



Magyar merinó állományok közötti genetikai kapcsolat vizsgálata

¹Nagy I., ²Bálint P., ¹Komlósi I., ³Sáfár L.

¹Debreceni Agrártudományi Egyetem, Állattenyésztési és Takarmányozástani Tanszék
Debrecen, 4032 Böszörményi út 138.

²Kossuth Lajos Tudományegyetem, Debrecen, Pf. 76. Egyetem tér 1.

³Magyar Juhtenyésztők Szövetsége, Budapest, 1051 Arany János út 10.

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők az 1979-1995 közötti magyar merinó tenyészetek koshasználaton keresztüli genetikai kapcsolatát vizsgálták. A tenyészetek a vizsgálati periódusban átlagosan 35 koszt használtak. A 94 azonosítható tenyészet között 4371 féle kapcsolat lehetséges, ennek 11.7%-ában (511) használtak az üzemek páronként legalább egy-egy közös koszt. Az adatokat összesítve - megye szinten - megállapítható volt, hogy a megyén belüli tenyészetek közötti koshasználati arány átlagosan 23%. Ugyanez a mutató a megyék közötti tenyészetek esetében mindössze 7%. A megyék közötti tenyészetek koshasználati aránya a szomszédos megyékben nagyobb, a megyék közti távolság növekedésével csökken. A tenyészetek közötti koshasználat terén megyén belül, illetve a megyék között kiemelkedtek Hajdú-Bihar, Pest és Szolnok megye tenyészei. E három megye 4-4 tenyészetét kiválasztva, a tenyészetek közötti koshasználat aránya nagymértékben növelhető volt anélkül, hogy a megyékben összesen felhasznált kosok mennyiségét lényegesen csökkentettük volna. A kiválasztott 12 tenyészet országos szinten szoros genetikai kapcsolatot mutat, mely alapján javasolható az egyedmodell ezen egységen történő kísérleti bevezetése. Ehhez önálló módszert dolgoztak ki, Foxpro 2.6 for Windows program formájában, mely matr.prg néven az ftp://major.date.hu/pub/cikkek címen érhető el, az mnagy.dbf output állománnyal együtt.

(Kulcsszavak: juhtenyésztés, genetikai kapcsolat, koshasználat)

ABSTRACT

Examination of the genetic relation between Hungarian Merino stocks

I. ¹Nagy, P. ²Bálint, I. ¹Komlósi, L. ³Sáfár

¹Debrecen University of Agriculture, Department of Animal Breeding and Nutrition
Debrecen, 4032 Böszörményi út 138

²Kossuth Lajos University, Debrecen, Pf. 76. Egyetem tér 1

³Hungarian Sheep Breeders' Association, Budapest, 1051 Arany János út 10

Genetic connectedness of the Hungarian Merino sheep population was examined between 1979 and 1995 through the use of rams across different flocks. The output file (mnagy.dbf) can be found at the same site. The average number of rams used by the flocks during the period examined was 35. Among the 94 flocks there were 4371 possible connections where across-use of the rams could be carried out. Only 511 cases

(11.7%) with greater connection than zero were found. On totalling the results to county level it can be concluded that the average proportion of the across-flock use of the rams was 23%. Among the counties this value was considerably lower at only 7%. The use of the rams across the flocks of different counties was the highest in the case of the neighbouring counties and decreased as the distance between the counties increased. The flocks of Hajdú-Bihar, Pest and Szolnok counties showed the best results regarding the across-use of the rams among the flocks. By choosing 4 flocks from each county connectedness could be improved greatly without diminishing the total number of rams used in these counties. As the connectedness of these 12 flocks was reasonable it can be suggested that the animal model could be experimentally introduced in the breeding value estimation procedure for the above region. The authors developed an original method which can be applied by running a Foxpro 2.6 for Windows program (matr.prg) available at <ftp://major.date.hu/pub/cikkek>.

(Keywords: sheep breeding, genetic connectedness, ram usage)

BEVEZETÉS

Az utóbbi néhány évben megfigyelhető volt a BLUP eljárás, s azon belül az úgynevezett egyedmodell elterjedése a magyar tenyésztékbecslés gyakorlatában is. A sertésenyésztésben *Groeneveld és munkatársai* (1996) a magyar nagyfehér húsertés és a magyar lapály sertés állományok átfogó vizsgálatát végezték el a fenti módszert alkalmazva. A szarvasmarha tenyésztékbecslésében az eddigi anyai nagyapa modellről 1999. januárjától áttértek az egyedmodellre. A húsmarhatenyésztésben az egyedmodell alkalmazása a tenyésztékbecslésben szintén kötelező lesz a jövőben, míg a juhtenyésztésben - bár az egyedmodellt még nem alkalmazzák - a BLUP értékelés a tenyészkosindex egyik összetevője (*Székely és mtsai* 1997). Az egyedmodell egyik fontos jellemzője, hogy minden egyes saját, vagy rokoni teljesítménnyel rendelkező egyedre tenyészérték számítható. Ahhoz, hogy ne csak tenyészetben belül, hanem több tenyészet viszonylatában tenyészértéket számíthassunk, ezek között genetikai kapcsolatnak kell lenni és a kapcsolatok befolyásolják a számított tenyészértékek tenyészetek közötti összehasonlíthatóságának megbízhatóságát (*Hofer*, 1995). A kanadai és amerikai tenyészvikák közötti genetikai kapcsolat mértékének megállapítására *Banos és Cady* (1987) a rokonsági mátrix (A) inverzét használták. Bármely két *i* és *j* bika akkor áll egymással rokonságban ha az a_{ij} értéke a rokonsági mátrix inverzében eltért a nullától. Az átlagos a_{ij} érték a rokonsági mátrix inverzében 4.6×10^{-5} volt. Az említett szerzők megállapították, hogy bár a rokonsági szint mértéke alacsony, elegendő ahhoz, hogy a kanadai és az amerikai bikák tenyészértéke összehasonlítható legyen. A becült tenyészértékek összehasonlításának egyik legelfogadottabb mérőszáma a tenyészértékek úgynevezett becült hibavariáciája (PEV). A PEV az a variancia, mely a mért fenotípusos értékben mutatkozik és nem magyarázható az additív genetikai érték fenotípusra vonatkozó regressziójával (*Cameron*, 1997). Feltételezve, - az egyszerűség kedvéért - hogy az örökölhetőség és az ismételhetség egymástól nem különbözik, $PEV = (\lambda/n + \lambda) \times \sigma^2 A$, ahol $\lambda = (1-h^2)/h^2$, $\sigma^2 A$ az additív genetikai variancia és *n* az egyedenkénti megfigyelések száma. A PEV a becült tenyészértékek konfidencia intervallumának számítására is alkalmas. *Kennedy és Trus* (1993) a tenyészértékek állományok közötti összehasonlítása során, az állományon belüli növekvő genetikai kapcsolat esetén a PEV növekedését, állományok közötti növekvő genetikai kapcsolat esetében viszont a PEV csökkenését figyelték meg. Az előbbi szerzők megállapították, hogy a különböző tenyészetekben lévő egyedek becült

tenyésztérei közötti különbség becsült hibavariáciája a tenyészetek közötti kapcsolat kifejezésére jelenleg a legjobb alkalmazható módszer. *Cottle és James (1997)* merinó állományokban vizsgálta az említett módszert. A kapott eredmények igazolták a módszer helytállóságát. Említést kell azonban tenni arról, hogy nagyméretű állományok esetében a számítás nehézkes, esetenként túlságosan nagy kapacitást igényel. *Kennedy és Trus (1993)* ezért néhány alternatív megoldást is javasolt a tenyészetek közötti kapcsoltság megállapítására. Az egyik alternatíva a gene-flow módszer alkalmazása. A genetikai kapcsolatot egy mátrix szorzás segítségével írhatjuk le, $X'ZTQ$, ahol X és Z a tenyészetek és az egyedek előfordulási mátrixa. Q az állatok származását azonosítja (tenyészetekre nézve), T pedig egy alsó háromszögmátrix, mely a gének egyik generációról a másikra történő áramlását írja le. Ha az egyedek egy megfigyeléssel szerepelnek az adatbázisban, akkor a $X'ZTQ$ i-edik sorában lévő elemek összege az i tenyészetben termelő egyedek számát adja meg. Az $X'ZTQ$ ij-edik eleme azt mutatja meg, hogy mi a j tenyészetben szereplő ősöknek az i tenyészetben termelő egyedekre vonatkozó genetikai hozzájárulása. Az i tenyészet j tenyészetből származó génjeinek az arányát úgy kapjuk meg, hogy az ij-edik elemet osztjuk az $X'ZTQ$ i-edik sorának összegével. A PEV módszer és a gene-flow módszer közötti korreláció 0.671 volt, vagyis mint alternatív eljárás javasolható a tenyészetek közötti rokonsági szint mértékének felderítésére, különösen abban az esetben, ha a szelekciós döntéseket a becsült tenyésztérek üzemek közötti összehasonlítása alapján végzik. Dolgozatunkban fel kívántuk kelteni a figyelmet a tenyészetek közötti rokonsági fok felderítésének fontosságára, mely különösen jelentős, ha a szelekciós döntések az egymástól eltérő tenyészetben termelő egyedek becsült tenyésztékeinek összehasonlításán alapulnak. Ezen túlmenően be kívántuk mutatni azokat a főbb eljárásokat, melyeket más országokban már alkalmaznak a tenyészetek közötti kapcsoltság mértékének kifejezésére, végül egy olyan általunk kifejlesztett gyors és könnyen alkalmazható módszert szeretnénk bemutatni a magyar merinó állományokon keresztül, mely a tenyészetek közötti kapcsolatra nézve az apai oldalra vonatkozóan ad előzetes, könnyen áttekinthető eredményt.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálat során felhasznált magyar merinó állományokra vonatkozó adatokat a Magyar Juhtenyésztők Szövetsége gyűjtötte 1979-1995 között. A vizsgálat kezdetén 94 egymástól különböző tenyészetet, 1979-1995 között 3298 tenyészkest lehetett elkülöníteni. Az alkalmazott eljárás a második szerző által (Foxpro 2.6 for Windows) írt program (1. függelék), amely a tenyészetek közötti apahasználatot mutatja be. A program futtatása létrehoz egy felső háromszög mátrixot, melynek egy-egy sora, illetve oszlopa egy-egy telep apahasználatát jellemzi. A mátrix főátlójában levő elemek a megfelelő telepeken használt apák számát jelentik. A mátrix $MX[i,j]$ eleme (i<j) az i. és a j. telep által közösen használt apák számát jelenti. A főátló alatti elemek 0-k ($MX[i,j]=MX[j,i]$ miatt ugyanis ezt a részt nem szükséges kitölteni). A jobb átláthatóság kedvéért a tartók azonosítóit, mint sor- és oszlopjelölőket a mátrix első sorába illetve első oszlopába tettük.

	T1 azon	T2 azon	...	T100 azon
T1 azon	$MX[2,2]$	$MX[2,3]$...	$MX[2,101]$
T2 azon	$MX[3,2]$	$MX[3,3]$...	$MX[3,101]$
...
T100 azon	$MX[101,2]$	$MX[101,3]$...	$MX[101,101]$

A program maximum 100 tenyészetet tud vizsgálni egyszerre. Ennél kevesebb tenyészet esetén a mátrix utolsó sorai/oszlopai 0-val lesznek feltöltve. A forráskód megfelelő helyeken történő módosításával (a mátrixok mérete) és az output állomány szerkezetének megváltoztatásával (ezt a matrix.dbf hordozza) a tartók száma megnövelhető.

A program három adatbázis-állomány segítségével építi fel a mátrixot, amit szintén egy állományban tárol el. Az állományok szerkezete: apatart.dbf (apafülszám, tartó), telep.dbf (tartó), matrix.dbf (tazon,a1,a2,...,a100), mnagy.dbf (tazon,a1,a2,...,a100) Az apatart.dbf elsődlegesen apafülszám, másodlagosan tartó mezők szerint van rendezve. A telep.dbf tartó mező szerint van rendezve. A matrix.dbf az output fájl struktúráját hordozza. Az mnagy.dbf az output fájl. A mátrix itt a következőképp jelenik meg:

Tazon	A1	A2	...	A100
	T1 azon	T2 azon	...	T100 azon
T1 azon	MX[2,2]	MX[2,3]	...	MX[2,101]
T2 azon	MX[3,2]	MX[3,3]	...	MX[3,101]
...
T100 azon	MX[101,2]	MX[101,3]	...	MX[101,101]

A mátrix konstrukciója

Minden elem 0. Az első sort/oszlopot a növekvő sorban rendezett tartók azonosítóival töltjük fel. Az apatart.dbf állományból (ami apafülszám szerint rendezve van) beolvassuk az aktuális apát használó összes tartót. Meghatározzuk ezek sorszámát és ezeket eltároljuk a TARTÓK[] tömbbe. Ezen tömb elemeinek képezzük minden lehetséges párosítását, és ezen sorszámpárokra megfelelő MX[] mátrixelemet növeljük eggyel (közös apa két tartónál). Továbbá a TARTÓK[] tömb minden elemének megfelelő főátlóbeli elemet növelünk eggyel (ezt az apát használta ez a tartó). Ezt a lépést addig ismételjük, amíg a fájl végére nem érünk.

A program fontosabb változói

MX[] a 101 x 101-es mátrix
 TARTOK[] adott apát használó tartók sorszámait (nem azonosító) tartalmazó tömb
 aktapa az aktuális apa a feldolgozás közben
 tc az aktuális apát használó tartók száma

Algoritmus részletesen

- környezet beállítása, adatállományok előkészítése (1-10)
- MX[], TARTOK[] tömbök létrehozása, MX[] feltöltése 0-kal (11-12)
- a telep.dbf fájlból MX[] első sorába és oszlopába beolvassuk a tartók azonosítóit (13-20)
- aktapa=0, tc=0, az aktuális apát és a hozzá tartozó tartók számát kinullázzuk (24-25)
- beolvasunk egy rekordot az apatart.dbf fájlból
- ha ennek apafülszáma nem egyezik meg az apatart-tal
- párokat képzünk a TARTÓK[] tömb elemeiből, és az MX[] mátrix ezen indexnek megfelelő elemeit 1-gyel növeljük (megj.: itt a TARTÓK[] tömbbeli indexekhez képest a mátrixbeli elemek 1-el el vannak tolva), a tartók számát tc tartalmazza (28-34)
- tc=1 (tartók számát 1-re állítjuk) (35)

- egyébként
- $tc=tc+1$ (tartók száma 1-el nő) (37)
- megkeressük, hogy $MX[]$ -ben az aktuális rekordhoz tartozó tartó milyen sorszámmal rendelkezik, az ennek megfelelő indexű főátlóbeli elemet eggyel növeljük, és a sorszámot eltesszük a
- TARTÓK[] tömbbe (39-44)
- ezt ismételjük, amíg a fájl végéig nem érünk
- a mátrixot fájlba írjuk (47-48).

EREDMÉNY ÉS ÉRTÉKELÉS

A program futtatásával létrehozott állomány nagy mérete miatt az eredmények és következtetés csak részben közölhető. A DATE Állattenyésztés és Takarmányozástani Tanszékének FTP könyvtárában (<ftp://major.date.hu/pub/cikkek>) viszont az állomány, valamint az 1. *függelék*-ben közölt program rendelkezésre áll. Az anyag és módszer részben leírtaknak megfelelően az eredményfájl egy mátrix, melynek főátlójában az egyes tenyészeteken belül használt apák száma található. A tenyészetek helységneveit zárójelben közöljük, de a tenyészet pontos neve, illetve a tartó megnevezése helyett csupán a tenyészetek kódjait adjuk közre. A vizsgált periódus (1979-1995) során a tenyészetek átlagosan 35 koszt használtak, illetve ha a 10 kosznál kevesebbet használókat kizártuk, a fennmaradó 52 tenyészet által használt kosok átlaga 60 egyedre nőtt. Legtöbb koszt a 311331 kódjús tenyészet (Törtel) használta, 191-et. Második helyet foglalt el a 305262 kódjús tenyészet (Mezőkeresztes) rendelkező tenyészet (176 kos), a 334240 kódjús tenyészet (Hajdúböszörmény) 156 koszt használta, ezzel a harmadik helyen állt. Mivel $94 \times (94-94)/2$, azaz 4371 átló feletti mátrix elem létezik, vagyis ennyi tenyészetek közötti kapcsolat lehetséges (függetlenül az egyes kapcsolatok szorosságának mértékétől). Adott i és j tenyészet közös apahasználat által kapcsolatban van egymással, ha az MX mátrix a_{ij} átló feletti eleme nem egyenlő nullával. MX mátrix 511 esetben tartalmazott nullától eltérő átló feletti elemet, vagyis az állományok mintegy 11.7%-ában legalább páronként egy-egy közös koszt használtak, így ezáltal közöttük valamilyen szinten genetikai kapcsolat alakult ki. Egy-egy tenyészet maximum 93 másik tenyészettel tudott közös koszt használni a vizsgált periódusban. A legtöbb tenyészettel a legtöbb koszt használó 311331 kódjús tenyészetnek (Törtel) volt kapcsolata. Ez a tenyészet 39 más állománnyal (41.9%) használt legalább egy-egy közös apaállatot. 32 tenyészettel (34.4%) használt közös apaállatokat a 301563 (Kiskunhalas) tenyészet, valamint a 334240 kódjús (Hajdúböszörmény). Érdekességképpen megemlíthető, hogy a 301563-as kódjús tenyészet mindössze 42 koszt használt a vizsgált periódus során. A következő helyen a 305262 kódjús tenyészet (Mezőkeresztes) áll, mely 31 (33.3%) más tenyészettel használt legalább egy-egy közös koszt 1979-1995 között. Az eredményeket a jobb áttekinthetőség érdekében célszerű a megyék szintjén összesíteni.

Ennek eredményét az 1. *táblázatban* adtuk meg oly módon, hogy 18 sorból, illetve oszlopból álló mátrix átlóban elhelyezkedő elemei a megyén belüli tenyészetek közötti koszasználat arányát adják a maximális értékhez viszonyítva. Zárójelben az egyes megyéken belüli tenyészetek közötti kapcsolatok számát is közöltük. (Adott megyén belüli tenyészetek száma legyen egyenlő pl. k -val, ebben az esetben a maximális száma a megyén belüli kapcsolatok számának a közös koszasználatra

vonatkozóan $= (k \times k - k) / 2$.) Az átló feletti elemek a megyén kívüli tenyészetek közötti koshasználat arányát adják, a maximális értékhez viszonyítva. A kapcsolatok számát zárójelben itt is közöltük. Ha két adott megyében lévő tenyészetek száma p illetve k , a maximális érték $= p \times k$ az üzemek közötti közös koshasználatra vonatkozóan. A megyén belüli kapcsolatok átlagos aránya 23%.

1. táblázat

Megyéken belüli és közötti koshasználati arány

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	18		
0.4 (6)	0.17 (7)	0.03 (1)	0.0 (0)	0.11 (2)	0.12 (3)	0.04 (1)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.08 (1)	0.0 (0)	0.11 (7)	0.0 (0)	0.02 (1)	0.0 (0)	0.38 (7)	0.0 (0)	1	
	0.24 (5)	0.14 (5)	0.08 (6)	0.19 (4)	0.17 (5)	0.07 (2)	0.18 (15)	0.0 (0)	0.14 (2)	0.0 (0)	0.23 (16)	0.0 (0)	0.10 (8)	0.08 (5)	0.09 (2)	0.0 (0)	2	
		0.6 (6)	0.1 (5)	0.26 (4)	0.15 (3)	0.0 (0)	0.3 (18)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.16 (8)	0.0 (0)	0.09 (5)	0.15 (7)	0.13 (2)	0.0 (0)	3	
			0.31 (14)	0.1 (3)	0.4 (4)	0.0 (0)	0.2 (24)	0.1 (1)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.1 (10)	0.0 (0)	0.07 (8)	0.09 (8)	0.06 (2)	0.0 (0)	4	
				0.0 (0)	0.16 (2)	0.08 (1)	0.22 (8)	0.0 (0)	0.16 (1)	0.0 (0)	0.3 (9)	0.0 (0)	0.12 (4)	0.04 (1)	0.11 (1)	0.11 (1)	5	
					0.5 (3)	0.18 (3)	0.16 (3)	0.0 (0)	0.25 (2)	0.25 (1)	0.25 (10)	0.08 (1)	0.02 (1)	0.08 (3)	0.0 (0)	0.08 (1)	6	
						0.0 (0)	0.02 (1)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.1 (4)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	7	
							0.41 (27)	0.08 (1)	0.04 (1)	0.0 (0)	0.18 (22)	0.0 (0)	0.24 (32)	0.20 (22)	0.27 (10)	0.0 (0)	8	
								0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.11 (1)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	9	
									0.0 (0)	0.0 (0)	0.25 (5)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.11 (2)	0.0 (0)	0.0 (0)	10	
										0.0 (0)	0.3 (3)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.3 (3)	0.0 (0)	0.0 (0)	11	
												0.24 (11)	0.0 (0)	0.07 (8)	0.22 (20)	0.06 (2)	0.0 (0)	12
													0.33 (1)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	0.0 (0)	13
														0.04 (2)	0.05 (5)	0.06 (2)	0.0 (0)	14
															0.44 (16)	0.03 (1)	0.0 (0)	15
																0.33 (1)	0.0 (0)	16
																	0.0 (0)	18

Table 1: The ratio of the across use of the rams within and among counties

Az eredmények értékelésénél nemcsak a %-os arányt, de a kapcsolatokat leíró számot is figyelembe kell venni. (A megyék megnevezése után zárójelben a sorszámot adtuk meg. A táblázatból a 17. sorszám hiányzik, ugyanis ebben a megyében nem sikerült tenyészetet azonosítani.) Békés és Fejér megyében (3, 6) ugyan a legmagasabb a megyén belüli tenyészetek közötti koshasználati arány, de ennek jelentőségét csökkenti a viszonylag kis megyén belüli tenyészetlétszám. Átlagon felüli eredményt ad mindkét mutató tekintetében Borsod-Abaúj-Zemplén, Hajdú-Bihar, Pest, valamint Szolnok megye (4, 8, 12, 15). A megyék közötti kapcsolat a tenyészetek közötti koshasználat alapján ennél lényegesen kisebb, mintegy 7%. Bács-Kiskun, Borsod-Abaúj-Zemplén, Hajdú-Bihar, Pest, Szabolcs-Szatmár, valamint Szolnok megye szerepelt legjobban, ebben a tekintetben (2, 4, 8, 12, 14, 15). A megyén belüli, illetve a megyén kívüli tenyészetek közti koshasználatra vonatkozó eredményeket együttesen értékelve Hajdú-Bihar, Pest és Szolnok megye volt kiemelhető (8, 12, 15). Jobban megvizsgálva e három megyét, megállapítható volt, hogy megyénként a 4-4 legnagyobb tenyészetet kiválasztva a tenyészetek közötti koshasználat aránya nagymértékben növelhető volt, anélkül, hogy az e megyékben használt összes kosok számát jelentősen csökkentettük volna. Ezek a tenyészetek az alábbiak voltak. Hajdú-Bihar megye: 334240 (Hajdúböszörmény), 350954 (Biharnagybajom), 363152 (Hajdúböszörmény), 406099 (Balmazújváros). Pest megye: 311331 (Törtel), 320317 (Törtel), 371681 (Cegléd), 375876 (Kocsér). Szolnok megye: 300070 (Jászboldogháza), 312691 (Kunmadaras), 350927 (Besenyszög), 375399 (Túrkeve). A megyéken belül a tenyészetek közötti koshasználat aránya a három megye sorrendjében 100%, 83%, 100% volt a kiválasztott négy-négy tenyészetre nézve. A megyén kívüli tenyészetek közötti koshasználati arány pedig: Pest és Hajdú-Bihar megye között 44%, Pest és Szolnok megye között 75%, Hajdú-Bihar és Szolnok megye között 62.5%, összesen pedig 69.6% volt. A tenyészetek közötti koshasználatról összességében megállapítható, hogy az elsősorban megyén belül, illetve a szomszédos megyék között jellemző. A megyék közötti távolság növekedésével a tenyészetek közötti koshasználati arány általában csökken, ahogyan az az általunk kiválasztott 12 tenyészet esetében is megfigyelhető.

KÖVETKEZTETÉSEK

A magyar merinó tenyészetek közötti közös apahasználat általunk megadott módon történő vizsgálatával minden kétséget kizáró módon lehetőség nyílik az egyes tenyészetek közötti genetikai kapcsolatok áttekintésére. A módszer még inkább alkalmas a tenyészetek közötti kapcsolatok hiányának kimutatására (az apai oldalt tekintve). Az egyedmodell, mely a tenyésztéket mindkét ivarra becsüli, célszerű lenne kísérleti jelleggel bevezetni a cikk által megadott 12 tenyészetre, melyeket egyfajta regionális tenyésztési centrumnak lehet tekinteni. Ezek a tenyészetek ugyanis - legalábbis a többi tenyészethez képest - megyén belül és megyén kívül egyaránt nagyfokú genetikai kapcsolatban állnak egymással. Mivel az általunk közölt módszer csak tájékoztató eredményeket ad, javasolható az itt közölnél részletesebb eredményt adó módszer, pl. a gene-flow módszer alkalmazása a tenyészetek közötti kapcsolatok felderítésére. Különösen azoknál az állatfajoknál javasoljuk ezt, ahol az egyedmodellt a hazai tenyésztétkbecslésben már alkalmazzák, vagy a közeljövőben alkalmazni kívánják.

1. függelék

Forrásprogram

```
1  set compatible off
2  select 1
3  use apatart.dbf
4  select 2
5  use telep.dbf
6  select 4
7  use matrix.dbf
8  copy stru to mnagy.dbf
9  select 3
10 use mnagy.dbf
11 dimension MX(101,101),TARTOK(100)
12 store 0 to MX
13 select 2
14 s=1
15 do while .not. eof()
16 s=s+1
17 MX(s,1)=tarto
18 MX(1,s)=tarto
19 skip
20 enddo
21
22 select 1
23 goto top
24 aktapa=0
25 tc=0
26 do while .not. eof()
27 if aktapa<>apafulszam
28 aktapa=apafulszam
29 for s=1 to tc
30 for t=s+1 to tc
31 MX(TARTOK(s)+1,TARTOK(t)+1)=
32 MX(TARTOK(s)+1,TARTOK(t)+1)+1
33 endfor
34 endfor
35 tc=1
36 else
37 tc=tc+1
38 endif
39 s=1
40 do while .not. (MX(s+1,1)=tarto)
41 s=s+1
42 enddo
43 TARTOK(tc)=s
44 MX(s+1,s+1)=MX(s+1,s+1)+1
```


45 skip
46 enddo
47 select 3
48 append from array MX

Appendix 1: Source Program

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A programot az MKM Felsőoktatási Programfinanszírozási Pályázat támogatja.

IRODALOM

- Banos, G., Cady, R. A. (1987). Genetic Relationship Between the United States and Canadian Holstein Bull Populations. *J. Dairy Sci.*, 71. 1346-1354.
- Cameron, N. D. (1997). Selection Indices and Prediction of Genetic Merit in Animal Breeding. CAB International. Wallingford Oxon UK. 41-42.
- Cottle, D., James, J. (1997). Linkage in the Merino Central Test Sire Evaluation Schemes. *Wool Tech. Sheep Breed.*, 45. 108-119.
- Groeneveld, E., Csató L., Farkas J., Radnóczy L. (1996). Joint Genetic Evaluation of Field and Station Test in the Hungarian Large White and Landrace Populations. *Arch. Tierz.*, 39. 513-531.
- Hofer, A. (1995). On problems related to data structures and models in genetic evaluation. 2nd Workshop on Advanced Biometrical Methods in Animal Breeding. Salzburg, June. 12-20.
- Kennedy, B. W., Trus, D. (1993). Considerations on Genetic Connectedness Between Management Units Under an Animal Model. *J. Anim. Sci.*, 71. 2341-2352.
- Székely P., Domanovszky Á., Hajduk P., Komlósi I., Kukovics S., Lengyel A., Sáfár L. (1997). Juh Teljesítményvizsgálati Kódex. OMMI. Budapest.

Levelezési cím (*corresponding author*):

Nagy István
Debreceni Agrártudományi Egyetem
4032 Debrecen, Böszörményi út 138.
Debrecen University of Agriculture
H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.
Tel.: 36-52-347-888, Fax: 36-52-413-385
e-mail: nagy@fs2.date.hu