

## Porównanie oceny wartości hodowlanej jagniąt na podstawie klasycznego modelu selekcyjnego i modelu zwierzęcia

Dariusz Piwczyński, Bogna Kowaliszyn, Sławomir Mroczkowski

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy,  
Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt,  
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz; darekp@utp.edu.pl

Materiał zwierzęcy stanowiły 7952 jagnięta rasy merynos polski, urodzone w latach 1997-2003 i użytkowane w 15 stadach rozmieszczonych na terenie województwa kujawsko-pomorskiego. Zwierzęta oceniano pod względem fenotypowego indeksu selekcyjnego (lokalnego) i oszacowanej na jego podstawie wartości hodowlanej metodą BLUP-AM. Analizę eksploracyjną cechy przeprowadzono za pomocą wieloczynnikowej analizy wariancji metodą najmniejszych kwadratów. W kolejnym etapie, za pomocą metody AI-REML-AM, oszacowano komponenty (ko)wariancji indeksu selekcyjnego. Stwierdzono, na podstawie obliczonego kryterium selekcji modeli AIC, że w celu oszacowania komponentów ko(wariancji) powinno się stosować model liniowy uwzględniający, oprócz efektu bezpośredniego – efekt matczyzny i trwałego środowiska matczynego. Wskaźniki odziedziczalności uzyskane za pomocą tego modelu wyniosły, odpowiednio: odziedziczalność bezpośrednia – 0,060, matczyzna – 0,046, całkowita – 0,085. Uzyskane estymatory (ko)wariancji wykorzystano do oszacowania wartości hodowlanej metodą BLUP-AM. Następnie skorelowano wartości fenotypowego indeksu selekcyjnego z oszacowaną na ich podstawie metodą BLUP-AM wartością hodowlaną. Największą zależność stwierdzono między uszeregowaniem zwierząt na podstawie wartości indeksu fenotypowego a rankingiem uzyskanym za pomocą metody BLUP-AM z uwzględnionym efektem bezpośrednim – 0,766. Włączenie dodatkowo do modelu efektu matczynego skutkowało uzyskaniem współczynnika korelacji wynoszącego 0,396, zaś trwałego środowiska matczynego – 0,525.

**SŁOWA KLUCZOWE:** owce / indeks selekcyjny / odziedziczalność / BLUP

Obowiązujący w stadach matecznych owiec fenotypowy indeks selekcyjny, uwzględniający plenność życiową maciorki oraz masę ciała jagnięcia w wieku 56 dni, stanowi kryterium wyboru tryczków oraz jarek na rodziców przyszłego pokolenia. Jednak, zgodnie z zaleceniami Instytutu Zootechniki PIB [10], decyzje selekcyjne powinny się opierać na wartości hodowlanej dotychczas stosowanego indeksu selekcyjnego jagniąt,

oszacowanego metodą Best Linear Unbiased Prediction – Animal Model (BLUP-AM). Na zasadność wprowadzenia metody BLUP do praktyki hodowlanej owiec wskazują badania Kałuży [3], Piwczyńskiego [8] i Szewczyka [12].

Celem pracy było ustalenie zależności między rankingiem zwierząt uzyskanym na podstawie fenotypowego indeksu selekcyjnego a uszeregowaniem otrzymanym za pomocą metody BLUP-AM, w której cechę stanowi tenże indeks selekcyjny.

## Materiał i metody

Materiał zwierzęcy stanowiły 7952 jagnięta rasy merynos polski, użytkowane w 15 stadach rozmieszczonych na terenie województwa kujawsko-pomorskiego. Zwierzęta były urodzone w latach 1997-2003. Dane dotyczące pochodzenia i użytkowości owiec pochodziły z dokumentacji hodowlanej z lat 1990-2003, udostępnionej przez Regionalny Związek Hodowców Owiec i Kóz w Bydgoszczy. Zwierzęta oceniano w zakresie obowiązującego w wymienionych wyżej latach indeksu selekcyjnego (lokalnego) [13]. Indeks ten obliczano według wzoru:  $I = 2,66 (M_{56} - m_4) + 28,46 (PL - 1)$ ; gdzie:  $M_{56}$  – masa ciała jagnięcia w 56. dniu życia,  $PL$  – plenność życiowa owcy-matki,  $m_4$  – średnia masa w wieku 56 dni tryczków i maciorek w danym stadzie. Konstruując indeks selekcyjny w odniesieniu do doskonałych cech przyjęto następujące wagi ekonomiczne: masa ciała – 9 (umowna cena 1 kg żywej masy jagnięcia), plenność życiowa – 270.

Informację rodowodową badanej populacji zwierząt uzupełniano w miarę możliwości do 3 pokolenia. Łącznie bazę rodowodową stanowiły 13 493 osobniki. Posługując się procedurą INBREED pakietu SAS [11] zidentyfikowano 82 osobniki zimbredowane. Przeciętna wartość wskaźnika inbredu w tej grupie wyniosła 13,09%.

Analizę eksploratywną fenotypowego indeksu selekcyjnego przeprowadzono za pomocą wieloczynnikowej analizy wariancji, metodą najmniejszych kwadratów (procedura GLM, SAS) [11]. Wpływ czynników głównych (stałych) oraz interakcji pierwszego stopnia na wartości indeksu selekcyjnego badano za pomocą następującego modelu liniowego (wstępnego):

$$y_{ijklmno} = \mu + F_i + P_j + T_k + W_l + TM_m + R_n + (F \times P)_{ij} + \dots + (TM \times R)_{mn} + e_{ijklmno}$$

gdzie:

$\mu$  – średnia ogólna,

$y_{ijklmno}$  – wartość fenotypowa cechy,

$F_i$  – efekt stada ( $i = 1..15$ ),

$P_j$  – efekt płci ( $j = 1, 2$ ),

$T_k$  – efekt typu urodzenia jagnięcia ( $k = 1, 2$ ),

$W_l$  – efekt wieku matki ( $l = 1, 2, \dots, 6$ ),

$TM_m$  – efekt typu urodzenia matki osobnika ( $m = 1, 2$ ),

$R_n$  – stały efekt roku urodzenia ( $n = 1, 2, \dots, 7$ ),

$(F \times P)_{ij}, \dots, (TM \times R)_{mn}$  – odpowiednie interakcje między poziomami czynników,

$e_{ijklmno}$  – błąd losowy pomiaru.

W kolejnym etapie postępowania statystycznego, posługując się metodą Average Information – Restricted Maximum Likelihood (AI-REML) oraz modelem osobniczym, oszacowano komponenty (ko)wariancji indeksu selekcyjnego. Szacując parametry genetyczne metodą AI-REML, przyjęto dla wszystkich modeli jednakowy współczynnik konwergencji, równy  $10^{-10}$ . Błędy oszacowanych (ko)wariancji aproksymowano według metody opisanej przez Klei'a i Tsurut'ę [4].

Komponenty (ko)wariancji oszacowano za pomocą następujących modeli liniowych:

$$\text{Model 1: } \mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr}\beta_{fr} + \mathbf{X}_p\beta_p + \mathbf{X}_t\beta_t + \mathbf{X}_w\beta_w + \mathbf{X}_{tm}\beta_{tm} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{e},$$

$$\text{Model 2: } \mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr}\beta_{fr} + \mathbf{X}_p\beta_p + \mathbf{X}_t\beta_t + \mathbf{X}_w\beta_w + \mathbf{X}_{tm}\beta_{tm} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_m\mathbf{m} + \mathbf{e},$$

$$\text{Model 3: } \mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr}\beta_{fr} + \mathbf{X}_p\beta_p + \mathbf{X}_t\beta_t + \mathbf{X}_w\beta_w + \mathbf{X}_{tm}\beta_{tm} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_m\mathbf{m} + \mathbf{Z}_c\mathbf{c} + \mathbf{e},$$

gdzie:

$\mathbf{y}$  – 7952 x 1 wektor obserwacji;

$\beta_{fr}$ ,  $\beta_p$ ,  $\beta_t$ ,  $\beta_w$ ,  $\beta_{tm}$  – wektory efektów stałych: stado-rok urodzenia (103 x 1), płeć (2 x 1), typ urodzenia (2 x 1), wiek matki (6 x 1), typ urodzenia matki (2 x 1);

$\mathbf{a}$  – 13493 x 1 wektor losowych bezpośrednich addytywnych genetycznych efektów;

$\mathbf{m}$  – 13493 x 1 wektor losowych matczyńskich addytywnych genetycznych efektów;

$\mathbf{c}$  – 13493 x 1 wektor losowych efektów trwałego środowiska matczyńskiego;

$\mathbf{X}_{fr}$ ,  $\mathbf{X}_p$ ,  $\mathbf{X}_t$ ,  $\mathbf{X}_w$ ,  $\mathbf{X}_{tm}$  – macierze incydencji dla efektów stałych: stado-rok urodzenia (7952 x 103), płeć (7952 x 2), typ urodzenia jagnięcia (7952 x 2), wiek matki (7952 x 6), typ urodzenia matki (13493 x 2);

$\mathbf{Z}_a$  – 7952 x 13493 macierz incydencji dla losowych bezpośrednich addytywnych genetycznych efektów;

$\mathbf{Z}_m$  – 7952 x 13493 macierz incydencji dla matczyńskich addytywnych genetycznych efektów;

$\mathbf{Z}_c$  – 7952 x 13493 macierz incydencji dla efektów losowych trwałego środowiska matczyńskiego;

$\mathbf{e}$  – 7952 x 1 wektor błędów losowych.

Przyjęto następujące założenia dotyczące wariancji efektów losowych modelu:

$$\text{var}(\mathbf{a}) = \mathbf{A}\sigma_a^2,$$

$$\text{var}(\mathbf{m}) = \mathbf{A}\sigma_m^2,$$

$$\text{var}(\mathbf{c}) = \mathbf{I}_r\sigma_c^2,$$

$$\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I}_n\sigma_e^2,$$

$$\text{cov}(\mathbf{a}, \mathbf{m}) = \mathbf{A}\sigma_{am},$$

$$\text{cov}(\mathbf{c}, \mathbf{e}) = 0,$$

gdzie:

$\mathbf{A}$  – 13493 x 13493 wymiarowa macierz spokrewnień addytywnych;

$\mathbf{I}_n$ ,  $\mathbf{I}_r$  – macierze jednostkowe;

$\sigma_a^2$  – wariancja genetyczna addytywna bezpośrednia;

$\sigma_m^2$  – wariancja genetyczna addytywna matczyńska;

$\sigma_c^2$  – wariancja środowiskowa trwała matczyńska;

$\sigma_{am}$  – kowariancja między efektami genetycznym addytywnym bezpośrednim i matczyńskim;

$\sigma_e^2$  – wariancja błędu;

$\sigma_p^2$  – wariancja fenotypowa ( $\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2$ ).

Wskaźniki odziedziczalności bezpośredniej i matczynej zostały obliczone za pomocą następujących wzorów: odziedziczalność bezpośrednia:  $h^2_a = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$ ; odziedziczalność matczyzna:  $h^2_m = \sigma_m^2 / \sigma_p^2$ . Odziedziczalność całkowitą obliczono zgodnie ze wzorem zaproponowanym przez Willhama [16]:  $h^2_T = (\sigma_a^2 + 0,5 \sigma_m^2 + 1,5 \sigma_{am}) / \sigma_p^2$ .

W celu porównania modeli wykorzystano kryterium informacyjne Akaike'a (AIC – Information Criterion) [11]:  $AIC_k = -2\log(ML_k) + 2p_k$ , gdzie:  $\log(ML_k)$  – logarytm funkcji wiarygodności,  $p_k$  – liczba parametrów w modelu. Najlepszym modelem jest ten, w przypadku którego wartość kryterium AIC jest najniższa [11].

Uzyskane estymatory (ko)wariancji wykorzystano do oszacowania wartości hodowlanej metodą Best Linear Unbiased Prediction (BLUP-AM). W kolejnym etapie prowadzonych badań obliczono współczynniki korelacji rang Spearmana ( $r_s$ ) [11] między wartościami fenotypowego indeksu selekcyjnego a oszacowaną na ich podstawie, metodą BLUP-AM, wartością hodowlaną. Oszacowania komponentów (ko)wariancji oraz wartości hodowlanej przeprowadzono za pomocą programów komputerowych AI-REMLF90 i BLUPF90 [6].

## Wyniki i dyskusja

Średnia wartość obliczonego indeksu selekcyjnego jagniąt rasy merynos polski wyniosła 59,46 (SD=9,73). Posługując się wieloczynnikową analizą wariancji, stwierdzono, że źródłem zmienności zastosowanego indeksu selekcyjnego było stado, płęć i typ urodzenia jagnięcia, rok wykotu, wiek i typ urodzenia owcy-matki oraz interakcja stado x rok wykotu. Istotny wpływ wymienionych wyżej czynników na wartość indeksu selekcyjnego wykazano we wcześniejszych badaniach Piwczyńskiego [8].

Średnia wartość obliczonego indeksu selekcyjnego w badanych stadach mieściła się w przedziale od 53,63 do 65,07 (tab. 1a), zaś jego zmienność w obrębie stad wyrażona współczynnikiem zmienności wahała się od 13,43 do 17,82%. Stwierdzono, że jarki charakteryzowały się statystycznie wyższymi wartościami indeksu selekcyjnego niż tryczki, zaś jagnięta pochodzące z bliźniąt przewyższały pod tym względem jagnięta (tab. 1b). Wyraźna przewaga jarek nad tryczkami w zakresie wartości obliczonego indeksu selekcyjnego może wynikać z różnej liczby ocenianych osobników obojga płci. Ta z kolei prawdopodobnie wynikała z większego brakowania tryczków niż maciorek przed okresem pomiaru masy ciała i obliczeniem dla osobnika indeksu selekcyjnego.

Wykazano tendencję do zmniejszania się wartości indeksów selekcyjnych jagniąt wraz z wiekiem ich matek. Jagnięta urodzone przez matki z urodzeń mnogich uzyskały wyższe wartości indeksu niż urodzone przez matki pochodzące z wykotów pojedynczych. Zestawione w tabeli 1b wyniki pozwalają stwierdzić, iż w kolejnych latach wykotu wartości indeksów ulegały systematycznemu zmniejszeniu.

Obowiązujący indeks selekcyjny jest składową życiowej plenności matki oraz masy ciała jagnięcia w wieku 56 dni. Zatem czynniki, które wpływają na plenność maciorki, jak również masę ciała jej potomstwa (stado, płęć i typ urodzenia jagnięcia, rok wykotu,

**Tabela 1a – Table 1a**

Charakterystyka opisowa indeksu selekcyjnego  
Descriptive characteristic of the selection index

Poziom czynnika Level of factor	n	Średnia Mean	Odchylenie standardowe Standard deviation	Współczynnik zmienności (%) Coefficient of variation (%)
Razem Total	7952	59,46	9,73	16,36
<b>Stado – Flock</b>				
1	701	53,63	8,57	15,98
2	778	59,05	8,62	14,59
3	268	59,19	9,49	16,03
4	476	59,25	8,89	15,01
5	430	62,42	9,62	15,41
6	402	64,63	11,52	17,82
7	999	57,21	8,84	15,46
8	743	65,07	10,62	16,32
9	450	56,52	7,87	13,93
10	443	57,87	9,01	15,56
11	210	59,08	8,35	14,13
12	464	57,46	7,72	13,43
13	322	64,21	9,28	14,46
14	678	63,38	8,97	14,16
15	588	56,27	8,38	14,89

**Tabela 1b – Table 1b**

Charakterystyka opisowa indeksu selekcyjnego  
Descriptive characteristic of the selection index

Poziom czynnika Level of factor	n	Średnia Mean	Odchylenie standardowe Standard deviation	Współczynnik zmienności (%) Coefficient of variation (%)
<b>Płeć – Sex</b>				
samce males	2893	57,93	9,68	16,70
samicie females	5059	60,33	9,65	15,99
<b>Typ urodzenia jagnięcia – Type of lamb's birth</b>				
1	4170	56,81	7,84	13,79
≥2	3782	62,38	10,72	17,19
<b>Wiek maciorki (lata) – Age of dam (years)</b>				
2	1149	61,51	11,06	17,98
3	1310	60,31	10,24	16,98
4	1566	60,16	9,63	16,00
5	1342	59,42	9,21	15,50
6	1067	58,33	9,42	16,15
7	1518	57,27	8,35	14,58
<b>Typ urodzenia matki – Type of dam's birth</b>				
1	3037	58,37	9,77	16,74
≥2	4915	60,13	9,64	16,02
<b>Rok wykotu – Year of lambing</b>				
1997	434	62,45	11,01	17,63
1998	674	62,47	12,03	19,26
1999	839	62,41	10,69	17,12
2000	974	59,28	8,99	15,16
2001	1773	58,81	9,32	15,85
2002	1512	58,19	9,10	15,63
2003	1746	57,98	8,45	14,57

wiek i typ urodzenia owcy matki oraz interakcja stado x rok wykotu) oddziałują również pośrednio na wartość indeksu selekcyjnego. Czynniki te były wymieniane przez wielu autorów [5, 7, 8], jako źródło zmienności masy ciała jagniąt oraz plenności.

Odziedziczalność indeksu selekcyjnego oszacowano za pomocą trzech modeli liniowych zróżnicowanych liczbą czynników losowych (tab. 2). Wartości obliczonego kryterium AIC pozwalają wnioskować, że w celu oszacowania komponentów ko(wariancji), jak również wartości hodowlanej powinno się stosować model liniowy, uwzględniający, oprócz efektu bezpośredniego – efekt matczyny i trwałego środowiska matczynego. Wartość AIC w odniesieniu modelu uwzględniającego wyłącznie efekt losowy addytywny bezpośredni była o połowę wyższa niż w przypadku pozostałych dwóch modeli. Piwczyński [8] oraz Tosh i Kemp [15] wykazali zasadność uwzględnienia w modelu wykorzystanym do szacowania parametrów genetycznych masy ciała jagniąt efektu matczynego. Ze względu na fakt, iż masa ciała jagniąt w wieku 56 dni jest cechą selekcyjną, zasadne jest uwzględnienie powyższego efektu w szacowaniu parametrów genetycznych indeksu selekcyjnego.

**Tabela 2 – Table 2**

Estymatory komponentów (ko)wariancji i odziedziczalności indeksów selekcyjnych  
Estimates of (co)variance components and heritability of selection indices

	Model 1	Model 2	Model 3
$\sigma^2_a$	50,411 (3,050)	4,444 (1,503)	4,577 (1,493)
$\sigma^2_m$		38,260 (2,915)	3,507 (2,166)
$\sigma^2_c$			25,679 (1,964)
$\sigma_{am}$		-1,872 (2,359)	0,085 (1,549)
$\sigma^2_e$	33,733 (1,888)	43,710 (1,222)	42,085 (1,193)
$\sigma^2_p$	84,144	86,414	75,847
$h^2_a$	0,599	0,051	0,060
$h^2_m$		0,443	0,046
$h^2_T$	0,599	0,240	0,085
AIC	63843,142	46478,545	46316,408

( ) – błąd standardowy estymatora – standard error of estimate

Wskaźniki odziedziczalności bezpośredniej uzyskane za pomocą modeli uwzględniających efekt matczyny (model 2) oraz trwałego środowiska matczynego (model 3) były 10 razy mniejsze niż uzyskane za pomocą modelu zredukowanego (model 1). Wykazano, że odziedziczalność matczyna zależała od faktu uwzględnienia w modelu efektu trwałego środowiska matczynego. Zdecydowanie wyższą wartość wskaźnika odziedziczalności matczynnej otrzymano za pomocą modelu zredukowanego o trwały

efekt środowiska matczynego. Odziedziczalność całkowita również zależała od zastosowanego modelu. Zaobserwowano, że w miarę redukcji modelu wartości odziedziczalności całkowitej się zwiększały. Otrzymane przy zastosowaniu modeli 2 i 3 wartości  $h^2_a$  były zbliżone do stwierdzonych we wcześniejszych badaniach Piwczyńskiego (0,052-0,055) [8].

Znaczne rozbieżności między oszacowaniami pochodzącymi z zastosowania różnych modeli, świadczą o potrzebie weryfikacji obecnie stosowanego modelu szacowania wartości hodowlanej owiec w stadach matczynych w Polsce [10]. Można przypuszczać, że te duże różnice między oszacowaniami wynikają z faktu, iż indeks selekcyjny jest konsekwencją masy ciała jagnięcia oraz plenności życiowej jego matki. Stosując model 1 uwzględniamy wyłącznie wpływ losowy samego jagnięcia, zaś pominięty całkowicie zostaje losowy wpływ matki. Otrzymane oszacowania świadczą, że omawiany wpływ matki na wartości indeksu selekcyjnego jest bardzo duży i musi być uwzględniony w konstruowaniu modeli obliczeniowych.

Uzyskane estymatory (ko)wariancji wykorzystano do oszacowania wartości hodowlanej metodą BLUP-AM (tab. 3). Wykazano, że statystyki opisowe (średnia arytmetyczna, odchylenie standardowe, zakres zmienności) otrzymane za pomocą modelu 1 przewyższały efekty oszacowań prowadzonych z użyciem modeli 2 i 3. Wymienione wyżej miary położenia i zmienności otrzymane z użyciem modeli 2 i 3 były podobne.

**Tabela 3 – Table 3**

Wartość hodowlana jagniąt (BV) w zależności od użytego modelu  
Breeding value of lambs in respect of used model

Model	Średnia Mean	Odczylenie standardowe Standard deviation	Minimum	Maksimum Maximum
1	0,136	5,090	-19,469	27,560
2	0,056	0,662	-2,467	3,180
3	0,061	0,764	-2,774	3,665

Wartości obliczonych współczynników korelacji rang świadczą o wyraźnym wpływie wykorzystywanej metody i modelu szacowania na uszeregowanie wartości hodowlanych zwierząt (tab. 4).

Biorąc pod uwagę całą populację zwierząt zaobserwowano, że najbardziej podobne uszeregowanie jagniąt, w porównaniu do uzyskanego za pomocą fenotypowego indeksu selekcyjnego, otrzymano, szacując wartość hodowlaną metodą BLUP i modelem 1. Zależność tę można uznać za wysoką. Stwierdzono umiarkowane zależności między uszeregowaniem za pomocą indeksu fenotypowego a pozostałymi modelami 2 i 3. Analizując współczynniki korelacji rang obliczone w grupie tryczków i jarek należy uznać, że były one podobne.

Badania wykonane przez różnych autorów świadczą o tym, że zastąpienie selekcji na podstawie indeksu fenotypowego selekcją na podstawie BLUP winno wpłynąć na

**Tabela 4 – Table 4**

Współczynniki korelacji rang między indeksami fenotypowymi a oszacowaną na ich podstawie wartością hodowlaną

Rank coefficients of correlation between phenotypic selection indices and breeding values calculated based on them

Model	Płeć – Sex	$I_i$	BV Model 1	BV Model 2
BV Model 1	tryczki – rams	0,787		
	jarki – ewes	0,761		
	razem – total	0,766		
BV Model 2	tryczki – rams	0,414	0,551	
	jarki – ewes	0,378	0,553	
	razem – total	0,396	0,552	
BV Model 3	tryczki – rams	0,547	0,750	0,881
	jarki – ewes	0,505	0,714	0,912
	razem – total	0,525	0,737	0,892

BV – wartość hodowlana otrzymana metodą BLUP-AM – breeding value obtained using BLUP-AM

$I_i$  – fenotypowy indeks selekcyjny – phenotypic selection index

zwiększenie postępu hodowlanego [2, 9]. Jeyaruban i wsp. [2] w symulowanych badaniach dotyczących oceny wartości hodowlanej kur nieśnych z zastosowaniem metody BLUP i indeksu selekcyjnego wykazali, że postęp hodowlany osiągnięty na drodze selekcji fenotypowej stanowi około 95,5-99,4% postępu uzyskanego wyłącznie dzięki metodzie BLUP. Z kolei Robinson i wsp. [9] w badaniach o podobnym charakterze na bydło mięsne wykazali, że zastosowanie metody BLUP-AM w obrębie stada może zwiększyć postęp hodowlany o około 19% w porównaniu z metodą indeksu selekcyjnego.

Wyniki badań prezentowanych w literaturze przedmiotu świadczą, że siła zależności między uszeregowaniem zwierząt otrzymanym za pomocą fenotypowego indeksu selekcyjnego a rezultatami prowadzonej oceny metodą BLUP może być bardzo zróżnicowana [1, 8, 12, 14, 17]. Bednarczyk i wsp. [1] w badaniach na kurach nieśnych uzyskali bardzo wysokie wartości współczynnika korelacji rang (od 0,957 do 0,999). Wyniki badań Szwaczkowskiego i wsp. [14] prowadzonych również na kurach nieśnych sugerują, że siła zależności może być bardziej zróżnicowana ( $r_s$  od 0,63 do 0,96).

We wcześniejszych badaniach Piwczyńskiego [8] nad merynosem polskim, uzyskano umiarkowaną wartość współczynnika korelacji rang (0,455) między uszeregowaniem jagniąt przy użyciu stosowanego indeksu selekcyjnego lokalnego oraz metody BLUP i modelu uwzględniającego efekt bezpośredni, matczyne i trwałego środowiska matczyne. Zaobserwowano również, że obliczone współczynniki korelacji wśród samców (0,468) i samic (0,446) były podobne. Podobną, umiarkowaną zależność (0,453) między uszeregowaniem zwierząt rasy suffolk za pomocą fenotypowego indeksu selekcyjnego (lokalnego) a oszacowaną na jego podstawie wartością hodowlaną metodą BLUP i modelu uwzględniającego losowy efekt bezpośredni, stwierdził Szewczyk [12]. Żak i Różycki [17] badali zależności pomiędzy uszeregowaniem zwierząt za



pomocą wartości indeksu oceny stacyjnej knurów a obliczoną łączną wartością hodowlaną wyrażoną w postaci indeksu BLUP. Otrzymali współczynnik korelacji rang (0,363), który świadczy w zasadzie o niewielkiej zależności między uszeregowaniami zwierząt [14].

Wyniki przeprowadzonych badań własnych, m.in. obliczone kryterium selekcji modeli AIC, mogą sugerować, że w celu oszacowania komponentów ko(wariancji) oraz wartości hodowlanej owiec ras matecznych powinno się stosować model liniowy, uwzględniający, oprócz efektu bezpośredniego – efekt matczyny i trwałego środowiska matczynego. Umiarkowana zależność między uszeregowaniem zwierząt otrzymanym za pomocą indeksu fenotypowego oraz oszacowanej za pomocą metody BLUP i sugerowanego modelu liniowego pozwala wnioskować, że wprowadzenie do oceny wartości hodowlanej owiec metody BLUP winno znacząco przyspieszyć postęp hodowlany.

## PIŚMIENNICTWO

1. BEDNARCZYK M., KIELCZEWSKI K., SZWACZKOWSKI T., 2000 – Porównanie wartości hodowlanej kur nieśnych, szacowanej na podstawie indeksu rodzinnego i modelu zwierzęcia. *Roczniki Naukowe Zootechniki* 27 (1), 99-114.
2. JEYARUBAN M.G., GIBSON J.P., GOWE R.S., 1995 – Comparison of index selection and best linear unbiased prediction for simulated layer poultry data. *Poultry Science* 74, 1566-1576.
3. KAŁUŻA H., 2000 – Metody oceny wartości hodowlanej owiec stosowane w Polsce i możliwości ich doskonalenia. *Akademia Podlaska w Siedlcach, Rozprawy naukowe* 64, 1-51.
4. KLEI B., TSURUTA S., 2008 – Approximate variance for heritability estimates. [http://nce.ads.uga.edu/html/projects/AI\\_SE.pdf](http://nce.ads.uga.edu/html/projects/AI_SE.pdf)
5. KOWALISZYN B., MROCZKOWSKI S., 2005 – Wpływ typu urodzenia maciorki i jej rodziców na wybrane cechy użytkowe owiec. *Roczniki Naukowe Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego*, t. 1, Supl. 2, 83-90.
6. MISZTAŁ I., 2007 – BLUPF90 family of programs. <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/programs.html>
7. PATKOWSKA-SOKOŁA B., BARCZYŃSKA E., 1985 – Wpływ wieku matek merynosowych na ich wskaźniki rozrodu. *Prace i Materiały Zootechniczne* 36, 45-51.
8. PIWCZYŃSKI D., 2009 – Doskonalenie cech użytkowych merynosa polskiego. *Zeszyty Naukowe UTP w Bydgoszczy, Rozprawy* 135.
9. ROBINSON J.A.B., WILTON J.W., SCHAEFFER L.R., 1989 – Accuracy of selection index and Best Linear Unbiased Prediction for within-herd selection with assortative mating of beef cattle. *Canadian Journal of Animal Science* 69, 315.
10. RÓŻYCKI M., KRUPIŃSKI J., KNAPIK J., 2008 – Wykorzystanie informacji o genotypach w locus PrP w ocenie wartości hodowlanej metodą BLUP. W: *Encefalopatia gąbczasta mózgu u owiec: genetyczne aspekty scrapie, diagnostyka i program hodowlany* (red. D. Dobrowolska). Wyd. Instytutu Zootechniki, Kraków, 36-44.
11. SAS INSTITUTE INC., 2003 – SAS/STAT User's guide, Version 9.1, Cary, NC.
12. SZEWCZYK A., 2004 – Próba zastosowania modelu wielozmiennego do oceny wartości hodowlanej owiec rasy suffolk metodą BLUP-model zwierzęcia. *Roczniki Naukowe Zootechniki* 31 (2), 201-208.

13. SZEWCZYK A., 2005 – Ocena wartości hodowlanej owiec w Polsce. Monografia: Biologiczne i kulturowe aspekty gospodarki owczarskiej. Wyd. AR i Instytut Botaniki PAN w Krakowie, 89-94.
14. SZWACZKOWSKI T., WĘŻYK S., CYWA-BENKO K., 1997 – Animal model vs classical selection index in the breeding value estimation of laying hans. *Animal Science Papers and Reports* 15(1), 47-53.
15. TOSH J.J., KEMP R.A., 1994 – Estimation of variance components for lamb weights in three sheep populations. *Journal of Animal Science* 72(5), 1184-1190.
16. WILLHAM R.L., 1972 – The role of maternal effects in animal breeding: III – Biometrical aspects of maternal effects in animals. *Journal of Animal Science* 35, 1288-1293.
17. ŻAK G., RÓŻYCKI M., 2002 – Relationships between breeding values of polish landrace expressed as the selection index and the BLUP index. *Annals of Animal Science* 2, 31-38.

Dariusz Piwczyński, Bogna Kowaliszyn, Sławomir Mroczkowski

## Classical selection index vs animal model in the breeding value estimation of lambs

### S u m m a r y

The research was carried out on 7,952 Merino Polish lambs born in the years 1997-2003, which were kept in 15 herds located in the Kujawsko-Pomorskie province. For each lamb, the phenotypic selection index was calculated as well as the breeding value, estimated based upon this index, using BLUP-AM. An explorative analysis of the trait was carried out using the multivariate analysis of variance with the least squares method. In the next stage, (co)variance components of selection index were estimated with the use of the AI-REML-AM method. It was found, based on the calculated AIC model selection criterion, that in order to estimate the components of (co)variance, one should use the linear model, which in addition to the direct effect, also takes into account the maternal effect and the permanent maternal environment effect. Heritability indices, obtained using this model were, respectively: direct heritability – 0.060, maternal heritability – 0.046, total heritability – 0.085. The obtained (co)variance estimators were used to estimate the breeding value by means of BLUP-AM. Then, values of the phenotypic selection index were correlated with the breeding value, which had been estimated based on this index using the BLUP-AM method. The highest correlation was found between the ranking of animals based on phenotypic index values and the ranking obtained by means of the BLUP-AM method with immediate effect taken into account – 0.766. Inclusion in the model of the maternal effect resulted in a change of the correlation coefficient to 0.396, and permanent maternal environment to 0.525.