY GENETIKAI ELEMZÉSE

Írta:
SZÜCS MÁRTON

Készült a Széchenyi István Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar
Wittmann Antal Növény-, Állat- és Élelmiszer- tudományi Multidiszciplináris
Doktori Iskola
Ujhelyi Imre Állattudományi Doktori Programja keretében

Témavezető: Dr. Szabó Ferenc, DSc
Dr. Anton István, PhD

Elfogadásra javaslom (igen / nem)

(aláírás)

A jelölt a doktori szigorlaton.....%-ot ért el,

Mosonmagyaróvár,

.....
a Szigorlati Bizottság Elnöke

Az értekezést bírálóként elfogadásra javaslom (igen/nem)

Első bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

Második bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

Esetleg harmadik bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

A jelölt az értekezés nyilvános vitáján%-ot ért el.

Mosonmagyaróvár,

A Bírálóbizottság elnöke

Doktori (PhD) oklevél minősítése.....

Az EDT elnöke

TARTALOMJEGYZÉK

AZ ÉRTEKEZÉSBEN MEGTALÁLHATÓ SZAKKIFEJEZÉSEK MAGYARÁZATA.....	4
AZ ÉRTEKEZÉSBEN MEGTALÁLHATÓ KÉPEK ÉS ÁBRÁK JEGYZÉKE.....	9
AZ ÉRTEKEZÉSBEN MEGTALÁLHATÓ TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE.....	10
1. BEVEZETÉS.....	12
2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS.....	18
2.1. A limousin fajta történet.....	18
2.2. A fajta hazai elterjedése.....	31
2.3. A limousin fajta tenyésztése, nemesítése	32
2.4. A választási súly javítására irányuló tenyésztés, tenyészértékbecslés	36
2.5. A 205-napos súly alapján történt tenyészértékbecslés eddig tapasztalatai.....	39
2.5.1. Többfajtás tenyészértékbecslés alkalmazása.....	39
2.5.2. Egyedmodell alkalmazása.....	42
2.6. Molekuláris genetikai vizsgálatok alkalmazása.....	45
2.6.1. Markerek felhasználása a szarvasmarha- tenyésztésben	45
2.6.2. Genomikai tenyészértékbecslés limousin fajtában.....	50
2.6.3. Populációgenetikai vizsgálatok alkalmazásának lehetősége a szarvasmarha-tenyésztésben	52
3. A VIZSGÁLAT CÉLJA	56
4. ANYAG ÉS MÓDSZER	59
4.1. Populációgenetikai paraméterek és a tenyészérték becslése	59
4.1.1. Apa- és egyedmodellel végzett direkt tenyészérték becslése.....	59
4.1.1.1. Az apamodellekkel végzett becslés	64
4.1.1.2. Az egyedmodellekkel végzett becslés	67

4.1.2. Egyedmodellel végzett direkt- és anyai tenyésztérték becslése.....	69
4.2. DNS alapú populációgenetikai vizsgálatok	73
4.2.1. A populációgenetikai vizsgálatban alkalmazott statisztikai módszerek.....	75
5. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK.....	77
5.1. A választási súly populációgenetikai paraméterei.....	77
5.2. A vizsgált tenyészbikák 205-napos választási súly alapján becsült tenyésztértéke és rangsora.....	81
5.3. DNS alapú populációgenetikai vizsgálati eredmények.....	96
6. KÖVETKEZTETÉSEK.....	104
6.1. Populációgenetikai paraméterek, ill. tenyésztértékek becslésének tanulsága.....	104
6.2. DNS alapú populációgenetikai vizsgálatok tanulsága.....	107
7. ÖSSZEFOGLALÁS.....	108
8. SUMMARY.....	112
9. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	117
10. AZ EREDMÉNYEK FELHASZNÁLÁSA.....	119
11. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	121
12. IRODALOMJEGYZÉK	123
13. PUBLIKÁCIÓK	135
13.1. Az értekezés témakörében megjelent publikáció.....	135
13.1.1. Idegen nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk.....	135
13.1.2. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk.....	135

13.1.3. Konferenciakiadványban megjelent közlemények magyar nyelven.....	136
13.2. Az értekezés témakörén kívüli közlemények	137
13.2.1. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk.....	137
14. MELLÉKLETEK.....	138
MELLÉKLET 1	138
MELLÉKLET 2	139

AZ ÉRTEKEZÉSBEN MEGTALÁLHATÓ SZAKKIFEJEZÉSEK MAGYARÁZATA

ABBVE: Across Breed Breeding Value Estimation (fajták közti tenyésztértékbecslés), a fajtatiszta állományok mellett azok keresztezett ivadékait is becslik.

Allél: alternatív gén- vagy szekvenciaváltozat a kromoszóma adott helyén.

Allélgyakoriság: adott allélok aránya adott lókuszon

Besorolási teszt: statisztikai eljárás, amellyel az egyedeket genotípus adataik alapján hozzá lehet rendelni ahhoz a populációhoz, amelyhez a legvalószínűbb értékkel tartozik, függetlenül az egyed mintájának gyűjtési helyétől.

BIF: Beef Improvement Federation (A marhahús minőségének javítását szolgáló szervezet).

Bootstrap érték: A bootstrap érték %-ban fejezi ki, hogy hány esetben egyezett az adott elágazásban a kapott filogenetikai fa a kiindulási adathalmazból kapott eredetivel. A 85–100% bootstrap érték magasnak tekinthető, az adott elágazás topológiája alátámasztottnak vehető. A 75–84% bootstrap érték mérsékelten, míg az 50–74% csak alacsonyan támogatja az adott elágazás kapott topológiáját.

BV: Breeding Value (tenyésztérték).

Chip (SNP): kis felületen, nagy sűrűségben jelen lévő DNS szekvenciák összessége, mely szekvenciák ismert SNP változatokat képesek azonosítani.

DFREML: Derivative Free Restricted Maximum Likelihood (variacion-komponensek vizsgálatára alkalmas szoftver).

DNS marker: olyan genomiális hely, lókus, ahol a populációra vonatkoztatva kettő vagy több változat, allél található meg. A DNS-markerek leginkább elterjedt változatai a mikroszatellitek és az SNP-k.

Egygénes öröklés: A vizsgált tulajdonságot egy gén határozza meg (pl. szín).

FDR: False Discovery Rate, téves azonosítási ráta v. hibás felderítési arány. Annak a valószínűsége, hogy rossz eredményt fogadunk el (false positive).

Fenotípus: az adott egyed külső vagy mérhető tulajdonságai, illetve tulajdonságainak összessége.

F_{is} : beltenyésztettségi koefficiens, az egyed beltenyésztettsége a saját alpopulációjához (S) képest. Másképpen, valószínűség, ami megmutatja, hogy egy lókus két allélje az adott egyedben származásilag azonos-e.

F_{it} : egyedek fixációs indexe a teljes populációban, vagyis az egyed átlagos heterozigotizálásának csökkenése a teljes populációhoz viszonyítva. Figyelembe veszi a nem véletlenszerű párosodást a töredékeken belül, és a véletlenszerű sodródást a töredékek között.

F_{st} : differenciálódás mértéke, vagyis két populáció közötti genetikai eltérés mérőszáma. Értéke nullától (nincs eltérés a két populáció között) egyig (teljes izoláció megléte két populáció között) változhat. Értékhatárai: 0,00 – 0,05 kicsi; 0,05 – 0,15 közepes; 0,15 – 0,25 magas; 0,25 felett nagyon magas genetikai eltérés van két populáció között.

Genetikai távolság: különféle statisztikai módszerekkel számszerűsített genetikai különbözőség populációk között.

Genotípus: az egyed egy, vagy több DNS lókuszán meghatározott marker típusa, hossza vagy az ott elhelyezkedő nukleotidok megnevezése (pl. A, B betűkkel való jelzéssel).

Hardy-Weinberg egyensúly: egy nagyméretű populáció esetén, ahol a párosodás véletlenszerű, továbbá nincs szelekció, migráció, mutáció és az ivararány azonos két allélformájú génre az egyensúlyi genotípus-gyakoriságok egy generációváltással kialakulnak.

ICAR: International Committee for Animal Recording (Az állatok nyilvántartását irányító nemzetközi bizottság).

Inzerció: a DNS lánc referenciahelyéhez viszonyítva egy vagy több DNS alkotóelem beépülése

Lókusz: a DNS lánc egyedi, azonosítható helye.

MBVE: Multibreed Breeding Value Estimation („többfajtás” tenyésztéskbecslés), a fajtatiszta állományok, ill. a keresztezett állományok adatbázisát egyidejűleg értékeli.

Mikroszatellit: egyszerű nukleotid ismétlődések, melyek ismétlődésmennyisége a DNS másolásakor megváltozhat. Ezért általában egy mikroszatellit helyhez több mikroszatellit változat (allél) tartozik. A genetikai vizsgálat specifikusságát a környező DNS sorrend biztosítja.

Minor allél frekvenciája (MAF): A kisebb előfordulási gyakoriságú allél frekvenciaértéke. 0,01 érték felett tekinthető az SNP allélnak. 0,5 – ős értéknél a leginformatívabb.

MTDFREML: Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood (variancia-komponensek vizsgálatára alkalmas szoftver).

Nukleotid: DNS-t felépítő egység, molekula.

Öröklődhetőség (h^2): adott tulajdonság genetikai és fenotípusos varianciájának hányadosa.

PCA principális komponens analízis: változók (pl. allélfrekvenciák) statisztikai analízise, ahol statisztikailag független koordinátákat állítanak elő a varianciatér jellemzésére. Minden koordináta az eredeti változók súlyozásával igyekszik a lehető legnagyobb varianciát magyarázni.

Populáció: egyazon fajba tartozó, időben és területen együtt élő, egymással kereszteződő egyedek csoportja.

REML: Restricted Maximum Likelihood (variancia-komponensek vizsgálatára alkalmas szoftver).

ROH: (Row of Homozygosity) homozigóta markerek egymást követő sorozata. Jelenléte és hossza felvilágosítást ad pl. a fajtán belül ható szelekcióra, betegséggel, ill. tulajdonsággal kapcsolt DNS helyére, beltenyésztettség mértékére.

Sajátérték: PCA analízis komponenseit jellemző szám. Figyelembe vehető komponens min. értéke 1.

SNP: (Single-nucleotide polymorphism) egyetlen nukleotid-bázis helyén figyelhető meg az eltérés a populáció egyedeiben. Általában kétallélos.

Szekvenálás: DNS nukleotid-sorrendjének a meghatározása.

TÉ: Tenyészték, adott állat értéke szülőként.

Többgénes öröklés: a vizsgált tulajdonságot több gén együttesen határozza meg (pl. testtömeg).

Új-generációs szekvenálás: DNS fragmentumok nagy tömegben, párhuzamosan végzett szekvenálása. A szekvenciák illesztése számítógép segítségével történik.

Variancia: az adott tulajdonság adatai átlagtól való eltérésének négyzetösszege.

Variációs koefficiens: a szórás az átlagérték százalékában kifejezve.

AZ ÉRTEKEZÉSBEN MEGTALÁLHATÓ KÉPEK ÉS ÁBRÁK JEGYZÉKE

1. kép: Limousin tehén25. oldal
2. kép: Limousin borjú.....25. oldal
3. kép: Limousin tenyészbika.....26. oldal
4. kép: Limousin hárém26. oldal

1. ábra: A vizsgálatban szereplő 16 limousin tenyészet elhelyezkedése74. oldal
2. ábra: Fenotípusos trendek a 205-napos borjú választási súly alapján a vizsgált populációkban90. oldal
3. ábra: Genetikai trendek az apák 205-napos borjú választási súly direkt- és anyai tenyészértéke alapján fajtatiszta állományban92. oldal
4. ábra: Genetikai trendek a teljes állomány 205-napos borjú választási súly direkt- és anyai tenyészértéke alapján fajtatiszta állományban93. oldal
5. ábra: Genetikai trendek az apák 205-napos borjú választási súly direkt- és anyai tenyészértéke alapján keresztezett állományban.....94. oldal
6. ábra: Genetikai trendek a teljes állomány 205-napos borjú választási súly direkt- és anyai tenyészértéke alapján keresztezett állományban95. oldal
7. ábra: A populációk differenciálódásának ábrázolás.....100. oldal
8. ábra: A 16 limousin populáció csoportokba (cluster) sorolása Structure szoftverrel, ΔK módszerrel.....101. oldal

9. ábra: A 16 limousin populáció csoportokba (cluster) sorolása
BAPS szoftverrel.....102. oldal
10. ábra: A 16 limousin populáció UPGMA módszerrel kapott
dendrogramja.....103. oldal

AZ ÉRTEKEZÉSBEN MEGTALÁLHATÓ TÁBLÁZATOK ÉS MELLÉKLETEK JEGYZÉKE

1. táblázat: A vágóállatok forgalmazásának különféle formái a
limousin fajtánál29. oldal
2. táblázat: Néhány tulajdonság öröklődhetősége, a hagyományos
és a genomikai tenyészték megbízhatósága és az ivadék-
egyenérték.....49. oldal
3. táblázat: A direkt tenyészték apa-és egyedmodellel, a 205-
napos választási súly alapján történő becslése során használt
kiindulási adatbázisok szerkezete.....60. oldal
4. táblázat: A direkt tenyészték apa-és egyedmodellel történő
becslésében résztvevő limousin apák61. oldal
5. táblázat: A direkt tenyészték apa-és egyedmodellel történt
becslése során alkalmazott modellek63. oldal
6. táblázat: A direkt tenyészték apa-és egyedmodellel történő
becslése során alkalmazott modellek, ill. futtatások száma és
tartalma.....64. oldal
7. táblázat: Az egyedmodellel végzett direkt- és anyai tenyészték
becslése során vizsgált adatbázisok szerkezete70. oldal
8. táblázat: Az egyedmodellel végzett direkt- és anyai tenyészték
becslése során alkalmazott modellek72. oldal

9. táblázat: A direkt tenyészték apa- és egyedmodellel történő becslése során kapott – 205-napos választási súlyra vonatkozó populációgenetikai paraméterek78. oldal
10. táblázat: A direkt- és anyai tenyészték egyedmodellel végzett becslése során kapott 205-napos súlyra vonatkozó populációgenetikai paraméterek79. oldal
11. táblázat: A limousin apák 205-napos választási súly tulajdonság alapján becsült tenyésztéke és rangsora81. oldal
12. táblázat: Rangkorrelációs értékek az apák különböző modellekkel választási súly tulajdonságra irányuló tenyésztéke alapján felállított rangsora között a limousin fajta esetén (n=110)83. oldal
13. táblázat: A legtöbb ivadékkal rendelkező apák 205-napos súly alapján, egyedmodellel becsült direkt- és anyai tenyésztéke a vizsgált időszakban.....85. oldal
14. táblázat: A legtöbb ivadékkal rendelkező apák sorrendje 205-napos választási súly alapján becsült direk-és anyai tenyészték alapján.....86. oldal
15. táblázat: Rangkorrelációs együtthatók az apák különböző populációkban felállított 205-napos súly alapján becsült direkt- és anyai tenyésztéke között (N=25).....88. oldal
16. táblázat: Fenotípusos trendek a borjak 205-napos választási súlya alapján.....89. oldal
17. táblázat: Fenotípusos trendre illesztett függvények jellemzői a vizsgált populációkban90. oldal
18. táblázat: Genetikai trendre illesztett függvények jellemzői a vizsgált tulajdonságban91. oldal

19. táblázat: A vizsgálatba vont 16 limousin populáció statisztikai elemzése97. oldal
20. táblázat: A vizsgálatba vont 16 limousin állomány 18 mikroszatellittel végzett vizsgálata során kapott statisztikai eredmények.....98. oldal
21. táblázat: A vizsgálatba vont 16 limousin populáció differenciálódásának mértéke (Fst-értékek alapján) páronként vizsgálva.....99. oldal
-
1. Melléklet: A hazai húshasznú szarvasmarhafajták tehen- és üszőlétszámai NÉBIH-ENAR fajtakód alapján gyűjtött adatok alapján (2018. szeptember)138. oldal
2. Melléklet: A molekuláris genetikai elemzésbe vont 16 telep (A-P) és a vizsgált egyedek száma telepenként.....139. oldal

1. BEVEZETÉS

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. A hazai húshasznú tehén- és üszőállomány (NÉBIH-ENAR fajtakód alapján, lásd *1. melléklet*) 2018-ban elérte a 240 ezres létszámot (184 000 tehén és 56 000, 8 hónapnál idősebb üsző). Ezen belül a hazai limousin állomány 48 000 egyedre tehető (34 000 tehén és 14 000 üsző), amely a teljes állomány 20%-át jelenti. Az *1. mellékletben* az „egyéb húshasznú fajta” jelentős részét limousin keresztezett állományok teszik ki, de erről pontos adatok nem állnak rendelkezésre.

A húsmarhaágazat további fejlesztése – mind gazdasági, mind pedig tenyésztési szempontból – igen fontos feladat. Ezen a téren tartalékok elsősorban az állományok szaporulati és választási eredményeinek javításában, a járulékos költségek csökkentésben, ill. a takarékosabb tartási és takarmányozási megoldások alkalmazásában rejlenek.

A húsmarhaállományok szaporodásbiológiai teljesítménye akkor tekinthető kedvezőnek, ha a választott borjak aránya a fedezett tehénállomány létszámának legalább 86 százalékát képviseli. Megfelelő tartási körülmények esetén minden tehén évente borjazik, miközben az ellési időszak nem hosszabb 90 napnál. Mindenképpen figyelembe kell venni azt a tényt is, hogy az eltérő mértékű selejtezés torzíthatja az átlaglétszámra vetített mutatókat.

A húshasznosítású tehén fő terméke a választott borjú. Emiatt a választási eredmények javítása, ill. a választás súly növelése fontos feladat, akár tenyészállatként, vagy hízó alapanyagként-, akár exporttermékként tekintjük azt.

A szarvasmarhahús-fogyasztás alakulását számos tényező befolyásolja világszerte. Jelentősen függ az életszínvonaltól, a kialakult étrendtől, a termékek árától, ill. kulturális szempontoktól egyaránt.

Miközben a világ népessége 50 év alatt (1965-2015) 3,2 milliárról 7,4 milliárdra nőtt, az egy főre eső éves szarvasmarhahús-fogyasztás nem változott (10 kg/fő) (*Horn és Stefler, 2017*).

A hazai éves marhahús-fogyasztás meglehetősen alacsony 2,5-3 kg/fő körüli. Ezzel jelentősen elmaradunk az EU 12 kg körüli, vagy a tengerentúli országok 30-40 kg körüli fogyasztásától (*Meat Consumption, Internet, 2018*). Emiatt fontos lenne a hazai marhahús-fogyasztás növelése. Az alacsony fogyasztásnak számos oka van, közöttük a legjelentősebb az, hogy az ágazat mindig exportorientált volt, és általában még ma is jövedelemzőbb az élőmarhaexport, mint a hazai hizlalás, vágás és feldolgozás.

Emiatt még hosszú ideig fontos lesz számunkra az exportkövetelményeknek való megfelelés, az értékesített árualap, a választott borjú, vagy a nagyobb súlyú exportmarha mennyiségének növelése.

A fejlesztéshez számos lehetőség áll rendelkezésünkre, amelyek hazai kipróbálása, majd bevezetése segítheti az ágazat fejlesztését.

A limousin fajta különböző értékmérő tulajdonságainak populációgenetikai elemzése, az eddig alkalmazottak mellett egyéb tenyészértékbecslési módszerek kipróbálása, azok összehasonlítása,

ill. a legcélravezetőbb módszer kiválasztása e téren a segítségünkre lehet.

Magyarországon a borjúelőállításra szakosodott húshasznú szarvasmarha állományokban gyakran alkalmaznak közvetlen haszonállat-előállító keresztezéseket. Ezen keresztezések a heterózis- és a komplementer hatás kiaknázására irányulnak, ugyanis a keresztezett borjak választási eredménye többnyire jobbnak bizonyul a szüleik átlagánál. A kistestű, kisigényű fajták fajtatiszta borjainak a 205 napos életkorra korrigált választási súlya a legtöbb esetben elmarad a nagytestűekétől, és a keresztezett társaikétól, különösen akkor, ha ez utóbbiak apja egy nagy testű, intenzív, például limousin tenyészbika. Az említettek miatt az értékelést a keresztezett állományokra is célszerű kiterjeszteni.

Az utóbbi években elterjedt a mikroszatellit markerek alkalmazása a szarvasmarha-tenyésztésben. Nagyfokú polimorfizmusa miatt e markertípus hatékonyan alkalmazható az állattenyésztés számos területén, így a húsmarhatenyésztésben is, elsősorban populációk genetikai szerkezetének vizsgálatára, ill. állományok közötti genetikai távolság becslésére (*Bhargava és mtsai, 2010; Guichoux és mtsai, 2011*). Ilyen felméréseket végeztek Kínában (*Mao és mtsai, 2007*), Ománban (*Mahgoub és mtsai, 2013*) és Koreában (*Seo és mtsai, 2017*), a helyi fajták más fajtákhoz viszonyított helyzetének megállapítására. Populációgenetikai vizsgálatok fajtán belül is végezhetők (*Zsolnai és mtsai, 2014*) azon populációk azonosítására, amelyek (például beltenyésztettség szempontjából) különleges figyelmet igényelnek a tenyésztők részéről. Tekintettel arra, hogy limousin fajtában – ilyen szempontból – nemzetközi viszonylatban is kevés információ áll rendelkezésre, hazánkban pedig egyáltalán nincs

adat erre vonatkozóan, jelenlegi vizsgálatunk mindenképpen hiánypótlónak számít.

Munkahelyem, a jelenlegi Limousin és Blonde d' Aquitaine Tenyésztők Egyesülete (melynek jogelődje az 1989-ben megalakult hazai Limousin Tenyésztők Egyesülete, illetve az ehhez 2010-ben csatlakozott Blonde d' Aquitaine Tenyésztők Társasága), több intézkedést hozott a vásárlók igényeinek csúcsmínőségű termékekkel történő kielégítése érdekében. Ezek közül elsősorban a szigorú tenyészértékbecslési és minősítési rendszer kidolgozását és alkalmazását, ill. a szelekciós programok bevezetését érdemes kiemelni.

Tekintve, hogy a hazai exportorientált húsmarhaágazat fő terméke a külföldön értékesített választott borjú, a jelen munka nagy részét kitevő populációgenetikai elemzés és tenyészértékbecslés alapja a borjak 205-napos választási súlya. Jelenleg nemcsak a hazai, de a külföldi irodalom is hiányos a tekintetben, hogy a limousin borjak 205-napos választási súlya alapján, melyik tenyészértékbecslési módszer biztosíthatja a – genetikai előrehaladással is igazolható – legmegbízhatóbb lehetőséget. Vizsgálataim eredményei hozzájárulhatnak majd a választási súly tenyésztői úton történő további növeléséhez és gazdaságilag is jelentős előrelépést biztosíthatnak.

Az egyes limousin részpopulációk genetikai differenciálódása számos teljesítménybeli, és tenyészértékbeli különbséget rejthet magában, ill. magyarázhat meg. Ezért jelentős lehetőséget kínál azon molekuláris genetikai módszerek alkalmazása, amelyek hatékonyabbá tehetik a

tenyésztői munkát, pontosíthatják a szelekciót, továbbá gyorsíthatják a genetikai előrehaladást és meghatározhatják a fajta tenyésztési stratégiáját. Munkám másik részében ezen a területen igyekeztem vizsgálatokat végezni és újabb, hasznosítható eredményekhez jutni.

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. A limousin fajta története

A limousin húshasznosítású szarvasmarhafajta, mely a világon való elterjedése miatt méltán érdemelte ki a világfajta elnevezést. Színe vörösesbarna, mely a has alatt, a lábakon, a szem és az orr körül halványabb színárnyalattal jelenik meg, szájpadrólása és a nyálkahártya területek világos színezetűek. Leginkább ellenállóképességéről és az időjárással szembeni tűrőképességéről híres, kiváló anyai tulajdonságáról, ill. vágóértékéről, valamint húsminőségéről ismert.

Eredetileg gall és germán törzsek igás szarvasmarhájaként használták őseit, melyek a Francia-középhegység, a Massif Central nyugati lejtőin tartott populációkból származtak. A helyi, vöröses színváltozat a dombos Limoges-i vidékeken terjedt el leginkább, mely ma a „Limousin közigazgatási egység” névre hallgat. A megyéhez köthető tájfajta elkülönülése a XVIII. századra tehető, amikor már e területről származó típusos szarvasmarhákat limousin szarvasmarháknak kezdték nevezni. Akkoriban már viszonylag egységes megjelenésű, nagy rámájú, a mainál kissé durvább csontozatú, szarvált egyedekből állt a populáció. Sokáig az igavonás volt a fő feladata a fajta egyedeinek, így a legerősebb és legnagyobb állatok folyamatos kiválogatása volt a cél (szelekció kezdete), mely viszonylag nagy rámájú, jó izmoltságú fenotípusos megjelenést eredményezett. A bikákat főként helyi, jól tejelő szarvasmarhafajták keresztezésére

használták, melyek jó húsformájú borjakat eredményeztek (*Guba*, 1985; *Bodó*, 2005; *Szabó*, 2016).

1770-ben Antoine de Sartine, a párizsi rendőrség tábornoka felszólítást küldött a régióba, hogy a húsvéti időszakban kialakult régiós húshiányt próbálják megszüntetni. Ekkor a gazdák lábön hajtották a fővárosi vásárokbá a teheneket és a növendék állatokat. A tehenek az akkori feljegyzések szerint 8-10 évesek voltak, de kiváló kondíció jellemezte őket, míg a növendékek 300-350 kg tömegű bikákból és üszökből álltak. *Jacques-Joseph Juge de Saint-Martin* (1791), írásos formában több esetben is megemlítette a limousin szarvasmarha fontosságát olyan nagyvárosok piacán, mint Párizs, Lyon vagy Toulouse.

A XVIII. század végén és XIX. század elején termelő limousin fajtát a közepszerűség jellemezte. A Limousin területi prefektusa, *Louis Texier-Olivier* (1808) becslése szerint egy vágott féltest súlya 300-350 kg volt, az állatok marmagassága 1,5 métert ért. A legtöbb helyen az állatok egész évben legeltek, a gyengébb talajokon a tehenek kevés tejet termeltek a borjak fejlődéshez. Az akkori parasztok nem engedhették meg maguknak, hogy a kiemelkedő szaporaságú teheneket ne használják igaerőként. Minden tehénnek részt kellett venni a mezőkön végzett munkában. Természetesen, az igázásra is használt tehenek tejtermelése, szaporasága gyenge volt.

Az igazi áttörés akkor következett be, amikor a Limousin megyei irányítás elkezdte jutalmazni azokat a gazdálkodókat, akik megtartják legjobb bikáikat, hogy minőségi párosításokat végezzenek. Ezt követően a gyengébb termőképességű gyepék javításával is foglalkozni kezdtek, nevezetesen a lóhere és néhány perjeféle

telepítésével igyekeztek javítani a legelők minőségét. Az ekkortájt értékesített limousin szarvasmarhák 600 kg körüli élősúlyúak voltak, melyeknél a La Souterraine-ben eladott egyedekről készült feljegyzések szolgálnak bizonyítékként.

Az 1852-ben, Bonaparte Napoleon császárrá koronázásával kialakuló új Második Birodalom létrejöttékor az “anglománia” hanyatlani kezdett, és az angol fajták, valamint a faggyúsabb angol típusú marhahús kedveltsége is visszaszorult. A városokba szállított marhák vágása és húsanak értékelése az arisztokrácia egyik legfontosabb hozadéka lett, ahol a kiállítások után a hentesversenyeken mérettetett meg az egyes fajták és fajtakonstrukciók húsa. A limousin ezeken a megmérettetéseken nagy sikert aratott. Olyannyira, hogy 1857, 1858 és 1859 években a Nagy Párizsi Hentesművészeti versenyen koronás díjat nyertek a fajtából készült ételek, sőt az összes fajta tiszteletének nagydíját Charles de Léobardy limousin tenyésztő és termelő kapta meg három évvel később.

1860-tól kezdve III. Napóleon politikájának köszönhetően a limousin állományok fő rendeltetése a francia hadsereg ellátására és utánpótlásának biztosítására korlátozódott. Az 1859-es itáliai háború, Nice kanton 1860. évi elcsatolása, valamint az 1861 és 1867 között zajló mexikói expedíció csatái meglehetősen nagy létszámú szarvasmarhát vontak el a térségből, mely a limousin számára óriási létszámcsökkenéssel járt. A szarvasmarhalétszám drasztikus csökkenésének az 1870-es francia-porosz háborúban elszenedett vereség vetett véget, amikor Napoleon elfogását követően megalakult a Harmadik Köztársaság, mely békésebb politikát folytatva a közigazgatás reformját helyezte előtérbe.

Az 1880-as évek elején a szelekciós nemesítési munka nagy erővel indult meg a charolais fajtában alkalmazott tenyészkiválasztási módszer alapján, azonban nem kizárólag a testméretek és a hústermelés növelése volt a fő cél, hanem a finom csontozat és a reprodukciós tulajdonságok szintentartása, valamint a testméretek növelése került előtérbe.

1886-ban végül Pierre-Edmond Teisserenc de Bort több megbeszélés során Henri de Lapparent mezőgazdasági felügyelőt meggyőzte, hogy Louis Michel prefektus segítségével a fajta törzskönyvezésének és adatrögzítésének alapszabályát lefektessék, azt letétbe helyezték a prefektúrában, ezzel megalapítva a limousin fajta hivatalos törzskönyvét. Az okiratot a Limoges-i Mezőgazdasági Társaság és Léon Reclus, mezőgazdasági tanszékvezető professzor ugyanez év november 18-án jegyeztette be hivatalosan. Ez óriási segítséget jelentett a fajta további nemesítése szempontjából. Ezzel 1886-ban – a charolais után – a limousin lett a második húsmarhafajta, amely önálló törzskönyvvel rendelkezett. Ez eredetileg egy olyan dokumentum volt, amely felsorolta az összes olyan tulajdonságot, amely a fajtához való tartozás alapkritériuma lett, valamint azon egyedeket, melyeket a fajta alapítójának tekintettek. Természetesen az okiratban az első állatok származási információi is rögzítésre kerültek.

Később, 1887-ben egy hivatalos bizottság alakult az egyes bejegyzett tenyészállatok vizsgálatára, amelyek folyamatosan azt vizsgálták, hogy a törzskönyvben szereplő egyedek és azok utódai megfelelnek-e a fajta törzskönyve által előírt feltételeknek. Végül 1893-ban létrejött a Limousin Fajtájú Szarvasmarha Tenyésztők Szövetsége, amelynek első vezetője Charles de Léobardy lett, akinek fő célja a limousin fajta

népszerűsítése volt főként kiállítások, állatversenyek és vásárok szervezésével.

Miután a törzskönyvet a tenyésztők és tulajdonosok elitje intézményesítette, a kistermelők körében hamar nagy sikert aratott a fajta, először azok között, akik nagy érdeklődést mutattak a vásárok és tenyészállat-versenyek iránt, később pedig a termelők körében is, akik meg voltak elégedve a fajta akkori hústermelési mutatóival és reprodukciós teljesítményével. Ekkorra a fajta igavonó képessége már szinte teljesen visszaszorult. A XIX. század végére a populációk folyamatos növekedése volt megfigyelhető. 1890-ben mintegy 600 ezer tehenet regisztráltak Franciaországban, mely az 1900-as évek elejére elérte a 800 ezer egyedet.

Az első világháború idején a fajta fejlődése lelassult. Sőt, ez volt a második olyan időszak, amikor a limousin létszám drasztikusan csökkent az országban. Az egykori tehénlétszám több, mint felére csökkent. A háború utáni recessziós időszakban szükséges volt átszervezni a törzskönyvet, melyre 1923-ban került sor. A létszám ennek hatására valamelyest emelkedésnek indult, ám az ezt követő második világháború ismét rontotta a helyzetet. 1940-ben szinte alig volt élő, regisztrált nőivarú egyed az országban, ezért azt tervezték, hogy a háború végeztével a megmaradt populációkat keresztezik a Garonne mentén élő szőke marhák fajtacsoportját képező quercy-vel, blonde pyrenée-vel, és az akvitániai garonnaise-zel. 1960-ra meg is született az új fajta koncepciója, ám 1962-ben, a Limoges vidéki gazdák, és a fajta elhivatottjai heves tiltakozásokat szerveztek, így a fajtát megmentették az összeolvadástól. Ezt az évet Limousin megyében ma is a fajta megmentésének éve jelzővel emlegetik.

1960 után ismét a létszám növekedése jellemezte a limousin fejlődését és a szelekció már egyre inkább tudományos alapokon zajlott, határozott tenyésztési cékitűzéssel. Ennek következtében jobb minőségű vágómarha és marhahús került a piacra, ami a fajta népszerűségét növelte. Mindezek hatására 10 év alatt mintegy 50%-kal nőtt az állomány.

Az 1970-es években kezdett a fajta teret hódítani a külföldi piacokon is. Több európai ország vásárolt limousin tenyészállatokat a saját fajtaik átkeresztelésére, vagy főként kettőshasznú fajtaik hústermelésének javítására. Bár az akkori vezető charolais fajtát létszámban nem tudta utólérni, az Akvitániában egyesülő szőke szarvasmarhák újjákovácsolt fajtája, a blonde d'Aquitaine, a limousinnál kisebb populációt alkotott. Ez a sorrend a XX. század végétől a mai napig megmaradt.

A XXI. század elején, 2004-ben már 900 ezer tehenet számláltak Franciaországban, melyből mintegy 63 ezer regisztrált ősökre volt visszavezethető. Ezek alkotják napjainkig a Pur Sang törzskönyvi osztályt, mely tisztavérűt jelent. A később bekerült egyedek, melyek limousin vérhányada folyamatos fajtaátalakító keresztezéssel növekedett, egy másik törzskönyvi osztályba, a Race Pure, azaz fajtatiszta egyedek csoportjába került. Az egységes Európai Unió Törzskönyvi Szabályozás ezeket A₁ és A₂ törzskönyvi alosztályként említi. Érdekes adat, hogy a 2004-es évben mintegy 20 ezer tenyészbika biztosította a szaporulatot az országban, melyek közül 1600 egyed tartozott az A₁ törzskönyvbe. A mesterséges termékenyítések száma a feljegyzések szerint 10% volt. Szintén érdekes feljegyzés, hogy a kifejlett tehének átlagos marmagassága

ebben az időszakban 135 cm volt, átlagsúlyuk 750 kg., míg a bikáké 145 cm és 1100 kg.

A fajta törzskönyvében a fajtaleírást 1991-ben véglegesítették, 2006-ban pedig az Európai Unió irányelvei szerint aktualizálták és jelenleg ebben a formában olvashatjuk (1991 I. cikk, 1. cím; szabályzat a törzskönyvezett limousine fajta megjelenésére, 1991 aug.). Ennek megfelelően a limousin egy világos vörös árnyalatú szarvasmarha, mely nem túl sötét, de mindenképpen egyszínű, a törzs elülső és hátulsó (ventrális és perineális) részein és a lábakon, valamint a farokrészen a végbélnyílás körzetében, ill. a tőgy körül világosabb színezetű, fedett, nem pigmentált. A szem körül szintén kissé világosabb, az orr és a körmök nem sötétek. A fedett szintől eltérő folt megjelenése kizáró ok az "A" törzskönyvből. Rövid fej és széles homlok jellemzi, a szarv előrehajolt és a végén kissé megemelkedett (A fajta jellemzői az *1-4. képen* láthatók).

1. kép: Limousin tehén



2. kép: Limousin borjú



3. kép: Limousin tenyészbika



4. kép: Limousin hárem



A genetikailag szarvatlan egyedek nem tartozhatnak az A₁ törzskönyvi osztályba, mert a genetikai szarvatlanság behozott tulajdonság a fajtában. A mellkas széles és lekerekített, a bordaívek kerek, a medence széles, különösen az ischia (ülőgumó) szintjén. A far oldalvonala nem túl ferde, a faroktő besimuló, a hát egyenes. A lábak felső fele jól izmolt, széles, kiemelkedő, trapezoid, a mar széles, mögötte a hát egyenesen fut. A hát-ágyék tájékon a filé vastag, a comb hátul kerek, széles és hosszú. A bőr puha és finom, kevés faggyútartalmú, a lábszár vékony, a csontozat finom (*Limousin, Internet 1*).

A jó növekedési erély és a finom csontozat a nagy rárával kombinálva nagy mennyiségű húst eredményez, ugyanakkor a vékony csontozat nagyon jó reprodukciós képességekkel társul. A francia adatok szerint 92% könnyűellés mellett 6% segítségnyújtással történő ellést tartanak nyilván a statisztikai adatok 1% holtellés és 1% vetelés mellett. A hazai adatok nagyon hasonlóak, noha a könnyűellések 4%-kal gyakoribbak a segítséggel történő ellés terhére (2% hazánkban). Nem csak az ellési mutatók kedvezőek a fajtánál, hanem a termékenységi mutatók is jók. Emellett a limousin borjakra jó életképesség jellemző, az anya pedig jól ellátja tejjel és védelmezi borját. Ez utóbbi tulajdonságát sokszor negatívan használták ki a konkurens fajták marketing-kommunikációjában, ahol igyekeztek vad és kezelhetetlen állatokként feltüntetni a limousin teheneket. Innen ered „a túlságosan élénk, agresszív” megbélyegzés, mely napjainkban egyáltalán nem helytálló.

A jó hízekonyság mellett a fajta húsminősége is kiváló (*Limousin, Internet 1*). A hús finomrostú, közkedvelt, melyet kevés zsírtartalma, ugyanakkor márványozottsága biztosít. 1991-ben és 1992-ben első helyezést kapott a fajta a Vak Kóstolás Minőségi Trófeájának versenyén. A hasított test 62-65%-os csontos hús-kihozatalú, melyben a hasznos húsrészek aránya 75%. Ez a kiváló hozam szintén a csontok finomságának és a csekély faggyúsodásnak köszönhető. Mivel a termelési mutatók kiválóak és az állatok gyarapodási üteme viszonylag kiegyenlített, arányos, így a fajta egyedei bármely életkorban jól értékesíthetők vágásra. Franciaországban, a fajta hazájában a piaci szokások alapján szinte a legtöbb értékesítési kategória a limousin esetén figyelhető meg (1. táblázat, *www.limousine.org nyomán*).

1. táblázat: A vágóállatok forgalmazásának különféle formái a limousin fajtánál

Állat típusa	Vágási életkor (hónap)	Élő súly (kg)	A hasított test súlya (kg)
Tejes borjú	3–4	180–230	120–150
Aveyron-i borjúhús	8–10	350–450	230 – 290
Egy évnél fiatalabb növendék	11–12	510–520	320
Lyon-i borjú	13–16	500–600	320–380
Fiatal szarvasmarha	16–17	615–650	380–400
Saint-Etienne-i üsző	12–15	315–400	200–260
Lyoni üsző	18–24	425–500	270–320
Hízalt üsző	26–36	több mint 600	több mint 350
Reform tehén	több mint 36	több mint 600	több mint 350

A táblázatból látszik, hogy az egyes kategóriák általában a nagyvárosok és térségük piacához voltak köthetőek, ugyanis az egyes vásárokon más-más típust preferáltak a hentesek. Hogy melyik városban mit értékesítettek szívesen, később elterjedt a vágótermék elnevezése során.

Ma is hasonló az értékesítési rendszer Franciaországban, a kiváló marhahús tanúsítványt jelző Blason Prestige szinte minden limousin hústermékre rákerül – ezzel jelezve az átlagon felüli, kimagasló minőséget, valamint a 2004-ben bevezetett Vörös Címkés húsok (Label Rouge) első megkülönböztetett és kitüntetett termékei szintén limousin eredetűek voltak. Ezen kívül számos rangos elismerést és

kitüntetést szerzett a fajta, mint pl. az UFC Que Choisir nevű vörös húsok versenyén.

Az utóbbi években befejező fajtaként használják haszonállat-előállító keresztezésekben, ahol főként apai vonalban alkalmazzák, a vágó végtermék minőségének javítása érdekében. Leginkább kettőshasznú, vagy egyéb húshasznú fajták keresztezésére használják, hogy növeljék az ivadékok hústermelő képességét. Használják Európa-szerte, vagy Ázsiában, Afrikában és Dél-Amerikában brahman zebuval keresztezve. Az Egyesült Királyságban csak az utóbbi időben fordul elő angusok húsformáit javító keresztezési partnerként, ezzel szemben az USA-ban és Kanadában már régebb óta jelen van. Itt fekete változatban is ismeretes, bár ez utóbbi színváltozatot nem törzskönyvezik, kizárólag hústermelésre használják.

Napjainkban (2019) az anyaországban, Franciaországban mintegy 1.150.000 tehén termel. A XX. században a fajta hústermelésének és egyben reprodukciós tulajdonságának javítása volt a cél, mely nem egyszerű feladat a két tulajdonságcsoporthoz, mégis az egyensúly megőrzése a legfontosabb tényező a fajta nemesítésében. A tenyésztői munkához használt célpárosítási módszerek, és az erre épülő szelekciós program lehetővé tette, hogy napjaink egyik legelterjedtebb, legkedveltebb és leginkább piacos húsmarhájává váljon világszerte.

2.2. A fajta hazai elterjedése

A limousin fajta hazai tenyésztése 1970-ben kezdődött, amikor a Gödöllői Agrártudományi Egyetem, Magyar András professzor kezdeményezésére és irányításával 13 vemhes üszőt és három bikát importált Franciaországból, melyet 1971-ben újabb 12 üsző behozatala követett. Az állatok jól akklimatizálódtak, ezért 1974 februárjára az összes tisztavérű nőivarú limousin szarvasmarha száma már 57-re nőtt. Magyar professzor 1970 novemberében árutermelő keresztezésbe kezdett 278 db rossz tejtermelést produkáló, vegyes hasznosítású magyar tarka, valamint a tenyésztési célnak nem megfelelő, kosztromai X magyar tarka keresztezésből származó tejelő típusú tehenek inszeminálásával (Magyari, 1974). Megállapításai alapján a limousin fajta eredményesen használható fel keresztezésre a magyartarka és a tenyésztési célnak nem megfelelő tejelő jellegű állatok hústermelő képességének javítására, ill. eredményesen vehet részt egy új, hústermelésre specializált magyar szarvasmarha kialakításában.

Az 1980-as években további nőivarú importra került sor. Ennek keretében a bikali Állami Gazdaság, Zámbó István és Megyeri Vilmos vezetésével, továbbá a püspökhatvani Galgavölgye MgTSz, a Tordas-Gyúrói MgTSz, a Zirci Bakony MgTSz és a hajdúszoboszlói Állami Gazdaság mintegy 300 állatot hozott be.

A kezdeti kedvező eredmények hatására a hazai szarvasmarhaprogram keretében számos üzem kezdett limousin keresztezésbe. Az 1980-as évek végére már 10-15 ezer keresztezett tehenet tartottak számon.

- A rendszerváltás után – sajnálatos módon – a legjobb állományokkal rendelkező tenyészetek egyedeit eladták, a tenyészetek megszűntek. Az ezredfordulón csak mintegy 300 fajtatizta tehén maradt az országban. Ez a csekély létszámú állomány lett az alapja a mai fajtatizta tenyészeteknek.
- A Zirci Bakony MgTSz volt az egyetlen, amely nem értékesítette állományát, és Bakony HO-LI Kft. néven, zirci székhellyel, folytatta a tenyésztést. A többi fajtatizta egyed a megalakult kft.-khez és magánszemélyekhez került. Így jött létre többek között a hajdúszoboszlói JMK Kft., a ceglédi Dél-Pest Megyei Mg. Zrt. limousin-állománya, valamint a többi, tenyészbika-előállítást végző magánszemély tenyészete, amelyek a hazai fajtatizta limousin-tenyészállatpopuláció 99%-át lefedik.
- A lassan változó körülmények hatására a keresztezést folytató üzemekben egyre több lett a fajtatizta egyed. Az elmúlt 20 év munkájának eredménye, hogy napjainkban folyamatosan nő a létszám, és ehhez a fajtatizta tenyészetekben folyó tenyészbika-előállítás is jelentősen hozzájárul. Ez a tenyésztői munka már hosszú évek óta számos nyugati országból történő spermaimporttal folyik.

2.3. A limousin fajta tenyésztése, nemesítése

- A limousin fajta tenyésztése eredeti hazájában, Franciaországban elsősorban fajtatizta eljárásokkal történik, keresztezésre kevésbé használják. Eredeti hazáján kívül, így hazánkban is a fajtatizta tenyésztés mellett a fajta jelentős szerepet játszik a hasznonállat-

előállító keresztezésekben, mind tej-, és kettőshasznosítású, mind húshasznosítású állományokban.

Mind a fajtatizta tenyésztés, mind a keresztezés fontos célja, hogy a következő generációkba tartozó tenyész- és haszonállatok jobb genetikai képességűek, jobb teljesítményűek legyenek, mint elődeik. Ennek érdekében fontosak az átgondolt tenyésztési célok, a kellő párosítási tervek, valamint a tenyészállatok különböző tenyészértékeinek ismerete. Új kihívást jelent az utóbbi évek egyre szélsőségesebb időjárása a legeltetési húsmarhatartásban, amelyre a jövőbeni tenyésztési stratégiánk kialakítása során mindenképpen tekintettel kell lennünk (*Stefler és mtsai, 2019*).

A húsmarhatenyésztés gyakorlatában jól ismert tény, hogy az egymástól akár nagyobb genetikai távolságra lévő fajták is jól kombinálhatók egymással (pl. brit és francia fajták) és a kedvező heterózishatás mellett a végtermék-típusú (terminál) apa komplementer hatása is jelentkezik. Ilyenkor a keresztezett borjak súlya rendszerint nemcsak a szülők átlagát, hanem a jobb szülő teljesítményét is felülmúlhatja (*Szabó, 1995*).

Mivel a végtermék-típusú, így a limousin fajtából származó, tenyészbikákat gyakran használják terminálfajtaként kombinált haszonállat-előállító keresztezésekben, igen fontos, hogy ne csak a fajtatizta tenyészértékről legyen ismeretünk, hanem arról is, hogy miként alakul tenyészállatok keresztezési célból figyelembe veendő tenyészértéke. A hagyományos tenyészértékbecslés fajtatizta állományokban, fajtatizta oldalági rokonok, illetve ivadékok teljesítménye alapján végezhető. Ez a tenyészérték az adott tenyészállat additív genetikai hatásával magyarázható genetikai

különbségére utal. A keresztezések során megnyilvánuló teljesítménykülönbségben azonban az additív génhatások mellett a heterózis-, azaz a génkölsönhatás is szerepet játszik, emiatt egy ilyen tenyészállat tenyészértéke jelentősen eltérhet a fajtatiszta állományokon becsült tenyészértékektől (*Graser, 1999*).

Következésképpen a húsmarhatenyésztők jelenleg már egyre nagyobb figyelmet fordítanak az apaállatok keresztezésekben betöltött szerepére, azaz a fajták közti tenyészértékbecslésre (across breed breeding value estimation, ABBVE), és a „többfajtás” tenyészértékbecslésre (*multibreed breeding value estimation, MBVE*) (*Elzo és Fomula, 1985*). Az utóbbi lényege, hogy a fajtatiszta állományok, ill. a keresztezett állományok adatbázisát egyidejűleg értékelik. A többfajtás tenyészértékbecslésben több fajta szerepel és csak additív génhatások alapján végeznek tenyészértékbecslést az egyes fajták tenyészállataira. Előnye, hogy nem kell fajtánként külön számításokat végezni (*Elzo, 1994*). Ezzel szemben a fajták közti tenyészértékbecslésben a fajtatiszta állományok mellett azok keresztezett ivadéka is szerepelnek. Ez teszi lehetővé, hogy egy tenyészállatra kétféle (fajtatiszta és keresztezési) tenyészértéket kapjunk. Természetesen a gyakorlati alkalmazásban vannak vegyes, mindkettőt magukba foglaló modellek. A fajták közti tenyészértékbecslés előnye elsősorban az, hogy alkalmazásával a keresztezési célra használt tenyészállatok megítélése pontosabb, megbízhatóbb lesz, ugyanis a módszer figyelembe veszi a kombinálódó képességet, azaz a keresztezések során megnyilvánuló speciális tenyészértéket is. Ez a módszer nem csak az oldalági rokonok és ivadékok közötti különbséget használja fel a

tenyésztékek becsléséhez, hanem a fajták közötti különbséget, és a heterózis hatást is figyelembe veszi (*Henderson, 1975*)

A fent említett direkt tenyésztékek mellett a tenyésztők igyekeznek egyre nagyobb figyelmet fordítani az egyes tenyészállatok anyai tenyésztékére is. Az utóbbi a tenyészállat ivadékainak anyai tulajdonságaiban várható különbségekre utal.

A tejhasznú állományban korábban bevezettet genomikai tenyésztékekbecslést (*Bognár, 2013*) egyre inkább alkalmazzák a húsmarhatenyésztők is (*Berry, 2016, Szabó és mtsai, 2017*). Franciaországban elkezdtek a limousin fajta genomikai tenyészték becslését. Ehhez referencia-populációkat jelöltek ki, amelyekben gyűjtik és nyilvántarjták a fenotípusos teljesítményadatokat. Emellett elvégzik minden állat genomvizsgálatát az SNP információk érdekében.

Az ottani referenciapopuláció teljesítmény- és SNP adatai összefüggésére meghatározott regressziós függvényekkel becslik a tenyészállatok genomikai értékét, ill. tenyésztékét más országok, így hazánk tenyészállataira is.

A célpárosítási programot napjainkban hazánkban is genomikai analízis kíséri. A Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete jól működő kapcsolatban áll az INGENOMIX céggel, mely a limousin fajta franciaországi, genomikai értékbecslő központja. Székhelye Lanaudban található, és mintegy 12 800 tenyészállatból álló referenciapopuláció áll rendelkezésére a becsléshez (2017), melynek egyedeiből 2006 óta folyamatosan gyűjti és tárolja a genomikai, illetve fenotípusos adatokat. A rendszer folyamatosan fejlődik és egyre pontosabban képes becsülni az értékmérő tulajdonságok

teljesítményét, hiszen a vizsgálatokkal egyre több és több egyed adata bővíti ezt az értékes adatbázist. Az együttműködés 2017-ben kezdődött és napjainkban is tart.

2.4. A választási súly javítására irányuló tenyésztés, tenyészértékbecslés

A tenyésztési cél a húsmarha, így a limousin fajta valamennyi tulajdonságának javítását meghatározhatja. Mivel a húshasznú tehének fő terméke a választott borjú, elsősorban a borjúprodukciónövelése jelent gazdasági előnyt a tenyésztők számára. Emiatt a választási súly és az azt közvetlenül, vagy közvetve befolyásoló tulajdonságok javítása tekinthető a legfontosabb tenyésztői célkitűzésnek. A 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, tenyészértékbecslési és egyben szelekciós szempont (Szabó, 2005).

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 életkorára 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).

Egy tenyészállat tenyészértéke a választási súly esetében is azt jelenti, hogy az adott egyed mit ér a tenyésztőnek szülőként, vagyis milyen tulajdonságú, teljesítményű, nevezetesen milyen választási súlyú ivadékokat várhatunk tőle. Mivel a húshasznosítású tenyészbikáknak több ivadéka van, mint a teheneknek, a tenyészértékbecslés rendszerint az apák (tenyészbikák) várható örökítő értékének becslésére irányul. Elvileg bármilyen tulajdonság alapján becsülhetünk tenyészértéket, amelyről kellő adatbázis áll a rendelkezésünkre. Mivel a munka jelen részében a húshasznosítású állományok borjainak választási súlyára koncentrálok, a tenyészértékbecslést is e tulajdonság alapján végzem. A különböző tenyészértékbecslési modellek meghatározzák az adott tulajdonság populációgenetikai paramétereit (variancia-komponensek, öröklődhetőség stb.), így lehetőség nyílik e paraméterek értékelésére és összehasonlítására is (Szabó, 2005).

A választási súly, a súlygyarapodás és a 205-napos súly örökölhetőségének-, illetve az erre irányuló tenyészérték becslésére több lehetőség is rendelkezésre áll. A leggyakrabban használt BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) módszernek több modellje alkalmazható a húsmarhatenyésztésben.

1. Apamodell:

A tenyészértékbecslés kezdeti időszakában elsősorban az apamodell (sire model) használták. Ennek a lényege, hogy az ivadékok teljesítménye alapján becsli az egyes apaállatok tenyészértékét. Hátránya egyrészt, hogy csak tenyészbikák (apák) tenyészértékbecslésére alkalmas, másrészt időigényes, mivel szükség

van az ivadékok tényleges teljesítmény adataira. További hátránya, hogy mivel csak az ivadék teljesítményét veszi figyelembe, a teljes genetikai varianciának csupán egynegyede alapján becsül.

2. Egyedmodell:

Az egyedmodell (animal model) az apamodellhez hasonló varianciamodell, annak továbbfejlesztett változata. E modellbe rokonsági mátrixot építettek be, amely alapján alkalmas arra, hogy vele bármely tenyészállat (nem csak az apa) tenyészértéke becsülhető legyen, mivel a teljes rokoni csoport teljesítményét képes hozzárendelni az adott tenyészállathoz. E modell minden olyan közeli rokon (szülő, testvér, féltestvér, ivadék) teljesítményét figyelembe veszi, ami rendelkezésre áll. Ezáltal a genetikai varianciának több, mint egy negyedére tekintettel van, miáltal pontosabb, mint az apamodell. Az egyedmodellel különböző tenyészértékek becsülhetők.

Direkt tenyészérték: Az adott tenyészállat teljes rokoni csoportjának teljesítménye alapján becsült érték, amely alapján a tenyészállat első generációs ivadékainak teljesítményét valószínűsíthetjük.

Anyai tenyészérték: Az adott tenyészállat nőivarú rokonainak (anyjának, tehén féltetvéreinek, leányainak) teljesítménye alapján becsli annak anyai értékét. Ebből adódóan pl. egy tenyészbika anyai tenyészértéke alapján prognosztizálhatjuk az unokák (a lányainak ivadékai) mennyiségi tulajdonságait, jelen esetben a borjak 205-napos súlyát.

Az egyedmodell alkalmas arra is, hogy vele különböző adatbázisokból becsüljünk tenyészértéket.

Fajtatiszta adatbázis alapján, a modell az additív génhatásokat veszi figyelembe, amelynek eredményeként az adott tenyészállat *fajtatiszta*

(tenyészési célra használható) tenyészértékét (*purebreeding breeding value*) kaphatjuk meg.

Keresztezett állomány adatbázisán a modell a génölcsonhatásokat is figyelembe veszi. Emiatt az ilyen adatbázison becsült eredmény az adott tenyészállat *keresztezési (célra használható) tenyészértéke* (*crossbreeding breeding value*). E módszert fajtaközi tenyészértékbecslési módszernek is hívjuk (*across breed breeding value estimation*).

Több fajta adatbázisán a modellel egyidejűleg több fajtaba tartozó tenyészállatok tenyészértéke becsülhető (*multibreed breeding value estimation*).

2.5. A 205-napos súly alapján történt tenyészértékbecslés eddigi tapasztalatai

2.5.1. Többfajtás tenyészértékbecslés alkalmazása

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

A keresztezett állományokban használt tenyészértékbecslési módszer hasonló a fajtatiszta állományok vizsgálatához, de előbbi esetben a fajták közötti genetikai különbségekkel, ill. a heterózis hatással is számolni kell (*Graser, 1999*). A többfajtás tenyészértékbecslés alkalmazásával a keresztezési célra használt tenyészállatok megítélése pontosabb, megbízhatóbb lesz, ugyanis a módszer figyelembe veszi a

kombinálódó képességet, azaz a keresztezések során megnyilvánuló speciális tenyésztési értéket is *Rodríguez Almeida és mtsai* (1997).

Keresztezett populációban először *Notter és Cundiff* (1991) végeztek ilyen típusú vizsgálatokat, de azoknak akkoriban a gyakorlat nem tulajdonított nagy jelentőséget. *Rodríguez Almeida és mtsai* (1997) arra a következtetésre jutottak, hogy a keresztezett populációkban végzett tenyésztési értékbecslés eredményei kiterjeszthetők fajtatiszta állományokra is, másrészt pedig így még pontosabb eredményeket lehet elérni. Az évek során számos modellt használtak többfajtás tenyésztési értékbecslésre (*Elzo és Famula*, 1985; *Arnold és mtsai*, 1992; *Pollak és Quaas*, 1998; stb.). Egyes szerzők szerint a fajtatiszta 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 fajtatiszta és keresztezett állományok főbb paramétereinek genetikai varianciája és öröklődhetősége nem különbözik egymástól jelentős mértékben.

Számos fontos tanulmány foglalkozott tenyésztési értékek és öröklődhetőségi értékek BLUP módszerek alkalmazásán alapuló becslésével (*Trus és Wilton*, 1988; *Meyer és mtsai*, 1993; *Núñez-Dominguez és mtsai*, 1993; *Van Vleck és mtsai*, 1996; *Ahunu és mtsai*, 1997; *Lee és mtsai*, 1997; *Dodenhoff és mtsai*, 1999; *Iwaisaki és mtsai*, 2005 stb.).

A világviszonylatban is egyik legelterjedtebb tenyésztési értékbecslési módszer a BLUP alapú BREEDPLAN, amelyet az ausztráliai New South Wales Mezőgazdasági Intézet és a New England Egyetem fejlesztette ki még 1984-ben. Ez egy olyan többfajtás

tenyésztértékbecslési modell (multibreed breeding value estimation, MBVE), amellyel egyidejűleg több tulajdonságcsoporthoz (pl. ellés lefolyása, 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*, 2017). A módszert 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.

Ezen kívül, több modellt is használtak a többfajtás tenyésztértékbecslés még pontosabb elvégzéséhez (pl. *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 tenyésztértékbecslés során a borjak közötti különbséget, a fajták közötti különbséget és a heterózis hatást egyaránt figyelembe veszi.

2.5.2. Egyedmodell alkalmazása

Henderson (1975) szerint az egyedmodell (animal model) a legpontosabb módszer, amely a genetikai varianciát képes különböző komponensekre felbontani rokonsági mátrixok alapján.

Az egyedmodell egy olyan vegyes modell, mely figyelembe vesz fix és véletlen hatásokat egyaránt. Ez a módszer az apamodelltől eltérően az apa adatai 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 Komlói (2000)* találó megállapítása szerint, a véletlen hatás tulajdonképpen maga az egyed és a hiba.

A tenyésztérbecslési modellek egyben becslik az adott tulajdonság öröklődhetőségét és egyéb populációgenetikai paramétereit is, amelyek a végső eredményt jelentősen befolyásolják. A választási tulajdonságok genetikai paramétereinek öröklődhetőségéről számos külföldi és hazai kutató számolt be az évek során.

Egyes szerzők szerint az anya állandó környezeti varianciájának az aránya a fenotípusban különböző nagyságrendű lehet. Ennek értékét *Núnez-Dominguez 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)* ugyanezt a hatást -hereford, limousin és charolais fajtákban végzett

vizsgálatokban- a választási súly esetében 30%, 18% és 21%-ra becsülték.

Az öröklődhetőség többnyire egy adott környezetben tartott állományra jellemző, ezért, tenyésztési programok kidolgozásakor az adott állományra, és környezetre kell a számításokat elvégezni. Az adott környezeten kívül egy tulajdonság öröklődhetőségét a genetikai variancia nagysága is befolyásolja. Ez számos tényzötől függ, mint például az apától, a rokonságtól, illetve 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 ismételen növekszik az egyed 600 napos koráig. Az anyai örökölhetőség tekintetében kimutatták, hogy ez 160 és 200 napos kor között a legnagyobb.

A hazai kutatók közül *Szabó* (1993) számos tulajdonság öröklődhetőségére vonatkozóan közöl adatokat. Az adott életkorra elért választási súly fontos értékmérő és szelekciós szempontnak tekinthető, ugyanis a tehén tejtermelésének, tehát a borjúnevelő képességének legjobb kifejezője (*Szabó*, 1993, 1998, 2005).

Tózsér és mtsai (1998) a limousin tehének szelekciós indexének számításához a két ellés közötti időt, a 205-napos súlyt és a küllemi

pontszámokat használták fel. Szintén *Tőzsér és mtsai* (2002) limousin állományokban a választási súly örökölhetőségét 0,14-nek, míg *Lengyel és mtsai* (2003) 0,22-nek találták.

Bene és mtsai (2006) magyar tarka borjak választási eredményeinek vizsgálata során arra a következtetésre jutottak, hogy az additív direkt genetikai hatásra kapott örökölhetőségi értéke ($h^2_d = 0,37 - 0,42$) közepes. Megállapították továbbá, hogy a vizsgált tulajdonságok anyai örökölhetősége 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.

Berry és mtsai (2016) néhány tulajdonság örökölhetőségét, ill. a hagyományos és a genomikai tenyészték megbízhatóságát vizsgálta. A vizsgálatban a választási súly örökölhetőségi értékét 0,25-nek találták. A kutatás eredményét bővebben a 2.6.1. fejezetben ismertetem.

2.6. Molekuláris genetikai vizsgálatok alkalmazása

2.6.1. Markerek felhasználása a szarvasmarha-tenyésztésben

A különféle molekuláris genetikai vizsgálatok, ill. a markerek felhasználása a szelekcióban egyre inkább terjed a húsmarhatenyésztésben is. A markerek olyan genetikai jelzők, melyek elősegítik egyedek, családok, populációk örökítőanyagának vizsgálatát. Kezdetben fenotípusos bélyegeket (testforma, szín) használtak erre a célra, majd pedig fehérje-polimorfizmusokat. A biokémiai markerek közül megkülönböztetünk kis molekulatömegű vegyületeket, makromolekulákat, szénhidrátokat, fehérjéket vagy DNS szakaszokat. Azon markereket, amelyek DNS és fehérje szintűek *Tanksley* (1983) molekuláris markereknek nevezte el.

A DNS-markerkutatásokban nagy előrelépést jelentett az ún. polimeráz láncreakció (PCR, Polymerase Chain Reaction) felfedezése (*Mullis és Faloona*, 1987). Ezzel a módszerrel a vizsgálni kívánt DNS-szakasz rövid idő alatt sokszorosítható és a kezdeti DNS-mennyiség a vizsgálathoz szükséges szintre szaporítható. A kiválasztott szekvencia (target) sokszorosítása szabályozott hőmérsékleten végrehajtott reakciók ciklusain keresztül történik. A polimeráz láncreakció három - egymást követő- lépésben valósul meg: a kétszálú DNS szétválása (92-96°C), a primerek feltapadása a templát komplementer helyeire (35-70°C) és a primerek növesztése a polimeráz enzim segítségével (72°C). A szétválás, feltapadás és növesztés együttesét ciklusnak nevezzük, melyek ismétlődése vezet el végül a DNS sokszorosításához.

A DNS-markerekkel szembeni legfontosabb elvárások a következők: mutassanak kellő polimorfizmust és kodomináns öröklődést, tipizálásuk eredménye legyen egyértelmű és megismételhető, valamint legyenek függetlenek a környezet hatásaitól, ill. az egyedfejlődés fázisaitól (*Bretting és Widrlechner, 1995; Kiss, 1999*).

Igazi áttörést ezen a területen a molekuláris genetikai markerek alkalmazása hozott, melyek a genom minden részén megtalálhatók (*Anton, 2000*). A genom különböző pontjait jelölő szekvenciák is markereknek tekinthetők, hiszen a térképezési vizsgálatok során a génekre markerként hivatkozunk (*Weaver és Hedrick, 2000*).

Általában minden olyan tulajdonság markernek tekinthető, amely felhasználható egy adott faj, populáció, ill. egyed jellemzésére szolgáló allél vagy bázissorrend azonosítására és nyomon követésére (*Fésüs és mtsai, 2000; Mátyás, 2002*).

A genetikai változatosságok jellemzője a genetikai polimorfizmus. A populáció egyedeiben különböző szekvenciájú DNS régiókat, lókuszokat polimorfnek nevezzük (*Pásztor és mtsai, 2013*). Amennyiben adott egyeden, adott lókuszon csak egy allél (kromoszóma változat) található, akkor monomorf lókuszról, több allél esetében pedig polimorf lókuszról beszélünk. Polimorfnek akkor tekintünk egy lókuszt, ha az adott egyednél a mutáció során létrejött allélok gyakorisága 1-5 %-nál magasabb (*Pásztor és mtsai, 2013*).

A DNS markerek több szempont szerint csoportosíthatók és vizsgálhatók. Egyedi és multilókuszok vizsgálatára leggyakrabban mikroszatelliteket (STR), polimeráz láncreakció-restríciós fragmenthossz polimorfizmust (PCR-RFLP), ill. valós idejű PCR-t (Real-time PCR, QPCR) használnak. Nagy számú lókusz alléljainak

egyidejű azonosítására általában szekvenálást, vagy chip technológiát használnak. Az egyik legkorszerűbb módszer, az új-generációs szekvenálás (New/Next Generation Sequencing, NGS) alkalmazásával több millió szekvenálást lehet végezni párhuzamosan (Anton, 2015).

Az említett módszereknek vannak előnyei és hátrányai, ezért a legalkalmasabb technika kiválasztása mindig nagy körültekintést igényel.

A DNS-markerek segítségével igen hatékony szelekció végezhető, a különféle megközelítések összefoglaló megjelölése a markerek segítségével végzett szelekció (marker assisted selection, MAS).

A hagyományos szelekció alkalmazásánál több nehézség adódhat, egyes tulajdonságok csak az egyik ivarban, esetleg csak bizonyos életkorban, költséges módszerekkel mérhetők. A genetikai markerek viszont bármely ivarban és életkorban meghatározhatók, akár a születést követően, azonnal (Anton, 2015).

A markerek szelektív felhasználásának alapját (*Marker Assisted Selection, MAS*) a genom kapcsoltsági térképei képezik. Számos jelentős eredmény született, elsősorban szarvasmarha és sertés esetén, de általános érvényű összefüggéseket eddig még nem találtak.

A kapott eredmények többnyire család-, vagy populáció-specifikusnak bizonyultak. Ez valószínűleg azzal magyarázható, hogy az ún. egygénis tulajdonságokkal szemben, itt több gén is „felelős” lehet egy adott termelési tulajdonság kialakításáért (Anton, 2015).

A genomiális szelekció (GS) elterjedése nem szorította háttérbe teljes egészében a MAS alkalmazását, ugyanis – egyes esetekben – újabb géntesztek kifejlesztése továbbra is hatékonyan segíti a tenyésztők munkáját. A GS sikere javarészt a genomikai tenyésztérbecslés

pontosságán múlik és ma már minden szakember számára elérhető. A módszer alkalmazása jelentős szaktudást, technikai felszereltséget és anyagi erőforrást igényel. A GS elterjedése az állattenyésztésben minden bizonnyal jelentős, nemzetközi szinten is érzékelhető átrendeződést fog eredményezni (*Anton, 2015*).

Berry és mtsai (2016) megvizsgálták néhány tulajdonság esetében az öröklődhetőségi értéket, ill. a hagyományos és a genomikai tenyészték megbízhatóságát (2. táblázat). Az ivadék-egyenérték a táblázatban azt jelzi, hogy hagyományos tenyésztékbecsléssel hány ivadék teljesítményére lenne szükség ahhoz, hogy ugyanakkora megbízhatóságot kapjunk, mint a genomikai tenyésztékbecslés során.

Az táblázat adatai alapján jól látható, hogy a genomikai tenyészték megbízhatósága minden esetben jelentősen meghaladta a hagyományos tenyészték megbízhatóságát. Emellett fontos kiemelni, hogy a hagyományos eljáráshoz jóval nagyobb egyedszám szükséges, másrészt pedig a genomikai becslés újszülött borjaknál is elvégezhető.

2. táblázat: Néhány tulajdonság öröklődhetősége, a hagyományos és a genomikai tenyészték megbízhatósága és az ivadékok egyenérték (Szabó és mtsai (2017) nyomán)

Tulajdonság	h ²	Megbízhatóság		Ivadék egyenérték
		Hagyományos TÉ	Genomikai TÉ	
Ellési nehézség, direkt	0,10	0,34	0,52	21,8
Ellési nehézség, anyai	0,04	0,34	0,52	56,2
Borjúelhullás, direkt	0,02	0,35	0,53	113,6
Vemhességi idő	0,40	0,28	0,49	4,6
Vérmérséklet	0,35	0,23	0,47	6,3
Választási súly	0,25	0,15	0,38	5,9
Első ellési életkor	0,31	0,21	0,46	6,3
Két ellés közti idő	0,02	0,16	0,44	95,7
Hasznos élettartam	0,02	0,14	0,43	139,5
Hasított test tömege	0,40	0,25	0,48	4,6
Hasított test izmolt-sága	0,32	0,21	0,46	6,1
Takarmányfelvétel	0,43	0,12	0,42	4,2

A genomikai tenyésztékbecslést jelenleg több, különböző algoritmusú modell (pl. BayesA, BayesB, Bayes C, BayesSSVS, GBLUP) segítségével végzik. Ezek többnyire különböző sűrűségű chipet és eltérő SNP eloszlást használnak az értékeléshez (Marle-Köster és mtsai, 2013).

2.6.2. Genomikai tenyésztéértékbecslés limousin fajtában

Franciaországban, a limousin hazájában az INGENOMIX cég (*Ingenomix, Internet*), mely jelenleg a France Limousin Sélection része, 2006 óta működik. Mintegy 10 éves adatgyűjtés után 4 éve folyamatosan vizsgál Európa szerte limousin tenyészbikákat és nőivarú egyedeket. Ehhez olyan referenciapopulációt használ, amelynek fenotípusos értékmérő tulajdonságai ismertek, valamint sajátteljesítmény adatai és ivadékvizsgálati eredményei is rendelkezésre állnak. Mindezen adatok alapján létrehozták az EVALim tesztet, mely analízis arra szolgál, hogy az állatok viszonylagos fiatal korában ki tudják válogatni a később ígéretesnek ígérkező egyedeket, mindazokat, amelyek jó termelést biztosítanak és kiemelkedő értékmérő tulajdonságokat kódolnak génjeikben.

A teszt alapja a Bovine SNP50 BeadChip, amely 53714 SNP-t tipizál és a genom teljes területét lefedi (*Illumina, internet*). A tipizálási eredmények (SNP-genotípusok) alapján minden állatot külön pontoznak.

A genomikai pontok, amelyek kizárólag az állat DNS információi alapján képződnek 1 és 10 között mozognak. 12 tulajdonságot vesznek figyelembe; az ellés lefolyását (IFNAIS), a növekedési erélyt (CR), a ráját (SD), az izmoltságot (MD), a csontfinomságot (FOS), a tejtermelő képességet (ALAIT), a medence belső átmérőjét (OP), az utódok várható ellésének lefolyását (AVEL), és 4 tőgymorfológiai tulajdonságot. Minden tulajdonságra nézve a referenciapopuláció 10 részre van osztva teljesítményük alapján. A beküldött minták

analizálása során azt állapítják meg, hogy az adott állat a kapott DNS információk alapján egy-egy tulajdonságra nézve a referenciapopuláció mely részéhez tartozik, pl. a legjobb, vagy a legrosszabb 10%-hoz. Így adják a pontokat az egyes tulajdonságokra, amellyel tehát egy becslést adnak DNS információk alapján az értékmérők későbbi fenotípusos megjelenéséről. A 10 pont mindig a legjobb 10%-os sávot jelenti, míg az 1 pont a legrosszabbat. Ezen belül megkülönböztetnek 10+ és 10++ genomikai pontot is. Míg az előbbi a populáció legjobb 5%-ához tartozik, addig a 10++ a legjobb 1%-ot jelenti az adott tulajdonságra nézve (*Ingenomix, Internet*).

Az utóbbi években az INGENOMIX cég és a MIDATEST összehangolt működése lehetővé tette, hogy a genomikai pontok (EVALIM) és az ivadékvizsgálati adatok (IBOVAL) összehasonlíthatók legyenek. Így a mintázott fiatal állatok teljesítménye fiatal korban közzétehető. Ezeket az értékeket az Állattenyésztési Intézet (Institut de l'Élevage) gyűjti össze és teszi közzé évente kétszer.

Az SNP eredményeket Franciaországban tartott egyedeknél származásellenőrzésre is használják, emellett egyes -tenyésztési vagy gazdasági szempontból nagy jelentőséggel bíró- gén genotípusának (génváltozatának) ismerete a szelekciós munkában is fontos lehet. Ilyen például a dupla izmoltságért felelős, ill. a szarvatlanságot eredményező gén (*Grobet és mtsai, 1997; Prayaga, 2007*).

SNP eredmények alapján, esetleg külön géntesztek segítségével néhány genetikai rendellenesség is kiszűrhető, akár az állat megszületését követően, amely jelentős megtakarítást jelenthet a tenyésztőknek (*Fésüs és mtsai, 2000; Anton, 2015*).

Jelenleg még nem megoldott a hazánkban tenyésztett limousin fajtában saját referenciapopuláció kialakítása, ezért mindenképpen nemzetközi együttműködésre van szükségünk. Amennyiben a referenciapopulációtól genetikailag és tartási körülmények alapján számottevően különböző állatok genomikai tenyészértékét szeretnénk becsülni, akkor a becslés megbízhatósága jelentősen csökken. Emiatt a jövőben mindenképpen arra kell törekednünk, hogy a holstein-fríz, a magyar tarka és a charolais fajta hazai gyakorlatához hasonlóan a hazai limousin populáció fenotípusos teljesítmény adatai is bekerüljenek a nemzetközi, vagy a francia referencia-adatbázisba, és a becslés a hazai genom-fenotípus összefüggés alapján történjen.

2.6.3. Populációgenetikai vizsgálatok alkalmazásának lehetősége a szarvasmarha-tenyésztésben

Populációgenetikai vizsgálatokat alkalmazhatunk a húsmarhatenyésztésben is egyes részpopulációk egymáshoz viszonyított elhelyezkedésének, genetikai távolságának megállapítására, ill. a beltenyésztettség mértékének elemzésére.

Sváb (1971) a populációgenetikát a kvalitatív és kvantitatív tulajdonságok öröklési szabályait elemző és leíró tudományágként határozza meg, amelyet a mendeli genetika továbbfejlesztésének tekint.

Horn (1971) szerint a populációgenetika szorosabb értelemben véve a populációk genetikájával foglalkozik és azt a fejlődést elemzi, amely a populációkban végbemegy. A populációgenetika elsősorban a genetikai változások okát, mechanizmusát vizsgálja. Egy adott

populáción belül történő változások kimutatására, elsősorban az allélgyakoriság változását vizsgálja.

A Hardy-Weinberg törvény szerint egy ideális populációban a szülők és utódaik allélgyakorisága azonos, az adott populáció tagjai véletlenszerűen párosodnak. Egy populáció a gyakorlatban azonban nem ideális, hanem attól eltérő. A genetikai variabilitást együttesen befolyásolhatja a genetikai sodródás, mutáció, migráció, szelekció, amely lehet mesterséges és természetes, valamint a különböző rendszerek párosítása (*Hartl és Clark, 1989*). A genetikai sodródás (drift) leginkább kis létszámú populációkra jellemző. Az allélgyakoriságok változását véletlenszerű események befolyásolják. Egyes gének esetében homozigóta állapotban történő fixálódást, más géneknél viszont teljes kiküszöbölést jelenthet. Migráció esetében beszélhetünk immigrációról, amikor egy adott populációba „bevándorol” egy gén, illetve emigrációról, amikor elvándorolnak a gének. Immigráció esetén tehát különböző importált tenyészállatokkal történik a párosítás, emigráció, amikor tenyészállatokat exportálunk. A mutációval létrejött allélok elterjedése hosszú távú folyamat lehet, azonban a mutációk folyamatosan bekövetkeznek a populációkban. Ezáltal a DNS bázissorrendjének akár örökletes megváltozása is bekövetkezhet. A szelekció és a párosítás genetikai lehetőséget jelentenek a tenyésztési cél elérése érdekében (*Dohy, 1979*).

A DNS-markerek rendkívül nagy számuk és az egyes lókuszek kifejezettebb polimorfizmusa miatt hatékonyan alkalmazhatók az állattenyésztés számos területén. Ez lehet populációk genetikai szerkezetének vizsgálata, populációk beltenyésztettségének becslése, őshonos (génrezerv) állományok fenntartása, származás-ellenőrzés,

állományok és fajták közötti genetikai távolság becslése, vagy akár állateltulajdonítási ügyek tisztázása.

Munkám során egyrészt, a hazai limousin állományokban a borjak választási súlyának öröklődhetőségét elemeztem különböző modellekkel, eltérő (fajtatiszta, ill. keresztezett) adatbázison vizsgálva, másrészt a részpopulációk közötti kapcsolatot vizsgáltam mikroszatellit (Short Tandem Repeat, STR, Simple Sequence Repeat, SSR) markerkészlet segítségével. Ez a markertípus nagyfokú polimorfizmust mutat (*Litt és Luty, 1989*) és kiválóan alkalmas populációk genetikai szerkezetének vizsgálatára, ill. állományok közötti genetikai távolság becslésére (*Bhargava és Fuentes, 2010; Guichoux és mtsai, 2011*). Meghatározásuk annak a néhány bázispár ismétlődésének számbeli változékonyságán alapul, amelyek két specifikus szekvenciárészlet között helyezkednek el. Vizsgálatuk – a PCR-t követően – leggyakrabban fluoreszcens kapilláris gélelektroforézissel (pl. automatikus fragmenthossz-analízisre alkalmas készülékekkel) történik (*Anton, 2015*).

A mikroszatelliteket gyakran használják helyi állományok eredetének és genetikai szerkezetének vizsgálatában, például Kínában (*Mao és mtsai, 2007*), Ománban (*Mahgoub és mtsai, 2013*) vagy Koreában (*Seo és mtsai, 2017*). Ez a markertípus jól használható fajtán belüli populációgenetikai vizsgálatokban is (*Zsolnai és mtsai, 2014*), meghatározható a populációk egymáshoz viszonyított elhelyezkedése, vagy kijelölhetők a – tenyésztési szempontból – különleges figyelmet igénylő állományok (pl. beltenyésztettség esetén).

Tekintettel arra, hogy szarvasmarha fajban a markereken alapuló populációgenetikai vizsgálatok – nemzetközi szinten is – viszonylag

ritkák (*Radko és mtsai, 2008; Amigues és mtsai, 2011*), hazánkban pedig, szürkemarha (*Zsolnai és mtsai, 2020*) kivételével, nem végeztek ilyen vizsgálatokat, mindenképpen indokoltnak tartottam a limousin állományunk pontos felmérését.

3. A VIZSGÁLAT CÉLJA

Az előző fejezetben, az irodalmi áttekintésben szereplő forrásmunkák alapján megállapítható, hogy meglehetősen ellentmondásos a húshasznosítású borjak választási súlyán alapuló variancia komponenseinek, öröklődhetőségi értékeinek és más genetikai paramétereinek nagymértékű változatosságára vonatkozó magyarázat. Ha további vizsgálatokat végzünk és közelebb kerülünk e különbségek okához, eredményesebben tudjuk kiválasztani a legcélszerűbb tenyésztéskbecslési módszert.

A forrásmunkák alapján ugyancsak megállapítható, hogy nemcsak a hazai, de a külföldi irodalom is hiányos a tekintetben, hogy a limousin borjak 205-napos választási súlya alapján, mely tenyésztéskbecslési módszer adhatja a – genetikai előrehaladással is igazolható – legmegbízhatóbb módszert. Ennek tisztázásához elengedhetetlen, hogy a rendelkezésre álló tenyésztéskbecslési módszereket összehasonlítsuk és azok eredményét később összevessük az ivadékok teljesítmény adataival.

Az említettek miatt az is fontos, hogy vizsgáljuk a limousin borjak választási súlyában megnyilvánuló fenotípusos, és különböző modellekkel becsült genetikai trendeket.

Az egyes limousin részpopulációk genetikai differenciálódása e tekintetben számos teljesítménybeli, tenyésztéskbeli különbséget megmagyarázhat. Emiatt, a mikroszatellit markerek alapján történő populációgenetikai vizsgálatok elvégzése – az állélgazdagság értékeire, egyéni allélok előfordulására, a genetikai variabilitásra és a

beltenyésztettségre vonatkozóan – rendkívül fontosnak tekinthető a fajta tenyésztési stratégiájának meghatározása és fejlesztése szempontjából.

A vázoltak alapján PhD munkám során végzett kutatásaim célját a következőképpen fogalmaztam meg:

1. Munkám célja volt, hogy értékeljem, hogyan alakulnak a hazai limousin állományok borjainál a választási súly genetikai paraméterei, elsősorban e tulajdonság öröklődhetősége különböző modellekkel, eltérő (fajtatiszta, ill. keresztezett) adatbázison vizsgálva.
2. Cél volt továbbá az apa- és egyedmodellek összehasonlítása tényleges adatok alapján, ill. a modellek által becsült variancia-komponensek és genetikai paraméterek értelmezése.
3. További céлом volt a tenyész bikák tenyészértékének becslése különböző modellekkel (BLUP apa- és egyedmodell), eltérő genotípusú (fajtatiszta, keresztezett, vegyes genotípus) rokoni (oldalági rokon, ivadék) adatbázison. Kíváncsi voltam a különböző becslések eredményeinek hasonlóságára, illetve különbségére.
4. Szerettem volna választ kapni arra a kérdésre is, hogy az apák fajtatiszta és keresztezési tenyészértéke mennyiben különbözik egymástól, ill. a tenyész bikák eltérő BLUP modellekkel felállított rangsora hogyan viszonyul egymáshoz.

5. Össze kívántam hasonlítani továbbá a limousin tenyészbikák rangsorát direkt, illetve anyai tenyészértékük alapján. Fontosnak tekintettem azt az információt, hogy milyen a kapcsolat a kétféle tenyészérték között.
6. Vizsgálni szándékoztam a limousin borjak 205-napos súlyának tényleges, mért értékei alapján meghatározható fenotípusos-, és a különböző tenyészértékbecslési módszerekkel becsült tenyészértékek alapján megrajzolt genetikai trendjét.
7. Tekintettel arra, hogy a hazai szarvasmarha fajtákban, a szürkemarkarha kivételével, nem végezték el az állományok genetikai markereken alapuló populációgenetikai felmérését, mindenképpen indokoltnak tartottam a limousin állományunk – ilyen szempontból történő – vizsgálatát is. Fontosnak tartottam továbbá az egyes részpopulációk egymáshoz viszonyított elhelyezkedésének, genetikai távolságának megállapítását, ill. a beltenyésztettség mértékének elemzését.

4. ANYAG ÉS MÓDSZER

4.1. Populációgenetikai paraméterek és a tenyészték becslése

4.1.1. Apa- és egyedmodellel végzett direkt tenyészték becslése

E területen végzett munkám **első részében** a Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesületének a borjak választási eredményére vonatkozó, pedigri információkat is tartalmazó adatbázisát használtam. A vizsgált populációban mind fajtatiszta, mind keresztezett állományok előfordultak.

A kiindulási adatbázisok szerkezete, valamint néhány kiindulási paramétere a 3. táblázatban látható.

3. táblázat: A direkt tenyészték apa-és egyedmodellel, a 205-napos választási súly alapján történő becslése során használt kiindulási adatbázisok szerkezete

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

A feldolgozott törzskönyvi adatbázisban 13 613 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 = 9 233) kizárólag a fajtatiszta limousin, a második adatbázis (adatbázis 2., N = 4 380) tartalmazta a keresztezett borjak adatait, melyek apai ágról limousin származásúak voltak. Ez az adatbázis tehát „vegyes” genotípusú volt. A keresztezett borjak anyai származását tekintve elsősorban magyar tarka, de a limousin kivételével kisebb létszámban bármilyen fajtájúak, vagy akár keresztezett genotípusúak is lehettek. A vizsgálatba vont 13 613 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 (4. táblázat).

4. táblázat: A direkt tenyészték apa-és egyedmodellel történő becslésében résztvevő limousin apák

Megnevezés	Létszám
A vizsgálatba vont apák száma összesen	110
- ezek ivadékainak a száma	13613
Egy apára jutó ivadékok száma átlagosan	123,7
Egy apára jutó ivadékok száma minimum	15
Csak fajtatiszta ivadékokkal rendelkező apák száma	21
- ezek ivadékainak a száma	719
Fajtatiszta és keresztezett ivadékokkal is rendelkező apák száma	85
- ezek ivadékainak a száma	12804
- ebből fajtatiszta	8514
- ebből keresztezett	4290
Csak keresztezett ivadékokkal rendelkező apák száma	4
- ezek ivadékainak a száma	93

Az értékelésbe, vagyis a kiindulási adatbázisba csak olyan apák kerültek be, 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 13613 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 áruterelő keresztezések következtében létrejött genotípus-struktúra meglehetősen sokszínű, sok átfedést és rokoni kapcsolatot tartalmazó volt. Munkánk során az előzőekben bemutatott adatbázisokat különböző BLUP modellekkel (*Henderson, 1975*) értékeltük ki. Vizsgálataink során négy különböző modellt állítottunk össze, majd az ezekkel kapott eredményeket egymással összehasonlítottuk. A négy modell közül kettő apamodell, kettő pedig egyedmodell volt (*Szőke és Komlósi, 2000*). Mind az apamodellt, mind pedig az egyedmodellt a fajtatizta és keresztezett 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 az 5. táblázatban mutatom be.

5. táblázat: A direkt tenyészték apa-és egyedmodellel történt becslése során alkalmazott modellek

Modell száma	Modell 1	Modell 2	Modell 3	Modell 4
Modell típusa	Apa-modell	Apa-modell	Egyed-modell	Egyed-modell
A populáció genotípusa	Fajtatiszta	Vegyes genotípusú	Fajtatiszta	Vegyes genotípusú
Random hatások				
- apa	+	+	+	+
- egyed	-	-	+	+
- anya	-	-	+	+
Fix hatások				
- borjú genotípusa	-	+	-	+
- tenyészet	+	+	+	+
- anya ellésszáma	+	+	+	+
- születési évjárat	+	+	+	+
- születési évszak	+	+	+	+
- borjú ivara	+	+	+	+
Egyéb hatások				
- anyai genetikai hatás	-	-	+	+
- anya állandó körny. hatása	-	-	+	+
Kovariáns (választási kor)	+	+	+	+
Vizsgált tulajdonság (választási súly)	+	+	+	+

+ = a modell ezt a hatást tartalmazza; - = a modell ezt a hatást nem tartalmazza

A jobb érthetőség, valamint a könnyebb áttekinthetőség érdekében a munka során elvégzett számításokat (a hat futtatást) a 6. táblázatban foglaltam össze.

6. táblázat: A direkt tenyészték apa-és egyedmodellel történő becslése során alkalmazott modellek, ill. futtatások száma és tartalma

Futtatás sorszáma	Alkalmazott modell			Értékelésbe vont borjak		Falhasznált adatbázis száma
				Fajtatiszta	Keresztezett	
	Apa	Egyed	Száma			
1.	+		modell 1	+		1.
2.	+		modell 1			2.
3.	+		modell 2		+	3.
4.		+	modell 3	+		1.
5.		+	modell 3			2.
6.		+	modell 4		+	3.

4.1.1.1. Apamodellekkel végzett becslés

Az apamodelleknél tulajdonképpen apai féltestvércsoportok varianciaanalízisét végezzük, azaz a teljes varianciát apai féltestvércsoportokon belüli, ill. azok közötti varianciára választjuk szét. Apamodellben az apa véletlen hatásként szerepel (*Henderson, 1975*), *Lengyel és mtsai, 2004*).

A számításaink során használt két különböző apamodell számos hatást tartalmazott. Az első apamodellt (modell 1) kizárólag a fajtatiszta adatbázisokon (adatbázis 1.) 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 *Tózsér és mtsai (1996)* eredményei alapján fix hatásként vettük figyelembe. A munka során a választási életkort, mint kovariánst is a

modellbe építettük. A második apamodell (modell 2) - melyet kizárólag a vegyes genotípusú adatbázison (adatbázis 2.) futtattunk - felírása során a többfajtás tenyésztérbecslés irányelveit vettük figyelembe. A két apamodell csupán annyiban 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:

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

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

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

A munka során mindkét apamodellel két varianciakomponenst becsültünk. Ezek a genetikai variancia (ivadékcsoportok közötti variancia; V_g), valamint a környezeti variancia (ivadékcsoporton belüli variancia; V_k) voltak. Az apamodellel becsült genetikai varianciát (V_g) a következő képlet segítségével számítottuk ki: $V_g = (MS_{apa} - MSE) / k_1$ (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 ($V_g = V_{ga} \times 4$) 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 tenyésztékét megbecsültük a választási súly tulajdonságra. A tenyésztékét az apa ivadékcsoportjának átlagos teljesítménye, valamint a teljes populáció átlagos teljesítményének a különbségeként határoztuk meg. Minden apa esetén két tenyésztékét számítottunk. Egyet a fajtatiszta, egyet pedig a keresztezett populációban. Ennek eredményeit táblázatos formában csak a 20 legtöbb ivadékkal rendelkező apa esetén mutatjuk be. A két különböző apamoddellel becsült tenyésztékek ismeretében az apák rangsorait is meghatároztuk a vizsgált tulajdonságban. Az apamodell futtatását *Harvey* (1990) „Least Square Maximum Likelihood” eljárása szerint, „Harvey” programmal végeztük.

4.1.1.2. Egyedmodellekkel végzett becslés

Az előzőekhez hasonlóan, a becsléseink során használt két egyedmodellbe is számos hatást építettünk. Az apamodellekhez hasonlóan ezek is csak abban különböztek egymástól, hogy az egyiket (modell 3) kizárólag a fajtatizta adatbázisokon futtattuk és nem tartalmazta a borjak genotípusát, a másikat (modell 4) pedig kizárólag a keresztezett genotípusú adatbázis esetében használtuk, a borjak genotípusát pedig – *Splan és mtsai* (2002) vizsgálatához hasonlóan – fix hatásként beleépítettük. Ezen kívül a modellek teljesen azonosak voltak, mindkettő egyformán tartalmazta a pedigrére vonatkozó random hatásokat (a rokonsági mátrixban az apákra, anyákra és a nagyszülőkre vonatkozó adatok szerepeltek), az 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 *Henderson* (1975), majd hazánkban *Bene* (2007) is részletesen ismertette. Az egyik egyedmodell tehát a „hagyományos” elveken alapult, a másikon pedig a „többfajtás” tenyésztérbecslés (*Van Vleck és mtsai*, 1992; *Núnez-Dominguez és mtsai*, 1995; *Roso és mtsai*, 2005 stb.) irányelveit érvényesítettük. Az egyedmodellel történő becslés során a következő variancia és kovariancia komponenseket, valamint populációgenetikai paramétereket határoztuk meg: additív direkt genetikai variancia (σ^2_d); anyai genetikai variancia (σ^2_m); direkt-anyai genetikai kovariancia (σ_{dm}); anyai állandó környezeti hatás (σ^2_{pe}); hiba variancia (σ^2_e); fenotípusos variancia (σ^2_p); direkt öröklődhetőség (h^2_d); anyai öröklődhetőség (h^2_m); teljes öröklődhetőség (h^2_T); 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 ismertett 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); $m = a$ anyai genetikai hatás vektora; $p_e = a$ anyai állandó környezeti hatásának vektora; $e = a$ hiba vektor; $X = a$ fix hatások előfordulási mátrixa; $Z = a$ véletlen hatások előfordulási mátrixa; $W = a$ anyai genetikai hatás előfordulási mátrixa; $S = a$ anyai állandó környezeti hatásának előfordulási mátrixa):

Modell 3: $y = X_{b1} + Z_u + W_m + S_{p_e} + e$

Modell 4: $y = X_{b2} + Z_u + W_m + S_{p_e} + e$

A vizsgálatban szereplő összes apa tenyésztékét egyedmodellel is megbecsültük a választási súly tulajdonság esetén. Az ide vonatkozó irányelvek megegyeztek az apamodellnél leírtakkal, így azt itt nem ismételjük. Az egyedmodell esetén a populációgenetikai paramétereket és a tenyésztékeket - *Lengyel és mtsai* (2004), valamint *Lengyel* (2005) iránymutatása alapján - a DFREML (Derivative Free Restricted Maximum Likelihood) (*Meyer*, 1998) és az MTDFREML (Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood) (*Boldman és mtsai*, 1993) programokkal becsültük.

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

4.1.2. Egyedmodellel végzett direkt- és anyai tenyésztési érték becslése

A tenyésztési értékbecslés alapján végzett munkám **második részében** csak fajtatizta limousin és limousin x magyar tarka keresztezett tehenektől származó borjak adatait értékeltem, bevonva az előző vizsgálat óta a lehetséges utolsó időpontig (2019. év végéig) adatbázisba kerülő egyedeket is.

Az adatok struktúráját a 7. táblázat tartalmazza.

7. táblázat: Az egyedmodellel végzett direkt- és anyai tenyészték becslése során vizsgált adatbázisok szerkezete

Felhasznált adatbázis	Adatbázis 1 (Fajtatiszta)	Adatbázis 2 (Keresztezett)
A vizsgálat időtartama, a borjak születési ideje	1992-2019	1992-2014
A vizsgálatba vont tenyészetek száma	44	23
A tehenek elléskori életkora (év)	2-16	2-16
A tehenek genotípusa	LIM	MT MT x LIM (F ₁ ; R ₁ ; R ₂)
A bikák genotípusa	LIM	LIM
A vizsgálatba vont bikák száma	240	98
A borjak genotípusa	LIM	MT x LIM (F ₁ ; R ₁ ; R ₂)
A vizsgálatba vont borjak száma	15437	4327
Egy apára jutó ivadékok száma átlagosan	64,3	44,2
Választási életkor (nap)		
- Átlag ± szórás	219,1±46,3	218,6±54,0
- Intervallum (Range)	100-365	100-365
Választási súly (kg)		
- Átlag ± szórás	223,5±48,1	216,8±43,7
- Intervallum (Range)	120-400	120-400

LIM = limousin; MT = magyartarka

Amint a táblázat adatai mutatják, e vizsgálatban 44 fajtatiszta limousin és 23 limousin x magyar tarka keresztezett tenyészet szerepelt, 240, illetve 98 limousin tenyészbikával, és 15437, valamint 4327 borjúval. Mivel az előző vizsgálatban az apamodellel végzett becslések a fajtatiszta és keresztezett állomány között nem mutattak érdemi különbséget, e vizsgálatban csak egyedmodellel alkalmaztam (8. táblázat).

Az egyedmodell formulája megegyezett az előzőekben ismertettekkel, különbség csupán az adatbázisban volt. E vizsgálatban két adatbázist képeztünk. Az 1. adatbázis fajtatiszta limousin állományból származó adatok, amíg a 2. adatbázist limousin x magyar tarka keresztezett tehének és borjaik képezték. Termékenyítésre mindkét populációban limousin tenyészbikákat használtak.

Az előző vizsgálatban a már említett részletek alapján a tenyészbikáknak csak a direkt tenyészértékét becsültük. E vizsgálatban, mivel a kibővített adatbázis lehetővé tette, becsültük a tenyészbikák anyai tenyészértékét is. Az anyai tenyészérték ez esetben a tenyészbika leányivadék-csoportjai közti genetikai különbséget mutatja borjaik (azaz a tenyészbika unokái) választási súlykülönbsége alapján.

Az értékelés egyéb részletei megegyeznek a vizsgálat első részében ismertettekkel.

8. táblázat: Az egyedmodellel végzett direkt- és anyai tenyészték becslése során alkalmazott modellek

A modell típusa és száma	BLUP egyedmodell	
	M1	M2
Felhasznált adatbázis	Adatbázis 1. (Fajtatiszta)	Adatbázis 2. (Keresztezett)
Módszer	Hagyományos tenyésztékbecslés (BVE)	Fajták közötti tenyésztékbecslés (ABBVE)
Borjak genotípusa az adatbázisban	LIM	MT x LIM, (F ₁ ; R ₁ ; R ₂)
Véletlen hatások		
- apa	+	+
- egyed (borjú)	+	+
- anya (tehén)	+	+
Fix hatások		
- borjú genotípusa	-	+
- tenyészet	+	+
- anya elléskori életkora	+	+
- borjú születési éve	+	+
- borjú születési évszaka	+	+
- borjú ivara	+	+
Egyéb hatások		
- anyai genetikai hatás	+	+
- anyai állandó környezeti hatás	+	+
Vizsgált tulajdonság		
- választási súly	+	+
Kovariáns		
- választási életkor	+	+

LIM = limousin; MT = Magyartarka; + = a modell ezt a hatást tartalmazta; - = a modell ezt a hatást nem tartalmazta; BVE = breeding value estimation; ABBVE = Across breed breeding value estimation

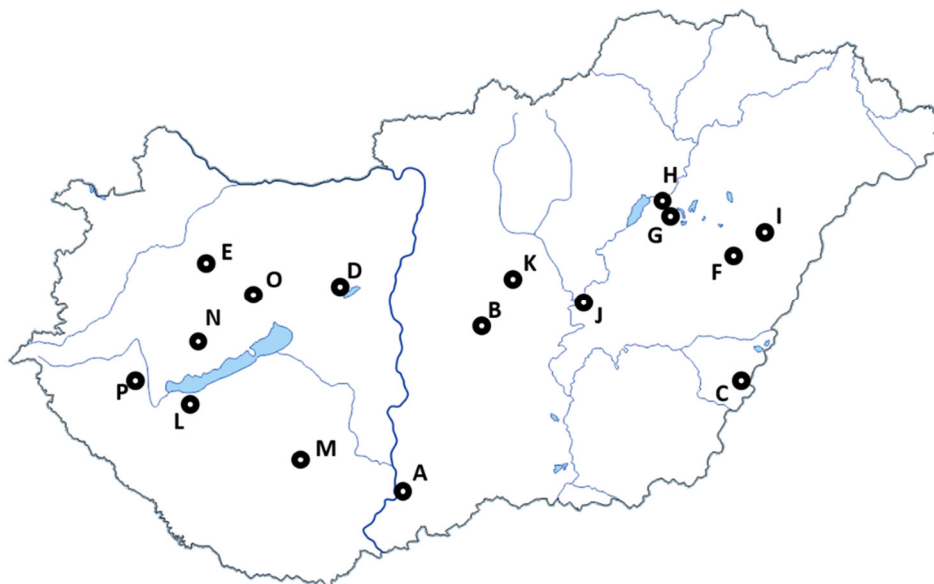
- E téren végzett munkánk **harmadik részében** vizsgáltuk a hazai limousin állományban a borjak 205-napos választási súly tulajdonságban megmutatkozó fenotípusos és genetikai trendeket külön fajtatizta és külön keresztezett állományban.
- A fenotípusos trendet úgy értékeltük, hogy genetikai csoportonként (fajtatizta és keresztezett) évente átlagoltuk valamennyi borjú 205-napos súlyát.
- A genetikai trend értékelését kétféleképpen végeztük el. Az egyik módszer szerint genetikai csoportonként (fajtatizta, ill. keresztezett) évente átlagoltuk a vizsgált tenyészbikák tenyészértékét.
- A másik módszer szerint, valamennyi egyed (amelytől elfogadható létszámú rokon teljesítmény állt rendelkezésre) tenyészértékét meghatároztuk, és évek szerint átlagoltuk.

4.2. DNS alapú populációgenetikai vizsgálatok

A vizsgálatban 16 hazai limousin állományból származó 3443 egyed (1520 bika és 1924 tehén) vett részt. A tenyészetek elhelyezkedésére, az állomány összetételére, ill. az eredmények kiértékelésére vonatkozó adatok a hazai Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete adatbázisából származnak. A vérminták begyűjtésére a rutinvizsgálatnak számító származásellenőrzések alkalmával került sor. A vérminták -20°C -on történő tárolását és vizsgálatát a NÉBIH laboratóriuma végezte. A DNS kivonását a vérmintákból QIAamp DNA Mini Kit

(QIAGEN, Hilden, Germany) segítségével végezték. A vizsgálatban részt vevő tenyészetek az 1. ábrán láthatók.

1. ábra: A vizsgálatban szereplő 16 limousin tenyészet földrajzi elhelyezkedése



A vizsgálatban alkalmazott 18 mikroszatellit marker használatát a Nemzetközi Állatgenetikai Társaság (International Society of Animal Genetics, ISAG) javasolja szarvasmarha származásellenőrzési vizsgálatokhoz és az akkreditált nemzetközi laboratóriumok eredményeinek összehasonlításához. Ezek a markerek a következők: BM1818, BM1824, BM2113, CSRM60, CSSM66, ETH10, ETH225, ETH3, ILSTS006, INRA23, MGTG4B, RM067, SPS113, SPS115, TGLA 122, TGLA126, TGLA227 és TGLA53.

A DNS minták felszaporítását ABI 9700 PCR készülékkel végezték (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) a NÉBIH állatgenetikai laboratóriumában. A polimeráz láncreakció beállítására a Bovine Genotypes Panel 1.1 (Finnzyme Diagnostics, Keilaranta, Finland) által javasolt reakciókörülmények vezettek eredményre. A DNS fragmentumok hosszának meghatározását ABI 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA) készülékkel végezték, a gyártó javaslatainak megfelelően.

A tipizálás kiértékeléséhez a gyártó GeneScan és Genotyper (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) szoftverét használják. A GeneScan a kapilláris elektroforézis által regisztrált nyers adatokból határozta meg a detektált DNS fragmentumok hosszát a futtatás során alkalmazott ismert hossz-sztenderdhez viszonyítva. A Genotyper szoftver pedig a detektált fragmentumok hosszát rendeli hozzá a definiált allélokhoz.

4.2.1. A populációgenetikai vizsgálatban alkalmazott statisztikai módszerek

A Hardy-Weinberg egyensúly vizsgálatát és a populáció differenciálódására vonatkozó elemzést a Genepop 4.2.1 (*Rousset, 2008*), FSTAT 2.9.3.2 (*Goudet, 1995*) és Arlequine (*Excoffier és mtsai, 1995*) szoftvekkel végeztem. A Hardy-Weinberg teszt P értékének meghatározását minden lókusznál és minden gulya esetében elvégeztem. A null allélok vizsgálatát minden lókusznál Genepop és Micro-Checker (version 2.2.3) szoftverrel végeztem (*Van Oosterhout, 2004*). A heterozigotitás várt (expected heterozygosity, H_e) és valós

(observed heterozygosity, H_o) értékeit, a beltenyésztettségi együtthatót (inbreeding coefficient, F_{is}) és a genetikai távolságot (genetic distance, F_{st}) a Genalex 6.5 (Peakall, 2006) szoftverrel határoztam meg. Az adatok ellenőrzésére FSTAT és Genepop szoftvert használtam. Az állatok csoportokba (cluster, K) sorolásához a Structure programot (Evanno-féle szimulációs módszert, Evanno és mtsai, 2005), ill. a BAPS 6.0 szoftvert használtam (Corander, 2003). Az állatok allélfrekvencia-értékei és a mikroszatellit markerek adatai alapján, Genalex 6.5 szoftver segítségével, főkomponens-analízist (Principal Component Analysis, PCA) végeztem, amely egy többváltozós statisztikai módszer és az adatredukciós eljárások közé tartozik. A Nei-féle genetikai távolságok meghatározását Poptree szoftverrel (Takezaki és mtsai, 2010) végeztem. Az egyedek csoportokba sorolását a Genalex és GeneClass 2.0 szoftverrel (Piry és mtsai, 2004) végeztem a Bayesi módszer alapján (Rannala és Mountain, 1997; Paetkau és mtsai, 2004).

5. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

5.1. A választási súly populációgenetikai paraméterei

A direkt tenyészték apa- és egyedmodellel, az **első adatbázison** végzett becslése során kapott populációgenetikai paramétereket a 9. táblázatban ismertetem. A direkt- és anyai tenyészték egyedmodellel, a **második adatbázison** végzett becslése során kapottakat pedig a 10. táblázat foglalja össze.

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 apamoddellel (modell 1 és modell 2) becsült populációgenetikai paraméterek között túlságosan nagy különbségeket nem találtunk. Ezzel szemben a két egyedmodell (modell 3 és modell 4) közötti különbség számottevőnek bizonyult, mind a fajtatiszta limousin ($h^2=0,28\pm0,05$), mind a keresztezett genotípusú populációban ($h^2= 0,57\pm0,06$) 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 apamoddellel. 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 (2003), valamint Lengyel (2004) apamoddellel és egyedmoddellel határozott meg.

9. táblázat: A direkt tenyészték apa- és egyedmoddellel történő becslése során kapott – 205-napos választási súlyra vonatkozó - populációgenetikai paraméterek

Para- méter	Apamodell			Egyedmodell		
	Modell 1		Modell 2	Modell 3		Modell 4
	Fajtatiszta		Keresz- teztett	Fajtatiszta		Keresz- teztett
	F1	F2	F3	F4	F5	F6
σ^2_d	200,24	494,08	423,78	243,21	662,14	603,60
σ^2_m	-	-	-	113,09	339,06	249,92
σ_{dm}	-	-	-	-105,43	-366,10	-310,76
σ^2_{pe}	-	-	-	83,80	54,25	69,28
σ^2_e	795,42	911,02	899,51	531,26	412,40	454,20
σ^2_p	995,66	1405,10	1323,29	865,93	1101,75	1066,24
h^2_d	0,20±0,03	0,35±0,09	0,32±0,04	0,28±0,05	0,60±0,14	0,57±0,06
h^2_m	-	-	-	0,13±0,04	0,31±0,07	0,23±0,03
r_{dm}	-	-	-	-0,64±0,09	-0,77±0,07	-0,80±0,03
c^2	-	-	-	0,10±0,02	0,05±0,03	0,07±0,01
e^2	-	-	-	0,61±0,04	0,37±0,10	0,43±0,04
$h^2_m+c^2$	-	-	-	0,23	0,36	0,30
h^2_T	0,20	0,35	0,32	0,16	0,26	0,25

F = futtatás sorszáma, σ^2_d = direkt additív genetikai variancia, σ^2_m = anyai genetikai variancia σ_{dm} = direkt-anyai kovariancia, σ^2_{pe} = anyai állandó környezeti variancia; σ^2_e = hiba (egyéb környezeti) variancia, σ^2_p = fenotípusos variancia; h^2_d = direkt öröklődhetőség; h^2_m = anyai öröklődhetőség, r_{dm} = direkt-anyai genetikai korreláció, c^2 = állandó

környezeti variancia aránya a fenotípusban; e^2 = a hiba variancia aránya a fenotípusban; h^2_T = teljes öröklődhetőség

10. táblázat: A direkt- és anyai tenyészték egyedmodellel végzett becslése során kapott - 205-napos súlyra vonatkozó - populációgenetikai paraméterek

Paraméterek	Választási súly	
	Fajtatiszta állományban	Keresztezett állományban
direkt additív genetikai variancia (σ^2_d)	651,39	580,06
anyai genetikai variancia (σ^2_m)	305,78	270,60
direkt-anyai kovariancia (σ_{dm})	-359,21	-382,30
anyai állandó környezeti variancia (σ^2_{pe})	88,30	104,83
hiba variancia (σ^2_e)	355,13	278,09
fenotípusos variancia (σ^2_p)	1041,39	851,27
direkt öröklődhetőség (h^2_d)	0,63±0,05	0,68±0,12
anyai öröklődhetőség (h^2_m)	0,29±0,03	0,32±0,10
direkt-anyai genetikai korreláció (r_{dm})	-0,80±0,03	-0,96±0,07
állandó környezeti variancia aránya a fenotípusban (c^2)	0,09±0,01	0,12±0,05
hiba variancia aránya a fenotípusban (e^2)	0,34±0,04	0,33±0,09
$h^2_m+c^2$	0,38	0,44
teljes öröklődhetőség* (h^2_T)	0,25	0,17

*Willham (1972) alapján

A 10. táblázatban bemutatott eredmények azt igazolják, hogy az időben későbbi adatokat is tartalmazó adatbázisokon végzett vizsgálatok eredményei tendencijelleggel megegyeznek a vizsgálat első részében,

egyedmodellel kapottakkal. Nevezetesen e vizsgálatban az előzőekhez hasonló varianciakomponenseket, öröklődhetőségi értékeket és korrelációs együtthatókat kaptunk.

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

5.2. A vizsgált tenyész bikák 205-napos választási súly alapján becsült tenyészértéke és rangsora

11. táblázat: A limousin apák 205-napos választási súly tulajdonság
alapján becsült tenyészértéke és rangsora

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

KLSZ = az apa központi lajstromszáma; N = az apa ivadékaiknak a száma;

TÉ = tenyészérték (kg); SR = a tenyészértékek alapján felállított

rangsorban lévő pozíció FA= populáció főátlaga (kg)

A limousin fajtájú apák ivadékainak számát, **az első** adatbázisok alapján, különböző BLUP modellekkel becsült választási súly tenyésztékét, illetve az e tenyésztékek alapján felállított rangsorát a 11. táblázatban mutatom 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 tenyésztékei a választási súly tulajdonságban: modell 1: +7,68 kg; modell 2: +9,05 kg; modell 3: +11,94 kg; modell 4: +11,64 kg). Mindezek mellett vizsgálatunk során találtunk olyan apákat is (pl.: a 18853-as apa), melyek tenyésztéke 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 apamodellel (modell 2) esetén tapasztaltuk. Az ezzel a modellel becsült tenyésztékek számos apa (pl.: 14712-es apa tenyésztékei a választási súly tulajdonságban: modell 1: +13,79 kg; modell 2: -23,95 kg; modell 3: +25,99 kg; modell 4: +17,29 kg) esetén nemcsak irányában, de abszolút értékben nézve is jelentősen eltértek a másik három modellel kapott adatoktól. A fentiek következtében a limousin apák négy különböző BLUP modellel becsült, a választási súly tulajdonságra irányuló tenyésztéke alapján felállított rangsoraiban is számottevő különbségeket találtunk. A négy rangsor rangkorrelációval

történt összehasonlításának eredményeit a 12. táblázatban mutatom be.

12. táblázat: Rangkorrelációs értékek az apák különböző modellekkel - választási súly tulajdonságra irányuló tenyésztési értéke alapján - felállított rangsora között a limousin fajta esetén (n=110)

r _{rang} /r _{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*

*P<0,01; modell 1 = adatbázis 1. (fajtatiszta limousine) + apamodell; modell 2 = adatbázis 3. (vegyes genotípusú) + apamodell; modell 3 = adatbázis 1. (fajtatiszta limousin) + egyedmodell; modell 4 = adatbázis 3. (vegyes genotípusú) + egyedmodell

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. Vizsgálataik során *Lengyel és mtsai* (2003), valamint *Lengyel és mtsai* (2004) hasonlóan szoros összefüggésekről számoltak be fajtatiszta limousin állományok választási adatainak apa- és egyedmodellel történő értékelését követően. Korábbi kutatásaink (*Bene és mtsai*, 2006, 2007) alkalmával jelen eredményeinkhez teljesen hasonló rangkorrelációs értékeket határoztunk meg fajtatiszta populációk választási súlyának elemzése során. Laza összefüggést találtunk ugyanakkor a vegyes genotípusú

adatbázison futtatott apamoddell (modell 2) felállított rangsor, valamint a másik három mododdell maghatározott rangsor ($r_{\text{rank}} = 0,32-0,37$; $p < 0,01$) között. Ez alapján ismételtén megállapítható, hogy a 2-es mododdell kapott eredményeink kiugrónak tekinthetők a többi mododdell kapott értékekhez képest. A vegyes genotípusú adatbázis egyedmododdell (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 forrásban (*Sullivan és mtsai*, 1999; *Newman és mtsai*, 2002; *Splan és mtsai*, 2002 stb.) fellelhető információhoz.

A **második** adatbázison, egyedmododdell végzett, direkt- és anyai hatásra irányuló tenyészértékbecslés eredményét a 13. táblázat, az e tenyészérték alapján felállított tenyészbika rangsort a 14. táblázat foglalja össze.

13. táblázat: A legtöbb ivadékkal rendelkező apák 205-napos súly alapján, egyedmodellel becsült direkt- és anyai tenyésztési értéke a vizsgált időszakban

KLSZ	Választási súly (kg)					
	Fajtatiszta állományban			Keresztezett állományban		
	N	Tenyésztési érték		N	Tenyésztési érték	
		Direkt	Anyai		Direkt	Anyai
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 SE)	225,7 \pm 3,8			221,5 \pm 1,23		

N = az apa ivadékainak (borjainak) a száma

14. táblázat: A legtöbb ivadékkal rendelkező apák sorrendje 205-napos választási súly alapján becsült direkt-és anyai tenyészték alapján

KLSZ	Választási súly (kg)					
	Fajtatiszta állományban			Keresztezett állományban		
	N	Sorrend		N	Sorrend	
Direkt		Anyai	Direkt		Anyai	
9034	61	7	12	394	14	14
12015	608	16	25	257	22	2
12470	43	5	23	50	13	12
12481	88	9	22	66	20	7
12482	54	1	16	54	21	5
12483	79	4	24	56	23	4
12484	72	10	4	59	18	8
12485	49	3	15	60	19	6
13098	1019	12	9	516	11	13
13869	259	21	20	31	10	17
14284	177	22	5	48	12	15
14473	185	19	10	55	5	21
14474	216	15	7	77	17	9
14475	109	14	11	32	8	18
14476	207	17	8	51	16	10
14602	52	13	17	198	24	3
14684	792	24	19	107	15	11
14709	66	23	3	80	2	24
14714	37	11	13	119	6	20
15250	619	25	2	165	25	1
16444	485	2	6	62	7	19
16851	80	20	1	36	9	16
16854	202	8	18	45	1	25
17562	153	6	14	52	3	23
21207	86	18	21	31	4	22

N = az apa ivadékainak (borjainak) a száma

Az említett táblázatokban bemutatott eredmények szerint e tekintetben is jelentős a különbség ugyanazon tenyészbika fajtatípusa állományon és keresztezett állományon becsült tenyészértéke között.

Még kifezetebb a különbség az egyes tenyészbikák direkt és anyai tenyészértéke között. Ez az eltérés nemcsak abszolút értékben mutatkozik meg, hanem a tenyészérték irányában (javító, vagy rontó hatású) is. Az említett különbség mindkét állományban megmutatkozik, de keresztezett állományban nagyobb. Fajtatípusa állományban az összes bemutatott apa közül csupán 8 esetben kaptunk azonos előjelű tenyészértéket, 17 esetben az azonos bikák különböző tenyészértéke ellenkező előjelűnek mutatkozott. Keresztezett állományban viszont csak 2 esetben tapasztaltunk tenyészérték-előjel egybeesését, 23 esetben a kétféle tenyészérték előjele ellentétes volt.

A fenti eredményeket egyértelműen alátámasztják és igazolják a kétféle (fajtatípusa, ill. keresztezett) állományban kapott kétféle (direkt, ill. anyai) tenyészértékek közötti rangkorrelációs együtthatók (15. táblázat). Amint az adatok szemléltetik, mind a hat rangkorrelációs együttható előjele negatív. Bár az esetek nagyobb részében a korrelációs együttható értéke kevésbé megbízható, a negatív előjel mégis arra utal, hogy a direkt és az anyai tenyészérték szerinti tenyészbikarangsor egymással ellentétes. Legszorosabb (-0,99) és szignifikáns ez a negatív kapcsolat a keresztezett állományon kapott direkt és anyai tenyészérték között. Ezt az eredményt igazolják *Bene és mtsai* (2006) magyar tarka borjak választási eredményeinek vizsgálata során kapott adatai, miszerint a direkt és az anyai genetikai hatás közötti korreláció negatív ($r_{dm} = -0,52$ és $-0,74$ közötti).

15. táblázat: Rangkorrelációs együtthatók az apák különböző populációkban felállított 205-napos súly alapján becsült direkt- és anyai tenyésztérteke között (N=25)

r _{rang}	Fajtatiszta állományban, anyai TÉ alapján	Keresztezett állományban, direkt TÉ alapján	Keresztezett állományban, anyai TÉ alapján
Fajtatiszta állományban, direkt TÉ alapján	-0,33	-0,11	+0,11
Fajtatiszta állományban, anyai TÉ alapján		+0,19	-0,18
Keresztezett állományban, direkt TÉ alapján			*-0,99

*p<0,01

A fenotípusos trend vizsgálata során kapott, a borjak 205-napos súlyának évenkénti átlagát a 16. táblázat, ezek statisztikai jellemzőit, a trendre illesztett függvény értékeit a 17. táblázat foglalja össze. A trendet a 2. ábra szemlélteti.

16. táblázat: Fenotípusos trendek a borjak 205-napos választási súlya alapján

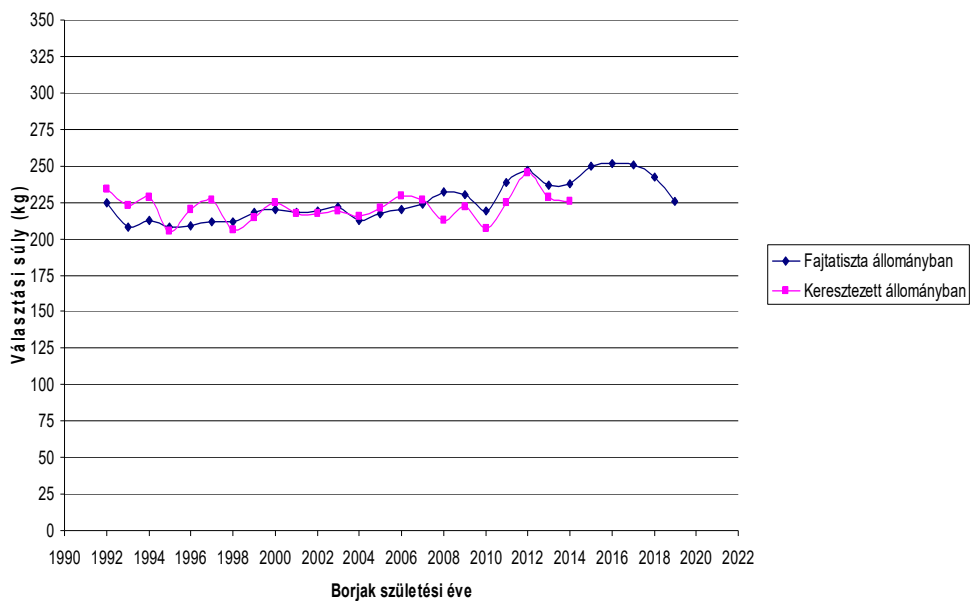
Borjú születési éve	N	Választási súly (kg) \pm SE	
		Fajtatiszta állományban	Keresztezett állományban
1992	256	225,0 \pm 2,1	233,9 \pm 3,4
1993	299	208,3 \pm 2,0	223,2 \pm 3,8
1994	312	212,9 \pm 2,0	228,5 \pm 2,4
1995	371	208,0 \pm 1,8	205,6 \pm 2,2
1996	529	208,6 \pm 1,6	220,4 \pm 2,2
1997	621	212,1 \pm 1,5	226,4 \pm 2,1
1998	710	211,9 \pm 1,5	206,5 \pm 2,1
1999	932	218,4 \pm 1,3	214,3 \pm 2,0
2000	872	219,7 \pm 1,4	224,7 \pm 2,1
2001	743	218,6 \pm 1,5	217,6 \pm 2,3
2002	586	218,8 \pm 1,6	217,5 \pm 2,8
2003	530	222,3 \pm 1,6	219,2 \pm 2,8
2004	611	212,8 \pm 1,5	215,1 \pm 3,5
2005	601	217,2 \pm 1,5	221,3 \pm 3,6
2006	716	219,6 \pm 1,4	229,4 \pm 4,1
2007	843	223,3 \pm 1,4	226,2 \pm 3,6
2008	726	232,0 \pm 1,4	212,2 \pm 4,6
2009	536	229,8 \pm 1,6	222,0 \pm 4,0
2010	740	219,4 \pm 1,4	207,3 \pm 3,9
2011	411	238,9 \pm 1,7	225,1 \pm 5,6
2012	524	247,4 \pm 1,6	244,7 \pm 4,9
2013	880	236,6 \pm 1,4	228,1 \pm 5,0
2014	775	237,9 \pm 1,4	225,2 \pm 6,7
2015	505	249,9 \pm 1,6	-
2016	358	251,2 \pm 1,8	-
2017	214	250,6 \pm 2,3	-
2018	197	242,6 \pm 2,4	-
2019	39	226,0 \pm 6,3	-
Modell által korrigált főátlag	15437	225,7 \pm 3,8	221,5 \pm 1,23

17. táblázat: Fenotípusos trendre illesztett függvények jellemzői a vizsgált populációkban

Y	Merekség			Tengelymetszet			Illeszkedés	
	bX			a				
	b	SE	p	a	SE	p	R ²	p
Fajtatiszta állományban								
VS	+1,37	0,19	<0,01	-2519,95	373,22	<0,01	0,68	<0,01
Keresztezett állományban								
VS	+0,23	0,29	NS	-240,65	578,81	NS	0,03	NS

X = a borjú születési éve; VS = választási súly (kg)

2. ábra: Fenotípusos trendek a 205-napos borjú választási súly alapján a vizsgált populációkban



A táblázat adatai és az ábra azt szemlélteti, hogy mind a fajtatizsza, mind a keresztezett borjak mért 205-napos válsztási súlya az évek előrehaladtával kismértékben változott, némi javulást mutatott.

A vizsgált limousin tenyészbikák-, valamint a teljes állomány 205-napos választási súly alapján becsült direkt és anyai tenyésztési értékei évenkénti átlagainak, ill. trendjének statisztikáját, továbbá az illesztett függvények jellemzőit fajtatizsza és keresztezett állományra vonatkozóan a 18. táblázat foglalja össze.

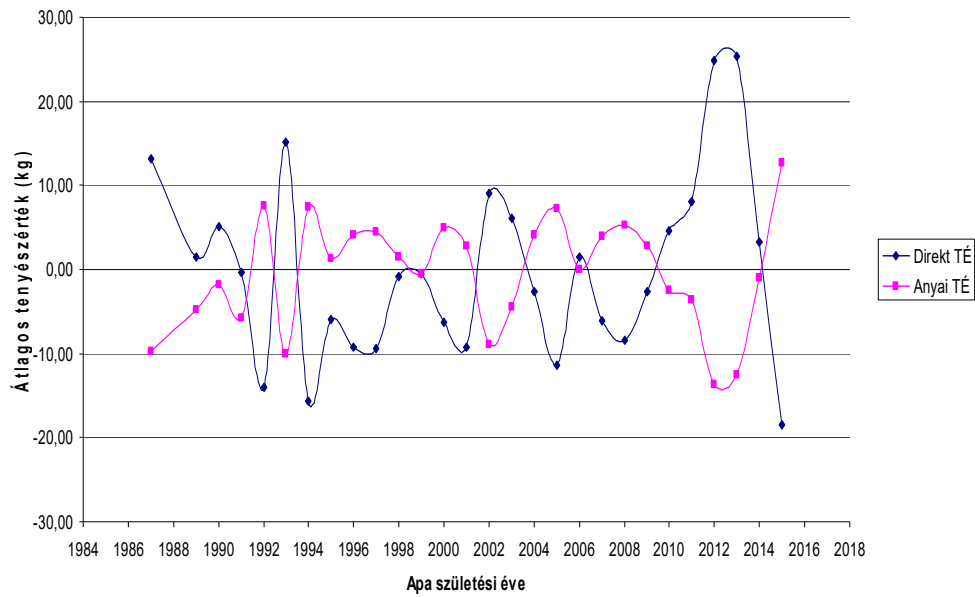
18. táblázat: Genetikai trendre illesztett függvények jellemzői a vizsgált tulajdonságban

Y	Merekség			Tengelymetszet			Illeszkedés	
	bX			a			R ²	p
	b	SE	p	a	SE	p		
Az apák átlagos tenyésztési értéke alapján fajtatizsza állományban								
VS _d	+0,18	0,26	NS	-361,07	516,75	NS	0,18	NS
VS _a	+0,05	0,16	NS	-99,04	313,31	NS	0,00	NS
Az apák átlagos tenyésztési értéke alapján keresztezett állományban								
VS _d	-0,16	0,25	NS	316,43	501,75	NS	0,02	NS
VS _a	+0,14	0,17	NS	-268,43	330,82	NS	0,03	NS
Teljes állomány átlagos tenyésztési értéke alapján fajtatizsza állományban								
VS _d	-0,05	0,04	NS	92,60	82,31	NS	0,03	NS
VS _a	+0,04	0,02	NS	-69,17	47,71	NS	0,05	NS
Teljes állomány átlagos tenyésztési értéke alapján keresztezett állományban								
VS _d	-0,00	0,05	NS	0,71	106,86	NS	0,00	NS
VS _a	-0,00	0,04		1,40	70,28	NS	0,00	NS

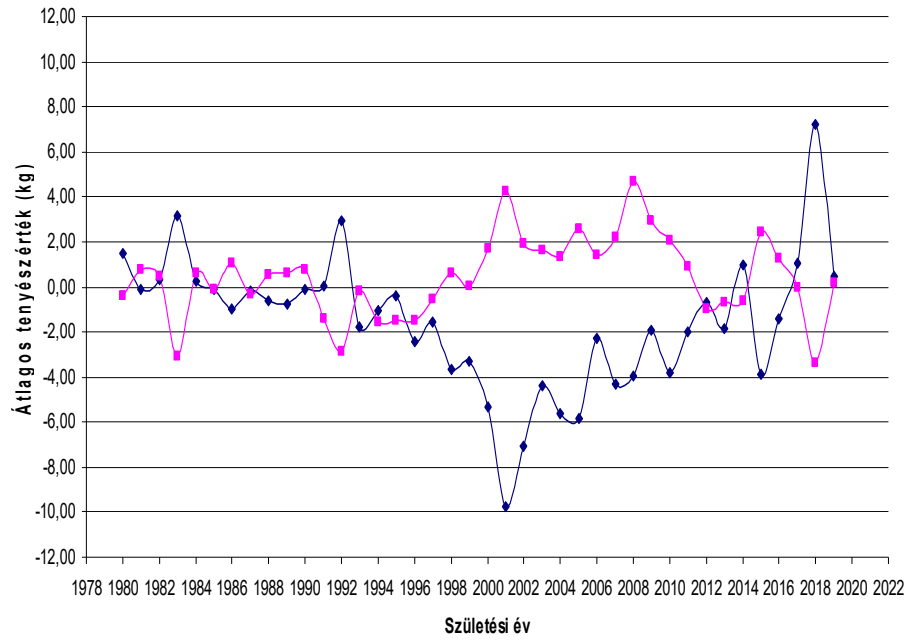
X = születési év; VS_d = választási súly direkt TÉ (kg); VS_a = választási súly anyai TÉ (kg)

Fajtatiszta állományban az apák tenyészártéke szerinti genetikai trend vonalát a 3. ábra, a teljes állomány (valamennyi egyed) tenyészártéke alapján a 4. ábra, keresztezett állományban az apák tenyészártéke szerinti trendet a 5. ábra., a teljes állomány tenyészártéke alapján pedig a 6. ábra szemlélteti.

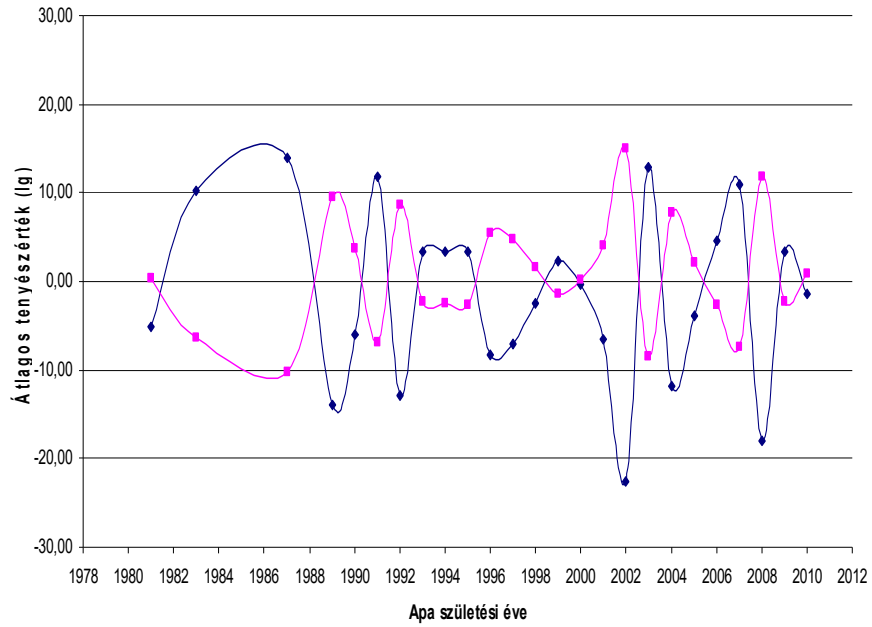
3. ábra: Genetikai trendek az apák 205-napos borjú választási súly direkt- és anyai tenyészártéke alapján fajtatiszta állományban



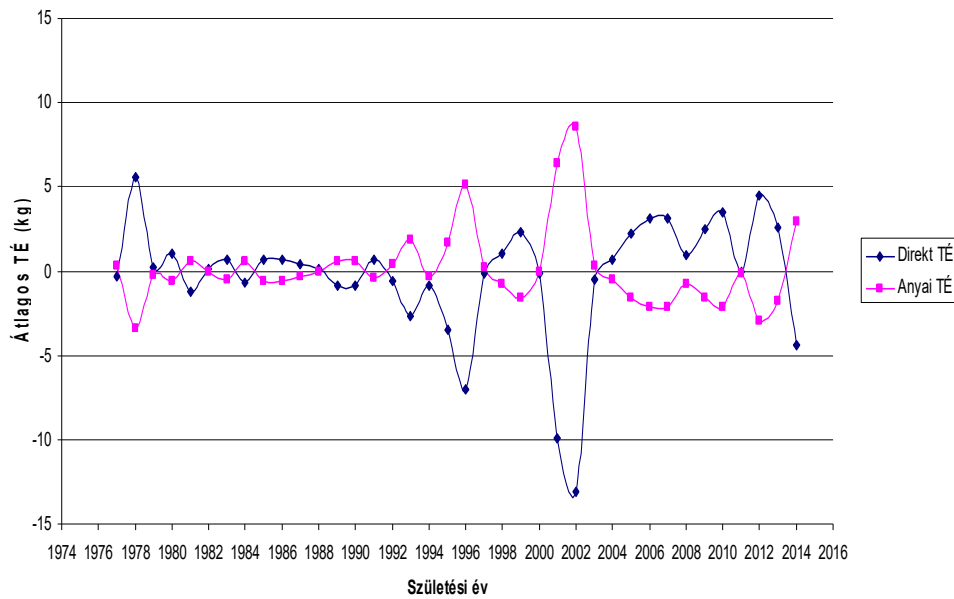
4. ábra: Genetikai trendek a teljes állomány 205-napos borjú választási súly direkt- és anyai tenyésztéke alapján fajtatizta állományban



5. ábra: Genetikai trendek az apák 205-napos borjú választási súly direkt- és anyai tenyésztéke alapján keresztezett állományban



6. ábra: Genetikai trendek a teljes állomány 205-napos borjú választási súly direkt- és anyai tenyésztérteke alapján keresztezett állományban



Mind az apák, mind a teljes állomány (valamennyi egyed) tenyésztérteke alapján számolt és megrajzolt genetikai trendet bemutató ábrán megfigyelhető, hogy a hazai limousin állomány 205-napos választási súlyában annak ellenére, hogy a fenotípusos trend kis mértékű javuló tendenciát mutat, érdemi genetikai előrehaladás a vizsgált időszakban nem volt. Ez minden bizonnyal azzal magyarázható, hogy a tenyésztőegyesület és a tenyésztők nem a választási súly növelésére, hanem más tulajdonság javítására irányuló szelekciót folytattak.

Az ábrák az előzőekben bemutatott tényadatokkal és rangkorrelációs együtthatókkal összhangban arra is felhívják a figyelmet, hogy ugyanazon tenyészbikák direkt tenyésztérteke és anyai tenyésztérteke

egymással negatív kapcsolatban áll. Nevezetesen, ha egy tenyészbikát direkt tenyészértéke alapján használunk termékenyítésre a 205-napos súly első generációban történő javítása érdekében, akkor arra számíthatunk, hogy az első generációs üszők ivadékainak anyai teljesítménye gyengébb lesz, vagyis a tenyészbika unokáinak teljesítményében minden bizonnyal romlás következik be. Ez mind fajtatizta tenyésztés, mind keresztezés esetén valószínűsíthető.

5.3. DNS alapú populációgenetikai vizsgálati eredmények

A vizsgálatban 288 χ^2 teszt közül 38 esetben szignifikáns eltérés mutatkozott a Hardy-Weinberg egyensúlytól ($p < 0,05$). Minden gulyában heterozigóta-túlsúly mutatkozott, a legjelentősebb a C állományban jelentkezett. Az allélgazdagság értékei 4,31 (C populáció) és 5,21 (O populáció) között váltakoztak, egyéni (privát) allélok 9 állományban lehetett kimutatni. Összesen 38 állatnál (a vizsgált állatok 1,1%-a) találtam egy vagy több egyéni allélt (19. táblázat). A populációk jellemzői (19. táblázat) és a mikroszatellitekre vonatkozó statisztikai adatok (20. táblázat) hasonlóak az *Amigues és mtsai* (2011), ill. a *Radko és mtsai* (2008) által – francia és lengyel limousin állományokban – kapott értékekhez. A kapott eredmények szerint az egyéni allélok száma ($PA = 20$ vs. 6) nagyobb volt, míg az effektív allélok száma hasonló volt (3,8 vs. 4) az *Amigues és mtsai* (2011) által kapott értékekhez. Az egyéni allélok magasabb száma jelen kutatásban, valószínűleg a jóval magasabb vizsgált egyedszámnak tulajdonítható.

19. táblázat: A vizsgálatba vont 16 limousin populáció statisztikai elemzése

Kód	n	AR	n_e	PA	n_{PA}	H_o	H_e	F_{is}
A	85	4.80	3.73±0.19			0.77±0.02	0.72±0.01	-0.06±0.02*
B	54	5.11	3.90±0.23			0.75±0.02	0.73±0.01	-0.03±0.01*
C	37	4.31	3.01±0.25			0.71±0.04	0.62±0.03	-0.15±0.02
D	79	4.84	3.87±0.32	1	7	0.75±0.02	0.71±0.02	-0.05±0.02*
E	21	4.69	3.55±0.20			0.74±0.02	0.70±0.02	-0.05±0.02
F	404	4.80	3.65±0.23	4	11	0.73±0.02	0.71±0.02	-0.03±0.01
G	58	4.85	3.59±0.23			0.72±0.03	0.70±0.02	-0.02±0.03
H	25	5.04	3.84±0.23			0.76±0.03	0.72±0.02	-0.05±0.03*
I	87	5.13	3.94±0.24	2	3	0.75±0.02	0.73±0.02	-0.02±0.01
J	180	5.28	4.14±0.32	1	2	0.74±0.02	0.73±0.02	0.00±0.01*
K	1076	5.18	4.01±0.22	6	5	0.73±0.01	0.74±0.01	0.01±0.01
L	60	5.11	3.77±0.34	2	3	0.71±0.03	0.70±0.02	-0.01±0.02
M	48	4.86	3.83±0.29			0.74±0.02	0.72±0.02	-0.03±0.02
N	291	5.04	3.94±0.26	1	3	0.74±0.02	0.73±0.02	-0.02±0.01
O	786	5.21	4.08±0.28	2	3	0.74±0.02	0.74±0.02	0.00±0.00*
P	152	4.67	3.47±0.25	1	1	0.70±0.03	0.68±0.02	-0.02±0.01

n – vizsgált állatok száma; AR – allélgazdagság; n_e – effektív allélok száma; PA – egyéni (privát) allélok száma; n_{PA} – privat allél(oka)t hordozó állatok száma; H_o – számított átlagos heterozigotitás, átlag±szórás; H_e – várt átlagos heterozigotitás, átlag±szórás. * F_{IS} – a beltenyésztettségi együttható nullához közeli értékeket mutatott

20. táblázat: A vizsgálatba vont 16 limousin állomány 18 mikroszatellittel végzett vizsgálata során kapott statisztikai eredmények.

Lókuszt	N	H _{obs}	H _{exp}	PIC	F _{st}	F _{it}	F _{is}
BM1818	7	0.672	0.671	0.627	0.034	0.019	-0.016
BM1824	4	0.686	0.672	0.609	0.034	-0.028	-0.065
BM2113	10	0.806	0.803	0.776	0.044	0.007	-0.039
ETH3	9	0.745	0.717	0.675	0.035	-0.040	-0.077
ETH10	7	0.714	0.740	0.700	0.073	0.044	-0.031
ETH225	7	0.714	0.704	0.648	0.049	-0.021	-0.074
INRA23	10	0.774	0.783	0.750	0.039	0.003	-0.037
SPS115	8	0.718	0.722	0.679	0.042	-0.005	-0.049
TGLA53	18	0.814	0.829	0.811	0.057	0.038	-0.020
TGLA122	15	0.794	0.799	0.774	0.052	0.010	-0.044
TGLA126	7	0.628	0.635	0.585	0.054	0.004	-0.052
TGLA227	15	0.842	0.831	0.808	0.043	-0.018	-0.064
CSRM60	9	0.693	0.708	0.671	0.045	0.044	-0.001
CSSM66	12	0.820	0.826	0.805	0.038	0.008	-0.032
ILSTS006	10	0.669	0.694	0.655	0.043	0.032	-0.011
MGTG4B	12	0.674	0.686	0.660	0.040	0.039	-0.001
RM067	9	0.678	0.681	0.638	0.060	0.024	-0.038
SPS113	11	0.839	0.831	0.809	0.034	-0.008	-0.043
Átlag	10	0.7378	0.7407	0.7044	0.0453	0.0084	-0.039

N – allélszám; H_o – számított heterozigotitás; H_e - várt heterozigotitás; PIC – polimorfizmusra vonatkozó információs szám (Polymorphism Information Content, PIC); F_{st} – populációk közötti genetikai eltérés mérőszáma; F_{it} - fixációs index; F_{is} - beltenyésztettségi koefficiens

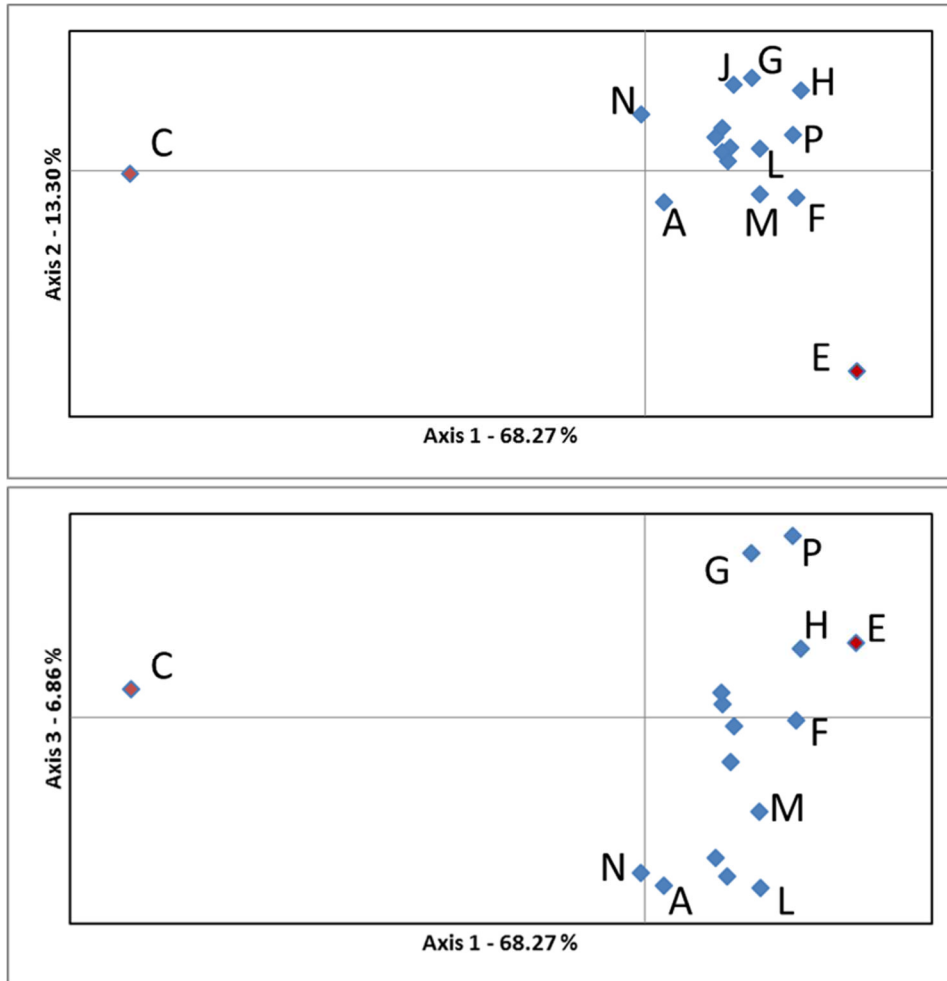
A páronkénti F_{st}-értékek alapján vizsgált 16 limousin populáció differenciálódásának mértéke a 21. táblázatban látható.

21. táblázat: A vizsgálatba vont 16 limousin populáció differenciálódásának mértéke (F_{st} -értékek alapján) páronként

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
B	0.026														
C	0.078	0.091													
D	0.034	0.024	0.097												
E	0.049	0.044	0.148	0.051											
F	0.041	0.025	0.117	0.030	0.038										
G	0.048	0.028	0.110	0.041	0.064	0.044									
H	0.049	0.026	0.120	0.032	0.059	0.031	0.025								
I	0.023	0.012	0.087	0.032	0.044	0.026	0.009	0.021							
J	0.038	0.025	0.098	0.028	0.060	0.032	0.021	0.007	0.016						
K	0.032	0.010	0.090	0.029	0.045	0.024	0.028	0.027	0.017	0.027					
L	0.036	0.026	0.108	0.023	0.052	0.030	0.042	0.032	0.028	0.028	0.032				
M	0.028	0.021	0.104	0.024	0.035	0.027	0.036	0.033	0.022	0.033	0.027	0.026			
N	0.029	0.024	0.066	0.034	0.063	0.044	0.038	0.039	0.018	0.030	0.031	0.026	0.030		
O	0.024	0.019	0.087	0.018	0.049	0.019	0.033	0.024	0.019	0.022	0.025	0.016	0.023	0.019	
P	0.048	0.025	0.119	0.044	0.055	0.027	0.030	0.027	0.021	0.035	0.028	0.036	0.034	0.046	0.033

Az FSTAT és Genepop szoftverrel –a populációk differenciálódásának megállapítására irányuló- páronkénti tesztek alapján kijelenthető, hogy a B-K populáció-pár kivételével, minden gulya elkülönült egységként kezelhető ($p < 0,05$). Genalex 6.5 szoftverrel végzett főkomponens-analízis (PCA) alapján két populáció (C és E) különbözik jelentősen a többtől $p < 0,000$ (7. ábra).

7. ábra: A populációk differenciálódásának ábrázolása főkomponens-analízissel (PCA) kapott F_{st} értékek alapján.

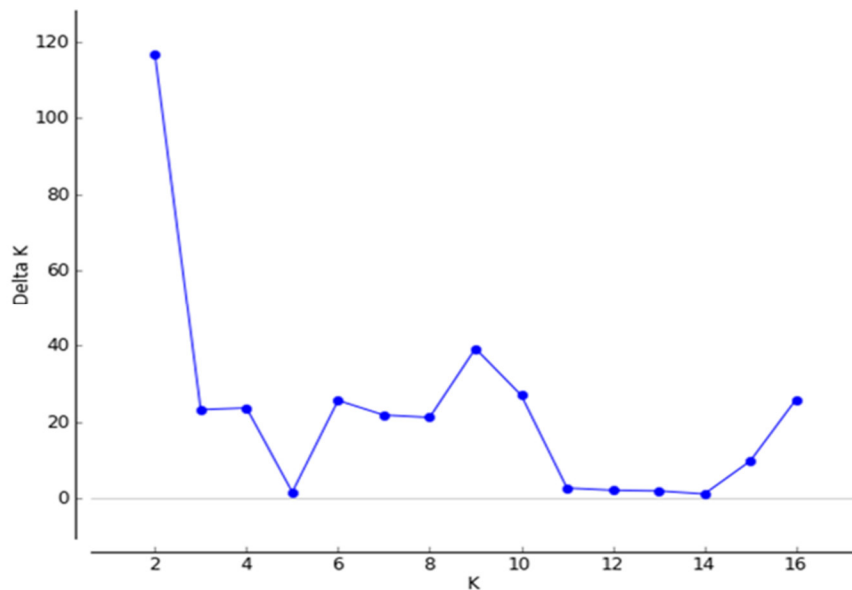


A kék színnel jelzett populációk alacsony szintű genetikai elkülönülést mutatnak. A pirossal jelölt C populáció mérsékelten elkülönül a többi gulyától, a szintén pirossal jelölt E populáció pedig mérsékelten elkülönül a G, H, J, L, N, ill. P populációtól. A tengelyeken jelzett %-os értékek a teljes variancia arányát jelentik az adott tengely mentén.

A C-populáció – F_{st} értékek alapján történő – többi populációhoz (0,066-tól 0,120-ig) való hasonlítása a mérsékelt genetikai elkülönülés tartományába esik. Az E-populációnál szintén mérsékelt genetikai elkülönülés tapasztalható (0,052 és 0,0646 közötti F_{st} értékek) hat gulyához (G, H, J, L, N és P) viszonyítva. A C és E populáció közötti F_{st} érték 0,148 volt, minden más populáció páronkénti vizsgálata alacsony szintű elkülönülést jelzett ($F_{st} < 0,049$).

A Structure szoftver alapján a 16 limousin populáció 2 csoportba sorolható ($K_{Evanno} = 2$; 8. ábra). A program csupán két nagyobb csoportot jelzett, ahol az A, C és N állomány elkülönült a fennmaradó 13-tól.

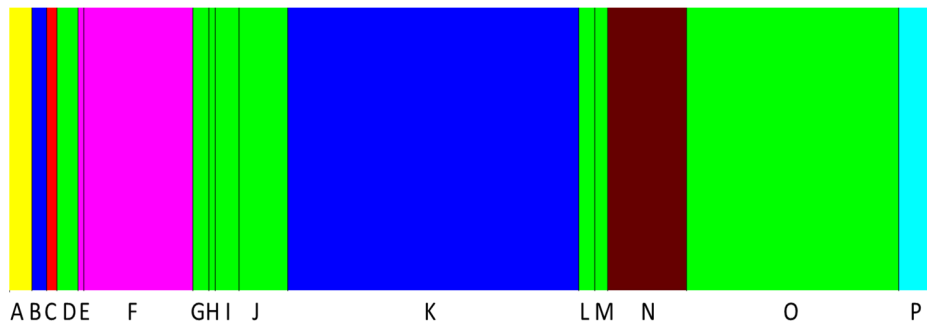
8. ábra: A 16 limousin populáció csoportokba (cluster) sorolása Structure szoftverrel, ΔK módszerrel.



A K értékekhez tartozó ΔK értékek meghatározását öt párhuzamos futtatással végeztem. Legvalószínűbb csoportszám: 2.

BAPS szoftverrel hét csoportot lehetett elkülöníteni ($K = 7$), ahol az A, C, N, ill. P populációk külön csoportba tartoztak, a fennmaradó 3 csoportot pedig a B-K, E-F, és D-G-H-I-J-L-M-O gulyák alkották (9. ábra).

9. ábra: A 16 limousin populáció csoportokba (cluster) sorolása BAPS szoftverrel.



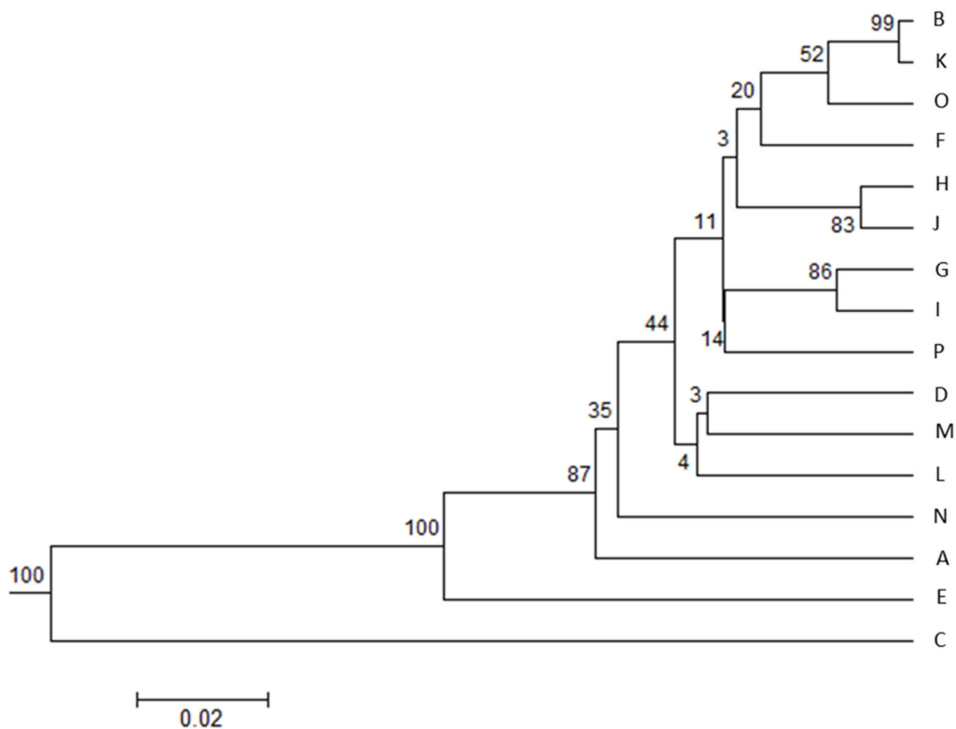
Egynél több populációt tartalmazó csoportok a következők: B, K (kék), D, G, H, I, J, L, M, O (zöld), E, F (ciklámen). A hasábok szélessége a populáción belül tipizált egyedek számával arányos. A függőleges fekete vonalak elválasztják egymástól a csoportokat.

A vizsgált populációk Nei-féle genetikai távolságának UPGMA dendrogramon történő ábrázolása a 10. ábrán látható. Itt az A, C és N populációk elkülönült formában jelennek meg, de a P gulya helyett (amelyiket a BAPS szoftver különállóként kezelt) itt az E populáció helyezkedik el külön ágon. Ez a megállapítás alátámasztja a F_{st} értékek PCA vizsgálatának eredményét. Ahogyan a BAPS ábrán, a

dendrogramon is együtt szerepel a B és K populáció. A fennmaradó csoportok különböznek legkevésbé egymástól.

Az A, C, N és E populációk esetében – ahogyan az a hazai Limousin és Blonde d’Aquitaine Tenyésztők Egyesületének adatbázisában is szerepel – a tulajdonosok tenyészállatot, spermát, ill. embriót importáltak Franciaországból, ami megmagyarázza a populációk jól követhető differenciálódását (7. és 10. ábra). A C és E populációban az importált állatok száma meghaladta az A és N populációnál tapasztaltat.

10. ábra: A 16 limousin populáció UPGMA módszerrel kapott dendrogramja. A bootstrap értékek az ágakon láthatók.



6. KÖVETKEZTETÉSEK

6.1. Populációgenetikai paraméterek, ill. tenyésztékek becslésének tanulsága

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

Mivel a fajtatiszta populációkban az apamoddell és az egyedmoddell egymáshoz hasonló eredményeket kaptunk az öröklődhetőségben, a tenyésztékbécslésben és a tenyésztékek rangsorában, ezen állományokban az apamoddell is kellő pontosságúnak tekinthetjük.

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

Egyedmoddell becsülve a limousin tenyésztékek direkt tenyésztékbécslés és az ez alapján felállított rangsora lényegesen különbözött egymástól attól függően, hogy a tenyésztékbécslés fajtatiszta, illetve keresztezett állomány adatbázisán történt. Ez az eredmény azt

sugallja, hogy másként kell megítélnünk ugyanazt a tenyészbikát, ha azt fajtatiszta állományon, illetve, ha keresztezési célra használjuk.

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

Az azonos tenyészbikák rangsora direkt és anyai tenyészértékük alapján jelentősen különbözik egymástól. Ez az eltérés nemcsak abszolút értékben mutatkozik meg, hanem a tenyészérték irányában (javító, vagy rontó hatású) is. Az említett különbség mindkét állományban megmutatkozik, de a keresztezett állományban jóval nagyobb. Ezek a megállapításaink egyértelműen alátámasztják és igazolják a kétféle (fajtatiszta ill. keresztezett) állományban kapott kétféle (direkt, ill. anyai) tenyészértékek közötti rangkorrelációs együtthatókat, amelyek előjele minden esetben negatív.

Bár az esetek nagyobb részében a korrelációs együttható értéke kevésbé megbízható, a negatív előjel mégis arra utal, hogy a direkt és az anyai tenyészérték szerinti tenyészbika rangsor egymással ellentétes.

Mind az apák, mind a teljes állomány (valamennyi egyed) tenyészértéke alapján számolt és megrajzolt genetikai trend alapján megfigyelhető, hogy a hazai limousin állomány 205-napos választási súlyában annak ellenére, hogy fenotípusosan kis mértékű javulás tapasztalható, érdemi genetikai előrehaladás a vizsgált időszakban nem volt. Ennek oka

valószínűleg az, hogy a tenyésztőegyesület és a tenyésztők nem a választási súly növelésére, hanem más tulajdonság javítására irányuló szelekciót folytattak. A stagnálás oka másrészt az is lehet, hogy csak a 205- napos súly alapján becsült direkt tenyészértéket vették figyelembe, nem tekintve (hiszen nem is becsülték) az anyai tenyészértéket. Az anyai tenyészérték figyelmen kívül hagyása eredményezhette azt, hogy a 205-napos választási súly direkt tenyészérték alapján jobb tenyész bikák ivadéka az átlagosnál jobbak voltak ugyan, de az unokái már átlag alattinak bizonyultak.

Ezek az eredmények arra is felhívják a figyelmet, hogy ugyanazon tenyész bikák direkt hatása és anyai tulajdonságokra gyakorolt hatása egymással ellentétes. Nevezetesen, ha egy tenyész bikát direkt tenyészértéke alapján használunk termékenyítésre a 205-napos súly első generációban történő javítása érdekében, akkor arra számíthatunk, hogy az első generációs üsző ivadékok anyai teljesítménye gyengébb lesz, vagyis az unokák teljesítményében minden bizonnyal romlás következik be. Erre a vizsgálatunk tanulsága szerint nemcsak a fajtatiszta, de a keresztezett állományokban is számíthatunk.

Az említettek alapján az is javasolható, hogy a jövőben a limousin tenyész bikákra a direkt (fajtatiszta és keresztezési) tenyészérték mellett anyai fajtatiszta és anyai keresztezési tenyészértéket egyaránt becsüljünk.

6.2. DNS alapú populációgenetikai vizsgálatok tanulsága

A génáramlás, vagyis a genetikai információ egyik populációból a másikba történő vándorlása (immigráció) a variabilitás növekedéséhez, ill. új alcsoportok kialakulásához vezethet a célpopuláción belül. A Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesületének a jövőben is szigorúan követnie kell a tenyészállatok, a sperma, ill. az embriók importját, hogy ez megfelelő tenyészetből, megfelelő mértékben történhessen meg. Ezzel elkerülhető a populációk jelentősebb mértékű differenciálódása.

Szükségesnek tartom továbbá, a genetikai vizsgálatok rendszeres időközönként történő megismétlését, amivel a jövőben is pontosan ellenőrizhető a populációk genetikai szerkezete. Ezzel lehetőség nyílik arra, hogy a Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete pontos képet kapjon a hazai állományok helyzetéről és szükség esetén, időben segíteni, ill. irányítani tudja a tenyésztési munkát.

A vizsgálat eredményei alapján a C és E populáció egyedeinek felhasználását új tenyésztési stratégia kidolgozásánál mindenképpen ajánlatos figyelemmel kísérni, hiszen (F_{st} értékek alapján) a többi populációhoz viszonyítva, már jelenleg is a mérsékelt differenciálódás tartományába esnek. Egyéni allélokat 9 populációban (D, F, I, J, K, L, N, O és P) találtam, ezek megőrzése mindenképpen javasolható az állattartók számára a további tenyésztési tervek kidolgozásakor.

7. ÖSSZEFOGLALÁS

A limousin borjak 205-napos súlyának genetikai paraméterei és ennek alapján végzett tenyésztérbecslésre kiterjedő munkánk során a Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesületének adatbázisát használtuk.

A vizsgálat első részében alkalmazott apa- és egyedmodellel történő értékeléshez, a fajtatizta és keresztezési tenyésztérbecsléshez 13 613 borjú választási súly és választási életkor adatát vettük figyelembe, amelyek 37 hazai tenyészetben 1992 és 2009 között, 110 limousin apától születtek. A vizsgálatban 9233 fajtatizta és 4380 keresztezett borjú szerepelt.

A vizsgálat második részében a direkt és az anyai tenyésztérbecslés során 44 fajtatizta limousin és 23 limousin x magyartarka keresztezett, összesen 67 tenyészet adatbázisa szerepelt, 240, illetve 98, összesen 338 limousin tenyészbikával, és 15437, valamint 4327, összesen 19764 borjúval.

Az előzőekben bemutatott adatbázisokat különböző BLUP modellekkel (*Henderson, 1975*) értékeltük ki. Vizsgálataink során négy különböző modellt állítottunk össze, majd az ezekkel kapott eredményeket egymással összehasonlítottuk. A négy modell közül kettő apamodell, kettő pedig egyedmodell volt. Mind az apamodellt, mind pedig az egyedmodellt a fajtatizta borjak adatbázisain (adatbázis 1.), és a vegyes genotípusú adatbázison (adatbázis 2.) is külön-külön lefuttattuk. Számításaink során egyetlen tulajdonságot, a választási súlyt értékeltük. Vizsgálatunk első részében direkt fajtatizta és direkt

keresztezési-, amíg a másodikban direkt, illetve anyai fajtatizta és keresztezési tenyésztértéket becsültünk.

A négy különböző BLUP modellel az apák választási súly tulajdonságra becsült tenyésztértéke alapján négy különböző rangsort kaptunk. A tenyésztértékbecslés eredményei azt mutatták, hogy a választási súly tulajdonság öröklődhetősége a különböző futtatások eredményei alapján meglehetősen tág határok között változott, de annak értékei gyenge és jó közöttiek voltak.

Eredményeink alapján egyértelműen megállapítható, hogy valamennyi apa esetén a négy különböző BLUP modellel más és más direkt tenyésztértékeket becsültünk a választási súly tulajdonságra. A legtöbb apa esetén a becsült tenyésztértékek populációátlaghoz viszonyított iránya (javító vagy rontó hatás) ugyan hasonló volt, de a számszerű értékekben nagyon nagy különbségeket találtunk közöttük. Ez azt eredményezte, hogy a tenyészbikák rangsora is nagymértékben különbözött a direkt fajtatizta és a direkt keresztezési tenyésztértékük alapján.

Az egyedmodellel becsült direkt és anyai tenyésztérték alapján a vizsgált limousin tenyészbikák rangsora az előbbiekhöz képest nagyobb különbséget mutatott, nevezetesen egymással ellentétesen alakult, azaz a kétféle tenyésztérték szerinti rangsor egymással negatív előjelű rangkorrelációs együtthatót mutatott.

Ezek az eredmények nyomatékosan felhívják a figyelmet arra, hogy az egyes limousin tenyészbikák különböző (fajtatizta, keresztezési, direkt, anyai) tenyésztértékét célszerű becsülni, és ezek közül azt kell figyelembe venni, amilyen célra a tenyészbikát használni kívánjuk.

- A populációgenetikai vizsgálatban 16 hazai limousin populációból származó 3443 egyed (1520 bika és 1924 tehén) vett részt. A tenyészetek elhelyezkedésére, az állomány összetételére, ill. az eredmények kiértékelésére vonatkozó adatok a hazai Limousin és Blonde d'Aquitaine Tenyésztők Egyesülete adatbázisából származtak. A vérminták begyűjtésére a rutinvizsgálatnak számító származásellenőrzések alkalmával került sor.
- A vizsgálatban alkalmazott 18 mikroszatellit marker használatát a Nemzetközi Állatgenetikai Társaság (International Society of Animal Genetics, ISAG) javasolja szarvasmarha származásellenőrzési vizsgálatokhoz és az akkreditált nemzetközi laboratóriumok eredményeinek összehasonlításához. Ezek a markerek a következők: BM1818, BM1824, BM2113, CSRM60, CSSM66, ETH10, ETH225, ETH3, ILSTS006, INRA23, MGTG4B, RM067, SPS113, SPS115, TGLA 122, TGLA126, TGLA227 és TGLA53.
- A Hardy-Weinberg teszt P értékének meghatározását minden lókuszt és minden gulya esetében elvégeztem. A vizsgálat során meghatároztam a heterozigotitás várt (expected heterozygosity, H_e) és valós (observed heterozygosity, H_o) értékeit, a beltenyésztettség együtthatóját (inbreeding coefficient, F_{is}) és a genetikai távolságot (genetic distance, F_{st}). Az állatok allélfrekvencia-értékei és a mikroszatellit markerek adatai alapján főkomponens-analízist (Principal Component Analysis, PCA) végeztem, amely egy többváltozós statisztikai módszer és az adatredukciós eljárások közé tartozik. Elvégeztem a Nei-féle genetikai távolságok meghatározását is.
- A populációgenetikai vizsgálatban 288 χ^2 teszt közül 38 esetben szignifikáns eltérés mutatkozott a Hardy-Weinberg egyensúlytól

($p < 0,05$). Minden gulyában heterozigóta-túlsúly mutatkozott, a legjelentősebb a C állományban jelentkezett. Az allélgazdagság értékei 4,31 (C populáció) és 5,21 (O populáció) között váltakoztak, egyéni (privát) allélok 9 állományban lehetett kimutatni. Összesen 38 állatnál (a vizsgált állatok 1,1%-a) találtam egy vagy több egyéni allélt.

A populációk differenciálódásának megállapítására irányuló, páronkénti tesztek alapján kijelenthető, hogy a B-K populáció-pár kivételével, minden gulya elkülönült egységként kezelhető ($p < 0,05$). Főkomponens-analízis (PCA) alapján két populáció (C és E) különbözik jelentősen a többitől $p < 0,000$.

A populációk Nei-féle genetikai távolságának vizsgálata alapján az A, C és N populációk elkülönült formában jelennek meg, de a P állomány helyett (amelyiket a BAPS szoftver különállóként kezelte) itt az E populáció különült el. Ez a megállapítás alátámasztja a F_{st} értékek PCA vizsgálatának eredményét. A fennmaradó csoportok különböznek legkevésbé egymástól.

Az A, C, N és E populációk esetében a tulajdonosok tenyészállatot, spermát, ill. embriót importáltak Franciaországból, ami megmagyarázza a populációk jól követhető differenciálódását. A C és E populációban az importált állatok száma meghaladta az A és N populációnál tapasztaltat.

8. SUMMARY

Database of the Association of Hungarian Limousin and Blonde d'Aquitaine Breeders (AHLBB) for weaning results (weaning age, weight and 205-day weigh) were used for breeding value estimation study.

In the first part of this study 13 613 calves were evaluated. Considering the genotype of calves, two databases (one of purebred and one of mixed genotype calves) were formed from the starting data. The resulting three databases were processed with four different BLUP models. During the work, altogether four runnings were performed. Genetic parameters and breeding value of sires were estimated on weaning weight trait. According to the results heritability of weaning weight trait ($h^2 = 0.20-0.60$) varied between wide limits. For all sires, different breeding values were estimated on weaning weight trait with the four different BLUP models. In the rank of sires - established pursuant to breeding value in weaning weight trait - considerable differences were found ($r_{\text{rank}} = 0.32-0.95$; $p < 0.01$). Results showed, that heritability and breeding values estimated in purebred stocks, can not be used on crossbred or mixed genotype populations (databases) during the breeding. Results confirmed that selection and use of suitable sires can significantly improve weaning performance of calves even within one generation. According to these results, as there are differences between purebreeding and crossbreeding breeding values, both of them can be suggested for estimation.

In the second part of the breeding value estimation study data of 19764 calves (15437 purebred Limousin and 4327 crossbred) were computed. Crossbred calves were sired by Limousin breeding bulls from Simmental dams. Calves in question came from 67 herds and from 338 sires.

Direct and maternal breeding value of sires were evaluated using the MTDFREML animal model.

The analysis gave similar variance components, heredity and correlation values to those obtained in the first part of the study. Negative correlation was found between the direct and maternal breeding value and that of the rank of the sires based on the two kind of breeding values. Therefore using of sires for mating according to their direct breeding value will result in increased weaning weight of calves in the first generation, followed by a decrease in the second generation. Based on these results, application of maternal breeding value estimation can be suggested when sires are used to produce female calves for replacement. As the maternal breeding value has not been taken into consideration by the Limousin breeders in Hungary during the last twenty years, there was no genetic progress found in this study concerning the 205-day weaning weight of calves.

Besides, sixteen different Limousin cattle herds, maintained for commercial use, were included in this molecular genetic study of population structure. Blood samples were collected for routine parentage testing, by breeders during their established breeding program, from jugular veins from 3,443 individuals (1,520 bulls and 1,924 cows). All data concerning registration of herds and codes used

in this study were provided by AHLBB. All 18 microsatellite markers used herein (BM1818, BM 1824, BM2113, CSRM60, CSSM66, ETH10, ETH225, ETH3, ILSTS006, INRA23, MGTG4B, RM067, SPS113, SPS115, TGLA 122, TGLA126, TGLA227, TGLA53) are recommended by International Society of Animal Genetics (ISAG) for routine parentage control and record exchange between laboratories. Statistical analysis: Exact test of Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) and exact test of population differentiation were calculated. Estimation of exact P value of Hardy-Weinberg test was performed on each locus and each population. Observed heterozygosity (H_o), expected heterozygosity (H_e), inbreeding coefficient (F_{is}), genetic distance (F_{st}) indices were calculated as well. Bayesian algorithm was used for inferring the most probable number of clusters (K) and for calculation of membership probability of individuals. A weighted principal component analysis (PCA) was performed using the allele frequency data of Limousin individuals and the 18 microsatellite markers. Nei's genetic distance was calculated and bootstrap values were based on 1,000 permutations. Assignment tests of individuals were performed by using a Bayesian method and a simulation algorithm with 10,000 simulated individuals.

Thirty eight of the 288 chi-square tests showed significant deviations from HWE at the 95% confidence interval. Heterozygote excess was calculated in each herd, the highest excess was detected in herd C. Allelic richness ranged between 4.31 and 5.21 (population C and O, respectively). Private alleles (PA) were detected in nine herds. Altogether 38 animals (1.1% of the analysed individuals) carried one or more private alleles. Herd characteristics and diversity information

of the microsatellite loci are similar to the values reported by other authors. In genetic assignment test 48% of the animals have been allocated correctly to their original groups. In more detail the corresponding values were 90% and 100% in the herds E and C, supporting that these herds are more different from the others. Pairwise exact genotypic differentiation tests showed that—except the pair B, K—all the herds can be treated as separate units, distinct from each other ($p < 0.05$). Consecutive PCA analysis of estimated F_{st} values ($p < 0.000$) revealed two herds (C and E) distinct from the majority of other Limousin herds. The pairwise F_{st} values of population C compared to the others (0.066 to 0.120) fell into the range of moderate genetic distance: 0.050 to 0.150, while population E displayed also moderate genetic distance (FST values in range 0.052 to 0.064) but only to six populations (G, H, J, L, N, and P). F_{st} (C-E) was 0.148, all other pairs—excluding C and E herds—displayed low genetic distance ($F_{st} < 0.049$). Analysis revealed that the most probable number of clusters among 16 Limousine herds was two ($K_{Evanno} = 2$). UPGMA tree of Nei's genetic distance of populations showed the previously mentioned same three (A, C, N) herds as distinct groups, but instead of herd P (identified by BAPS) the population E was placed on a distinct branch. This latter observation agrees with the PCA analysis of F_{st} values. Population B and K remained together on the dendrogram. The remaining groups are the least divergent from each other. E herd was more similar to the remaining herds and it shared a node with population F -as we see on the BAPS generated result but was placed on the longest branch among populations (excluding A, C, N) in accordance with the PCA analysis. In case of herd A, C, N, and

E it is known from the herd books, that cows, semen or embryos have been imported from different regions of France which explain the presented differences. In case of populations C and E the extent of imported individuals were higher than that of the population of A and N.

Based on the outcome of this study, we recommend the cautious use of individuals of population C and E in the new breeding strategy since their F_{ST} distance to the other herds are already in a moderate range. Private alleles, which are recommended to be preserved in populations are found in 9 farms (D, F, I, J, K, L, N, O, and P) which should also be taken into consideration in the breeding plans of the AHLBB.

9. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Megállapítottam, hogy apamoddellel becsülve a választási súly öröklődhetősége (h^2) fajtatiszta és keresztezett állományok között nem mutat eltérést, amíg egyedmoddellel becsülve jelentős a különbség a fajtatiszta ($h^2=0,28\pm0,05$) és a keresztezett ($h^2=0,57\pm0,06$) populációk között.
2. Ráműtattam arra, hogy az adott limousin tenyész bikák fajtatiszta, keresztezett, illetve vegyes rokoni adatbázisán végzett tenyészértékbecslés eredménye alapján az apák rangsora számottevően különbözik egymástól.
3. Elemzéseim alapján rájöttem arra, hogy a limousin tenyész bikák direkt és anyai tenyészértéke, illetve az ezek alapján felállított rangsor egymással ellentétes. Nevezetesen, negatív a korreláció a választási súly alapján becsült direkt és anyai tenyészérték között.
4. Megállapítottam, hogy a hazai limousin fajtatiszta és keresztezett populáció borjainak 205-napos választási súlyában annak ellenére, hogy kis mértékű fenotípusos javulás tapasztalható, az elmúlt 20 évben nem volt érdemi genetikai előrehaladás.
5. Elsőként végeztem el a hazai limousin populációk genetikai differenciálódásának vizsgálatát mikroszatellit markerek

segítségével. Megállapítottam, hogy a C és E populáció F_{st} értékek alapján mérsékelten elkülönült a többi gulyától.

6. Megvizsgáltam az allélgazdagság értékeit 16 limousin populációban, ezek 4,31 (C populáció) és 5,21 (O populáció) között váltakoztak. Egyéni (privát) allélokot 38 állatnál, 9 állományban (D, F, I, J, K, L, N, O és P) mutattam ki.
7. Megállapítottam, hogy a várt és megfigyelt heterozigotizációs értékek a 16 limousin populációban jelentősen nem tértek el egymástól, a beltenyésztettségi koefficiens (F_{is}) alapján nincs beltenyésztettnek tekinthető gulya a vizsgált állományban.

10. AZ EREDMÉNYEK FELHASZNÁLÁSA

A szarvasmarhatenyésztés napjainkban elképzelhetetlen a tenyészbikák tenyészértékének becslése nélkül. A tenyészcél és a realizált teljesítmény közötti összehasonlítás elvégzése nélkül lehetetlenné válna az állományok legértékesebb egyedeinek a kiválogatása, majd párosítása egymással. A szelekció és a párosítás pontos megvalósításához tehát a tenyészérték ismerete elengedhetetlen. A tenyészértékbecslés feltétele persze továbbra is az, hogy rendelkezésre álljanak precíz tenyésztési adatok, ill. populációgenetikai paraméterek a vizsgálatba vont tulajdonságokról.

A Franciaországban végzett genomikai tesztek eredményei jól kiegészítik a hagyományos tenyészértékbecslés eredményeit, de egyelőre nem helyettesíthetik azokat. Amennyiben a tenyésztők hozzájuthatnának a jövőben a genomikai tesztek SNP-adataihoz is, amit tulajdonképpen megfizettek, akkor további költségek nélkül lehetőség nyílna az adatok populációgenetikai, vagy további szelekciós felhasználására is. Így lehetővé válna olyan tulajdonságokra is szelektálni, amelyekre a jelenlegi szelekciós szempontok nem terjednek ki.

A tenyésztői munka sikeressége tekintetében nagy jelentőséggel bír az apák fajtatiszta és keresztezett tenyészértéke közötti különbség meghatározása, ill. a tenyészbikák eltérő BLUP modellekkel felállított rangsorának összehasonlítása.

Jelen kutatásnál, a legtöbb apa esetében, a becsült tenyészértékek számszerű értékekben nagy különbséget mutattak, így tenyésztési szempontból igen hasznos eredményekhez jutottunk.

Amennyiben egy limousin tenyészbikát egyaránt használunk saját, ill. más fajtájú tehenek termékenyítésére, akkor megfontolandó, hogy becsüljük az adott tenyészbika mindkét (fajtatiszta és keresztezett) tenyészértékét. Az ivadékok várható eredményének előrejelzésére azt a tenyészértéket vegyük figyelembe, amely a borjak genotípusának (fajtatiszta, vagy keresztezett) megfelel.

Ugyancsak javasolható, hogy becsüljük mind a direkt, mind az anyai tenyészértéket a 205-napos választási súly alapján. Amennyiben az utóbbit nem vesszük figyelembe a tenyészülő-előállítás során, akkor arra számíthatunk, hogy a tenyészbika unokái esetében e tulajdonságban romlás következhet be.

A hazai szarvasmarha fajtákban, a szürkemarha kivételével, eddig nem került sor az állományok genetikai markereken alapuló populációgenetikai felmérésére, így ez a munka mindenképpen hiánypótlónak számít.

A kapott populációgenetikai eredmények a C és E populációnál mérsékelt differenciálódást mutattak ki, így az új tenyésztési stratégia kidolgozásánál ezt mindenképpen ajánlatos figyelembe venni. Emellett javasolható az azonosított egyéni allélok megőrzése a további tenyésztési tervek kidolgozásakor.

A hazai limousin populációk egymáshoz viszonyított elhelyezkedésének, genetikai távolságának megállapítását, ill. a beltenyésztettség mértékének elemzését a továbbiakban is indokolt bizonyos időközönként elvégezni. Jelen kutatás eredményei viszonyítási pontot jelenthetnek a későbbi eredmények értelmezéséhez.

11. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Ezúton szeretném köszönetemet kifejezni elsősorban témavezetőimnek, **DR. SZABÓ FERENC** MTA Doktora, egyetemi tanár úrnak és **DR. ANTON ISTVÁN** c. egyetemi tanár úrnak, akik közvetlenül segítették azt a kutatómunkát, mely eredményeképp ez a dolgozat összeállhatott. Köszönöm, hogy szakmai tanácsokkal, észrevételekkel, kritikákkal támogattak munkám során. Köszönöm mindazt a példamutatást, mely a jövőben meghatározóvá válik szakmai munkám során, és mindazt az erkölcsi támogatást, biztatást, mely a nehezebb periódusokban nélkülözhetetlen segítség volt számomra.

DR. SZABÓ FERENC tanár úrnak és **DR. ANTON ISTVÁN** tanár úrnak külön köszönöm a témában megjelent publikációk létrehozásában nyújtott óriási segítséget, megtanítottak formailag és tartalmilag is precíz munkát végezni.

Köszönettel tartozom továbbá a **LIMOUSIN ÉS BLONDE D'AQUITINE TENYÉSZTŐK EGYESÜLETÉNEK VEZETŐSÉGI TAGJAI** felé, akik türelmükkel, megértésükkel segítették, hogy a munkám mellett ezzel a tudományos munkával is foglalkozhattam. Nagy öröm számomra, hogy a tudományos eredmények érdekében az egyesület is elkötelezett, és így élvezhettem a tisztségviselők egy emberként történő támogatását.

Szeretném megköszönni ugyanakkor számos limousin törzstenyészet vezetőjének és tulajdonosának, többek között **NAGY ZOLTÁNAK, MEDVECZKI JÓZSEFNEK, RÁCZ FERENCNEK, TÓTH CSILLÁNAK, SERESTER ZSOLTNAK, GÁSPÁR**

GYULÁNAK, SZOMBATI GÁBORNÁK, OLÁH JUDITNAK, SKAMLA PÁLNAK, JUHÁSZ FERENCNEK, VIRÁG LÁSZLÓNAK, SZÜCS-SIPOS MÁRTÁNAK, MOZSGAI JÓZSEFNEK, CSOMAI GÉZÁNAK, ÁBRAHÁMNÉ MAYER JUDITNAK, CZIRÁKI GÁBORNÁK, hogy rendelkezésemre bocsátotta adatait az elemzésekhez és a statisztikai értékeléshez.

Hálás köszönetemet szeretném kifejezni a **NÉBIH** munkatársainak, elsősorban **DR. PÉNTEK ISTVÁN** osztályvezető úrnak és **DR. JÓZSA CSILLÁNAK,** akik rendelkezésemre bocsátották a vizsgált mintákat, illetve támogattak tudományos munkámban.

Végül, de nem utolsósorban szeretném megköszönni családomnak, **ÉDESAPÁMNAK** és **ÉDESANYÁMNAK** az erkölcsi tanácsokat, melyek kitartásomban erősítettek, **FELESÉGEMNEK** és **GYERMEKEIMNEK** a türelmet, megértést, mely szintén nagy mértékben járult hozzá ahhoz, hogy ez a dolgozat létrejöhessen.

12. 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.
- Amigues, Y. – Boitard, S. – Bertrand, C. – SanCristobal, M. – Rocha, D. (2011): Genetic characterization of the Blonde d'Aquitaine cattle breed using microsatellite markers and relationship with three other French cattle populations. *J. Anim. Breed. Genet.*, 128, 201-208.
- Anton, I. (2000): PhD értekezés, Kaposvári Egyetem.
- Anton, I. (2015): (in: Szabó szerk. (2015) *Általános állattenyésztés, Molekuláris genetikai markerek* (6.2. fejezet).
- 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, tenyésztékek. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 55.6.505-519.
- 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 tenyészték-becslés a választási eredmények
alapján. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 56.6.521-539.
- Bene, Sz. – Balika, S. – Lengyel, Z. – Nagy, B. – Zsuppán, Zs. – Szabó,
F. (2007b): Blonde d'Aquitaine borjak választási eredménye. 2.
Genetikai paraméterek, tenyésztékek. *Állattenyésztés és
Takarmányozás*, 56.4.299-311.
- 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 (Többfajtás tenyésztékbecslés a választási
eredmények alapján egy hazai húsmarha állományban).
Állattenyésztés és Takarmányozás, 62.3.218-233.
- Berry, D.P. - Garcia, J.F. - Garrich, D.J. (2016): Development and
implementation of genomic predictions in beef cattle. *Animal
Frontiers*, 6. 1. 32-38.
- Bhargava, A. és Fuentes, F.F. (2010): Mutational dynamics of
microsatellites. *Mol. Biotechnol.*, 44, 250-266.
- Bodó, I. (2005): A limousin. (in Szabó F. szerk.) *Húsmarhatenyésztés.*
Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- 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. – Widrlechner, M.P. (1995): Genetic markers and horticultural germplasm management. *HortScience*. 30 (7) 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.
- 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.
- Dohy, J. (1979): *Állattenyésztési genetika*. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Elzo, M. A. - Famula, T. R. (1985): Multibreed sire evaluation procedures within a country. *J. Anim. Sci.*, 60.942-952.
- Elzo, M.A. (1994): Restricted maximum likelihood estimation of additive and nonadditive genetic variances and covariances in multibreed populations, *J. Anim. Sci.* 72. 3055–3065.
- Evanno, G. - Regnaut- S. - Goudet J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Mol. Ecol.*, 14, 2611-2620.

- Excoffier, L. – Laval, G. – Schneider, S. (2005): Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evol. Bioinform. Online*, 1, 47-50.
- Fésüs, L. – Komlósi, I. – Varga, I. – Zsolnai, A. (2000): Molekuláris genetikai módszerek alkalmazása az állattenyésztésben. Agroinform Kiadó és Nyomda Kft., Budapest.
- Goudet, J. (1995): FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. *J. Hered.*, 86, 485-486.
- 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.
- Grobet, L. - Martin, L. J. - Poncelet, D. - Pirottin, D. - Brouwers, B. - Riquet, J. - Schoeberlein, A. - Dunner, S. - Ménéssier, F. - Massabanda, J. - Fries, R. - Hanset, R. - Georges, M. (1997): A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscling phenotype in cattle. *Nat Genet*, 17, 1-4.
- Guba, S. (1985): A limousin fajta (In Guba S. szerk. Szarvasmarhatenyésztés. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest)
- Guichoux, E. – Lagache, L. – Wagner, S. és mtsai. (2011): Current trends in microsatellite genotyping. *Mol. Ecol. Resour.* 11, 591-611.
- Hartl, D.L. – Clark, A.G. (1997): *Principles of population genetics*, 3rd edn. Sunderland, MA, USA: Sinauer Associates Inc., 118-119.

- 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* 31.2.423-447.
- Horn, A. (szerk.) (1971): Állattenyésztési enciklopédia 1., 2., 3. köt. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Horn, P. – Stefler J. (2017): A világ állati fehérje ellátása, annak humán-egészségügyi szerepe, figyelemmel a húsmarha tenyésztésre. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 66. 4. 261-275.
- Illumina [Internet]: <https://www.illumina.com/products/microarray-kits/bovine-snp50.html>
- Ingenomix [Internet]: <http://www.ingenomix.fr/evalim.html>
- ISAG species panel [Internet]. ISAG; c2003 [cited 2018 Feb 10].
Elérhető: <http://www.isag.us/comptest.asp?autotry=true&ULnotkn=true>
- 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.
- Juge de Saint Martin, J. J. (1791): Mémoire sur l'engrais des bœufs dans la ci-devant province du Limousin et pays adjacents, par M. Juge, correspondant à Limoges, le 17 février 1791 [inséré dans les Mémoires de la Société d'agriculture de Paris, 1791]
- 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.

- Kiss, E. (1999): Növényi molekuláris genetika I., Egyetemi jegyzet Szent István Egyetem, Genetika és Növénynevelés Tanszék, Gödöllő.
- Kovács, A. – Szűcs, E. - Völgyi Csík, J. (1993): A tenyészkörzet, az évszak és az ivar szerepe a limousin borjak választási teljesítményében. *Állatteny.* Tak., 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. – Komlósi, I. – Balika, S. – Major, T. – Erdei, I. – Szabó, F. (2003): Hazai limousin állományok reprodukciós és választási eredményeinek vizsgálata. 1. közlemény: Apa modell. *Állattenyésztés és takarmányozás*, 52. 1. 25-38.
- Lengyel, Z. – Balika, S. – Polgár, J. P. – Szabó, F. (2004): Hazai limousin állományok ellés lefolyásának és választási eredményeinek vizsgálata. 2. közlemény: Apa- és egyedmodell összehasonlítása. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 53.3.199-211.
- Lengyel, Z. (2005): Húshasznú borjak választási eredményét befolyásoló környezeti és genetikai tényezők. Doktori (PhD) értekezés, Keszthely.
- Limousin [Internet 1]. Cattle International Series; c2018 [cited 2018 Feb 10]. Elérhető: <https://www.cattleinternationalseries.weebly.com/limousin.html>
- Limousin [Internet 2]. The Beef Site; c2018 [cited 2018 Feb 10]. Elérhető: <http://www.thebeefsite.com/breeds/beef/39/limousin/>
- Litt, M. és Luty, J.A. (1989): A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *American journal of human genetics*, 44, 397-401.

- 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. *Tropical Animal Health and Production*, 29,185-192.
- Magyari, A. – Bacsó, D. (1974): Tapasztalatok és kísérleti eredmények a limousin fajtavál folyó keresztezésről. *Állattenyésztés*, 23, 6, 64-74.
- Mahgoub, O. - Babiker, H.A. – Kadim, I.T. és mtsai. (2013): Disclosing the origin and diversity of Omani cattle. *Anim. Genet.* 44, 336-339.
- Marle-Köster, E.- Visser, C. - Berry, D.P. (2013): A review of genomic selection - Implications for the South African beef and dairy cattle industries. *South African Journal of Animal Science*, 43,(1), 1-17.
- Mao, Y. - Chang, H. - Yang, Z., és mtsai. (2007): Genetic structure and differentiation of three chinese indigenous cattle populations. *Biochem. Genet.*, 45, 195-209.
- Mátyás, Cs. (2002): Erdészeti-természetvédelmi genetika, Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- Meat Consumption [Internet]. OECD data; c2016 [cited 2018 Feb 10]. Available from: <https://data.oecd.org/agroutput/meatconsumption.htm>
- Meat consumption per capita in Hungary [Internet]. Piginformation System; c2004-2015 [cited 2018 Feb 10]. Available from <https://sertesinfo.aki.gov.hu/publikaciok/kuldes/a:638/Az+egy+f%C5%91re+jut%C3%B3+h%C3%BAsfogyaszt%C3%A1s+alakul%C3%A1sa+Magyarorsz%C3%A1gon>
- Meyer, K. (1992): Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Liv. Prod. Sci.*, 31, 179-204.
- Meyer, K. (1998): DFREML. Version 3.0. User Notes.

- Meyer, K. - Carrick, M. J. - Donnelly, B. J. P. (1993): Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. *J. Anim. Sci.*, 71.2614-2622.
- Mullis, K.B. és Faloona, F.A. (1987): Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods enzymology*, 155, 335-350.
- 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-Dominguez, 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-Dominguez, 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.
- Paetkau, D. - Slade, R. - Burden, M. - Estoup, A. (2004): Direct, real-time estimation of migration rate using assignment methods: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Mol. Ecol.*, 13, 55-65.

- Pásztor, E. - Fedor, A. - Kovács, K. (2013): Elemi populációgenetikai modellek és feladatok. Az ELTE Biológia Alapképzésének Evolúcióbiológia tárgyhoz készített segédanyag. Magyarázatok, levezetések, fogalom definíciók, kidolgozott feladatok és gyakorló feladatok szerkesztett és illusztrált gyűjteménye, Eötvös Lóránt Tudományegyetem, Budapest.
- Peakall, R. - Smouse, P.E. (2006): Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes*, 6, 288-295.
- Piry, S.- Alapetite, A. - Cornuet, J.M., et al. (2004): GeneClass2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *J. Hered.*, 95, 536-539.
- 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.
- Prayaga, K.C. (2007): Genetic options to replace dehorning in beef cattle – a review. *Australian Journal of Agricultural Research*, 58, 1-8.
- Radko, A. - Rychlik, T. - Rubiś, D. (2008): Analysis of microsatellite DNA polymorphism in Limousin cattle. *Ann. Anim. Sci.*, 8, 225-232.
- Rannala, B. - Mountain, J.L. (1997): Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 94, 9197-9221.
- 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.
- Rousset, F. (2008): Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Mol. Ecol. Resour.* 8, 103-106.
- Seo, J.H. - Lee, J.H. - Kong, H.S. (2017): Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationships of Korean native chicken breeds using microsatellite markers. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.*, 30, 1365-1371.
- 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.
- Stefler, J.- Horn, P.- Mihalecz, A.- Bánházi, T. (2019): Murray grey, fekete- és vörös angus borjak hőstressz reakciói legeltetési viszonyok között. *Állattenyésztés és Takarmányozás* 68. 2. 128-136.
- 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.
- Sváb, J. (1971): A populációgenetika alapjai. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Szabó, F. (1993): Fajtakülönbségek populációgenetikai elemzése a húsmarhatenyésztésben. MTA doktori értekezés.
- Szabó, F. /szerk./ (1998): Húsmarhatenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Bp.

- Szabó, F. /szerk./ (2005): Húsmarhatenyésztés. Mezőgazda Kiadó, Bp.
- Szabó, F. szerk. (2015): Általános állattenyésztés, Mezőgazda Kiadó, Bp.
- Szabó, F. (2016): A limousin (in: Holló I.-Szabó F. szerk. Szarvasmarhatenyésztés. Mezőgazda Kiadó Budapest)
- Szabó, F. - Bery, D. -Tempfli, K. (2017): Genomikai tenyésztéértébecslés a húsmarhatenyésztésben. Állattenyésztés és Takarmányozás, 66. 4.316-330.
- Szőke, Sz. - Komlósi I. (2000): A BLUP modellek összehasonlítása. Állattenyésztés és Takarmányozás, 49.3.231.
- Tanksley, S.D.- Orton, T.J. (1983): Isozymes in plant genetics and breeding. Elsevier, Amsterdam, 472.
- Takezaki, N. - Nei, M. - Tamura, K. (2010): Software for constructing population trees from allele frequency data and computing other population statistics with Windows interface. Mol. Biol. Evol., 27, 747-752.
- Texier-Olivier, L. (1808): Statistiques générales de la France. Département de la Haute-Vienne, Testu,
- Tózsér, J. – Dobra, L. – Domokos, Z. – Kertész, I. – Zsoltész, S. (1996): Charolais borjak választási teljesítményének értékelése egy törzstenyésztésben. Állatteny. Tak., 45.349-357.
- Tózsér, J. – Bedő, S. – Balika, S. – Kovács, A. – Farkas, I. – Farkas, L. (1998): Javaslat limousin tehenek szelekciós indexének módosításához. Állattenyésztés és Takarmányozás, 47.3.195-203.
- Tózsér, J. – Balika, S. – Komlósi, I. (2002): Estimation de l' héritabilité du poids vif au sevrage pour la race Limousine. Renc. Rech. Ruminants, 9. 97.

- Trus, D. - Wilton, J. W. (1988): Genetic parameters for maternal traits in beef cattle. *Can. J. of Anim. Sci.*, 68.119-128.
- Van Oosterhout, C. - Hutchinson, W.F. - Wills, D.P.M. - Shipley, P. (2004): Microchecker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol. Ecol. Notes*, 4, 5358.
- Van Vleck, L. D. - Hakim, A. F. - Cundiff, L. V. - Koch, R. M. - Crouse, J. D. - Boldman, K. G. (1992): Estimated breeding values for meat characteristics of crossbred vattle with animal model. *J. Anim. Sci.*, 70.363-371.
- Van Vleck, L. D. - Gregory, K. E. - Benett, G. L. (1996): Direct and maternal covariances by age of dam for weaning weight. *J. Anim. Sci.*, 74.1801-1805.
- Weaver, R.F. - Hedrick, P.W. (2000): *Genetika. Panem Könyvkiadó, Budapest*, 618.
- 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.
- Zsolnai, A. - Kovács, A. - Anton, I. és mtsai. (2014): Comparison of different Hungarian grey herds as based on microsatellite analysis. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 32, 121-130.
- Zsolnai, A. - Maróti-Agóts, Á. - Kovács, A. – Bâlteanu, A.V. - Kaltenecker, E. - Anton, I. (2020): Genetic position of Hungarian Grey among European cattle and identification of breed-specific markers. *Animal* (in press) DOI: <https://doi.org/10.1017/S1751731120000634>

13. PUBLIKÁCIÓK

13.1. Az értekezés témakörében megjelent publikációk

13.1.1. Idegen nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk

Márton Szűcs - Ferenc Szabó - Beáta Bán -Csilla Józsa - László Rózsa - Attila Zsolnai - István Anton (2019): Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationship of Limousin herds in Hungary using microsatellite markers. Asian-Australasian Journal of Animal Science, 32 (2), 176-182. <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0164>

IF: 1,227 (Q1)

Ferenc Szabó - **Márton Szűcs** - Károly Tempfli - Donagh Berry (2018): Upgrading breeding value estimation in beef cattle. Acta Agraria Debreceniensis, 150. 451-458.p.

13.1.2. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk

Szűcs, M. – Szabó, F. – Márton, J. – Anton, I. -Zsolnai, A. – Bene, Sz. (2020): Hagyományos tenyésztékbecslési módszerek összehasonlítása limousin húsmarha fajtában. Állattenyésztés és takarmányozás (megjelenés alatt).

Bene, Sz. – **Szűcs, M.** – Polgár, J. P. – Szabó, F. (2017): Különböző modellekkel becsült örökölhetőségi és tenyésztékek fajtatiszta és

keresztezett hústípusú borjak választási adatbázisán. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 66. 3. 206-224.

Bene, Sz. - **Szűcs, M.**, Polgár - J. P., Szabó, F. (2017): Fajtán belüli és fajták közötti tenyésztéértékbecslés a húsmarhatenyésztésben. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 66. 4. 331-346.

13.1.3. Konferenciakiadványban megjelent közlemények magyar nyelven

Bene, Sz. – **Szűcs, M.** – Polgár, J. P. – Szabó, F. (2017): Tenyésztéértékek becslése fajtatiszta és vegyes genotípusú húshasznú szarvasmarha populációkban. LIX. Georgikon Napok, Állattenyésztés és Takarmányozás Szekció. 2017. szeptember 28., Keszthely. 54. ISBN: 978-963-9639-88-1.

Bene, Sz. – Polgár, J. P. – **Szűcs, M.** – Szabó, F. (2017): Örökölhetőségi értékek becslése fajtatiszta és vegyes genotípusú húshasznú szarvasmarha populációkban. XXIII. ITF, Állattudományok Szekció. 2017. május 26., Keszthely, 1.3.1-6., ISBN: 978-963-9639-87-4.

Szűcs, M. – Az értékmérő tulajdonságok alakulása a szarvaltság függvényében a hazai limousin populációban. XXXVI. Óvári Tudományos Nap, Mosonmagyaróvár, 2016.november 10. (Szerk.: Bali-Papp Ágnes és Szalka Éva) ISBN 978-615-5391-79-8:283.

13.2. Az értekezés témakörén kívüli közlemények

13.2.1. Magyar nyelvű folyóiratban megjelent lektorált cikk

Szabó, F. – Balika, S. – **Szűcs, M.**- Bene, Sz. (2007): Limousin borjak választási eredménye. 1. Környezeti hatások. Állattenyésztés és Takarmányozás, 56. 6. 541-549.

Szabó, F.- Tempfli, K. – Márton, I. – Márton, J.- **Szűcs, M.** – Keller, K. (2013): A húsmarhatartás környezetének és genetikai alapjainak bioökonómiai értékelése. Állattenyésztés és Takarmányozás, 62. 4. 398-410.

Szabó, F.- Szabó, E.- Gulyás, L.-Pongrácz, L.- Tempfli, K. – Kovács, Á.- **Szűcs, M.**- Keller, K. (2014): A legeltetési időszak hosszának hatása a húsmarhák néhány értékmérő tulajdonságának ökonómiai súlyára és a húsmarhatartás eredményességére. Acta Agronomica Óváriensis. Vol. 56. No 1. 3-12.

14. MELLÉKLETEK

1. MELLÉKLET

A hazai húshasznú szarvasmarhafajták tehén- és üszőlétszámai NÉBIH-ENAR fajtakód alapján gyűjtött adatok alapján (2018. szeptember)

Fajta	Tehénlétszám	8 hó feletti üsző	Összesen	%
Limousin	34.000	14.000	48.000	20
Charolais	28.000	10.000	38.000	15
Magyar szürke	25.000	4.000	29.000	12
Húshasznú magyartarka	21.000	6.000	27.000	10
Angus	14.000	4.500	18.500	8
Blonde d'Aquitaine	3.200	1.400	4.600	3
Hereford	2.800	500	3.300	2
Egyéb húshasznú szarvasmarha	56.000	16.000	72.000	30
Összesen	184.000	56.400	240.400	100

2. MELLÉKLET

A molekuláris genetikai elemzésbe vont 16 telep (A-P) és a vizsgált egyedek száma telepenként:

Telep betűjele	Telep neve	Vizsgált egyedszám
A	Gyöngysziget Kft.	85
B	Dél-Pest Megyei Mg. Zrt.	54
C	Ráczné Sándor lidikó	37
D	Lovasberényi Agrár Kft.	79
E	Skamla-cégcsoport	21
F	Agropoint Kft.	404
G	Szombati Gáborné	58
H	Oláh Judit	25
I	J.M.K. Kft.	87
J	Serester Zsolt	180
K	Agrota 2-L Kft.	1076
L	Szücs-Sipos Márta	60
M	Mozsgai József	48
N	Imár Bt.	291
O	Bakony Ho-Li Kft.	786
P	Cziráki Gábor	152

