

Öröklődhetőségi érték becslése holstein-fríz szarvasmarha befejési adatokból

Márkus Szilárd¹ – Bognár László² –
Fazekas István³ – Béri Béla¹ – Komlósi István¹

¹Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum,
Mezőgazdaságtudományi Kar,

Állattenyésztéstudományi Intézet, Debrecen

²Holstein-fríz Tenyésztők Egyesülete, Budapest

³Debreceni Egyetem Informatikai Kar,

Alkalmazott Matematika és Valószínűségszámítás Tanszék,
Debrecen

szmarkus@agr.unideb.hu

ÖSSZEFOGLALÁS

A befejési nap modellt egyre szélesebb körben alkalmazzák a tejhasznosítású szarvasmarhák tenyészték-becslésében. A módszer előnye a teljes laktációs modellel szemben, hogy a vizsgálatok során olyan tényezőket, mint például az egyedeket a laktáció különböző szakaszaiban ért környezeti hatások, is számításba lehet venni, amelyeket a 305 napos módszer esetén csak nehezen lehetne modellezni. A befejési nap modell emiatt pontosabb, mint a korábban alkalmazott modellek. A módszer legfőbb hátránya a nagy számítási igény, ami a számítástechnika fejlődésével egyre könnyebben kezelhető.

Ezen cikk tárgya a magyarországi holstein-fríz szarvasmarhák befejési adatainak vizsgálata fix regressziós befejési nap modellel. A tej-, tejszír- és tejfehérje-mennyiségekre, valamint a szomatikus sejtszámra vonatkozóan 0,26, 0,2, 0,24 és 0,06 öröklődhetőségi értékeket kaptunk.

Kulcsszavak: befejési nap modell, öröklődhetőségi érték, Wilmink-függvény

SUMMARY

Recently, test day models (TDM) began to be increasingly used for the genetic evaluation of dairy cattle. The main advantage of the TDM compared with the 305 days lactation yield models is that more effects can be used in the evaluation. Therefore, the TDM is more accurate than the lactation models. The main disadvantage is the increased computational requirement, but this can be offset by improvements in computer capabilities.

The topic of this paper is the use of a fix regression test day model to estimate the inheritabilities of test day data from Hungarian Holstein-Friesian dairy cattle. The inheritability was 0.26 for milk production, 0.2 for fat production, 0.24 for protein production and 0.06 for the somatic cell count.

Keywords: test day model, inheritability, Wilmink-function

BEVEZETÉS

A tejelő szarvasmarhák tenyészték-becslésében az utóbbi időben a teljes laktációs modellel szemben a kutatók egyre nagyobb figyelmet fordítanak a befejési nap modellre (BNM). Ennek oka, hogy a befejésekből származó adatok vizsgálata pontosabb becslést eredményez.

A BNM-k alkalmazásával figyelembe vehetők az egyedeket a laktáció különböző szakaszaiban ért környezeti hatások. További előnyük, hogy a teljes és részleges laktációra vonatkoztatva is számítható tenyészték, és a részlaktációk közötti korreláció is. Annak következményeként, hogy a laktáció egyes szakaszait részleteiben is vizsgálhatjuk, lehetőség nyílik a perzisztencia számítására is.

A nagymennyiségű befejési adat, és így a BNM alkalmazása hátrányokkal is jár, hiszen nehezen kezelhető, jelentősen növekedik a szükséges számolási kapacitás. Hátrányként említhető még, hogy egyes országokban a korábbi befejési adatokat nem archiválták, s csak laktációs adatok állnak rendelkezésre, emiatt az egyedek tenyésztékét csak ivadékaik alapján lehet becsülni (Jensen, 2001; Szyda és Liu, 1999).

A módszer napjainkban egyre elterjedtebb, az Interbull tagországok közül Észtországban egy tulajdonságra többlaktációs fix regressziós, Csehországban, Hollandiában és Németországban egy tulajdonságra többlaktációs random regressziós, míg Belgiumban, Olaszországban és Finnországban több tulajdonságra többlaktációs random regressziós modellt alkalmaznak (Interbull, 2005).

Debreceni Egyetemen az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézettel (OMMI) és a Holstein-fríz Tenyésztők Egyesületével (HFTE) együttműködve dolgozunk a magyarországi BNM kialakításán.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálat alapjául az 1999 és 2005 között ellett magyarországi holstein-fríz tehének befejési adatai szolgálnak, amelyek az OMMI és a HFTE egyesített adatbázisából származnak. A vizsgálat során azon első, második és harmadik laktációs egyedek tej-, tejszír- és tejfehérje-mennyiségi, valamint szomatikus sejtszám adatait vettük figyelembe, amelyek legalább 75%-os holstein-fríz génhányaddal rendelkeznek, első elléskori életkoruk legalább 21 hónap. Minden egyednél csak a laktáció 5. és 305. napja közötti adatokat használtuk, úgy, hogy az adott laktáció során a legelső befejés a laktáció 51. napja előtt volt, az utolsó legalább a 260. napon.

Így a vizsgálatban 181294 első, 99178 második és 59823 harmadik laktációs tehén összesen több mint 3,2 millió adata szerepelt.

A jelenlegi hazai laktációs modellben a hiányzó befejési adatokat Wilmlink-függvényt használva pótolják (Tenyészbika teljesítmény összesítő, 2006), ezért az elemzés során is ezt a függvényt használtuk a laktációs görbék modellezésére. A modell képlettel a következő módon írható fel:

$$y_{ijklm} = htd_{il} + \sum_n \beta_{ijn} x_{klmn} + a_{kl} + pe_{kl} + e_{ijklm}$$

ahol

y_{ijklm}	a mért befejési adat,
htd_{il}	a laktációban eltöltött napoktól (DIM) független fix hatás,
β_{ijn}	fix regressziós együttható,
x_{klmn}	a Wilmlink-függvény n . tagja a DIM függvényében,
a_{kl}	véletlen additív genetikai hatás,
pe_{kl}	véletlen állandó környezeti hatás,
e_{ijklm}	véletlen hiba.

A Wilmlink-függvény pedig a következő módon adható meg:

$$f(t) = \beta_1 + \beta_2 t + \beta_3 e^{-0.05t}$$

ahol t a laktációban eltöltött napok számát jelöli.

A kezelési csoportok kialakításánál figyelembe vettük, hogy az egyes egyedek melyik évben, milyen hónapban és korban ellettek, melyik tenyészetben termelnek, hányadik laktációban vannak, milyen hosszú az aktuális és az előző szervizperiódusuk, milyen holstein-fríz génhányaddal rendelkeznek. Az ellési kor szerint hat csoportot alakítottunk ki: első laktációban külön csoportba soroltuk a 27 hónapos kor előtt és az után, második laktációban a 40 hónapos kor előtt és az után, míg harmadik laktációban az 54 hónapos kor előtt és az után ellett egyedeket.

A szervizperiódus és előző szervizperiódus hossza szerint öt csoportot alakítottunk ki: 21 és 42 nap, 43 és 63, 64 és 84 nap, 85 és 105 nap közötti, valamint a 105 napnál hosszabb. A genotípus szerinti csoportosítás a konstrukciós kódok alapján történt.

A fix hatásokat SAS 9.1 (SAS 9.1 User's Manual, 2002), a variancia komponenseket pedig PEST (PEST User's Manual, 1990) és VCE-5 (VCE-5 User's Guide, 2003) szoftverek segítségével becsültük.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉS

Az 1. ábrán megfigyelhető a Wilmlink-függvény illeszkedése a mért befejési adatok naponkénti átlagaira. A napi tejmenyiség adatokra a klasszikus laktációs görbe alakja jellemző. Ebben az esetben a görbe alakja Wilmlink-függvénnyel jól közelíthető. A tejszír mennyiségek lineárisan csökkenő tendenciát mutatnak. A tejfehérje mennyiségek alakulása kis mértékben eltér a zsír tendenciájától. A szomatikus sejt szám értékek a laktáció csúcsáig csökkennek, majd onnan a laktáció végéig emelkednek. A tulajdonságok h^2 - és illeszkedési statisztikai értékei – $h^2_{tej} = 0,26$ (AG Log likelihood = 375060,7), $h^2_{zsír} = 0,20$ (AG Log likelihood = 678269,8), $h^2_{fehérje} = 0,24$ (AG Log likelihood = 514829,9), $h^2_{szom.sejt} = 0,06$ (AG Log likelihood = 1019035,3) – az irodalmi adatoknak megfelelően alakulnak (Tenyészbika teljesítmény összesítő, 2006; Koivula és mtsai, 2004).

Hazánkban először dolgoztunk ki fix regressziós befejési nap modellt. Ezen cikk eredményei megmutatták, hogy a Wilmlink-függvény alkalmazható a magyar befejési adatokra.

A későbbi vizsgálataink során szeretnénk megvizsgálni más modelleket – többek között olyan modelleket, amelyekben a laktációs görbét Ali-Schaeffer-függvénnyel, vagy Legendre-polinomokkal közelítjük, valamint random regressziós modelleket –, és azokat összehasonlítani az ebben a cikkben leírt modellel, valamint egymással is.

IRODALOM

- Groeneveld, E. (1990): PEST User's Manual.
- Jensen, J. (2001): Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test-Day Models, Journal of Dairy Science 84, 2803-2812.
- Koivula, M.-Negussie, E.-Mantysaari, E.A. (2004): Genetic parameters for test-day somatic cell count at different lactation stages of Finnish dairy cattle, Livestock Production Science 90:146-157
- Kovac, M.-Groeneveld, E. (2003): VCE-5 User's Guide and Reference Manual Version 5.1.
- Szyda, J.-Liu, Z. (1999): Modelling test day data from dairy cattle, Journal of Applied Genetics 40, 103-116.
- HFTE (2006. november): Tenyészbika teljesítmény összesítő.
- INTERBULL (2005): <http://www.interbull.slu.se>, National GES information.
- SAS 9.1.User's Manual (2002) SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

1. ábra: Az egyes befejezési napokra mért átlagos tej-(a), tejsír-(b), tejfehérje-(c) és szomatikus sejt-szám(d) mennyiségek a DIM függvényében és a rájuk illesztett Wilmink-függvények

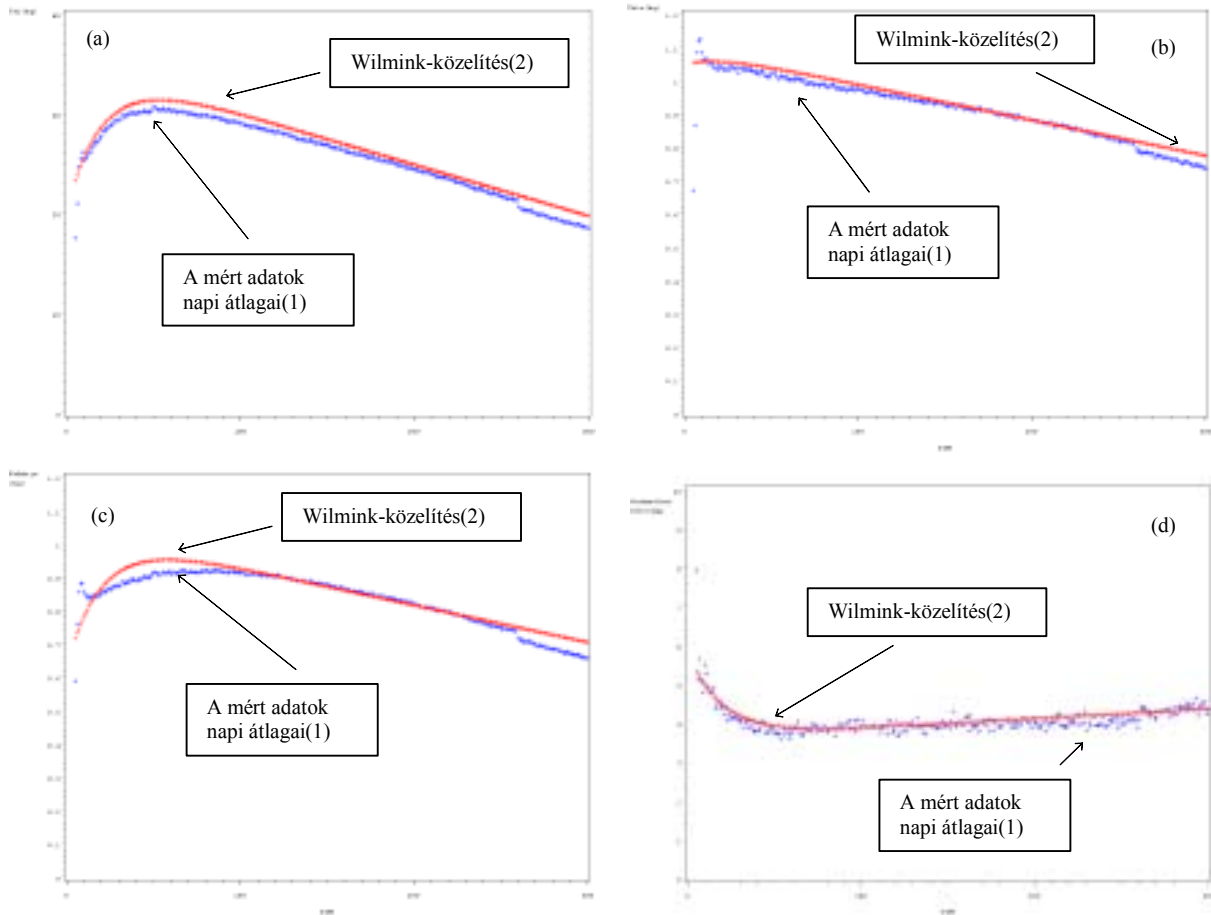


Figure 1: The daily averaged milk (a), fat (b), protein (c) and somatic cell count (c) test day records and their approximations with Wilmink-function
daily averaged TD records(1), Wilmink-approximation(2)