



UNIWERSYTET TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZY
IM. JANA I JĘDRZEJA ŚNIADECKICH
W BYDGOSZCZY

ROZPRAWY NR 135

Dariusz Piwczyński

DOSKONALENIE CECH UŻYTKOWYCH MERYNOSA POLSKIEGO

BYDGOSZCZ – 2009

REDAKTOR NACZELNY
prof. dr hab. inż. Janusz Prusiński

REDAKTOR DZIAŁOWY
dr hab. inż. Jerzy Nowachowicz, prof. UTP

OPINIODAWCY
prof. dr hab. Roman Niżnikowski
prof. dr hab. Tomasz Szwaczkowski

OPRACOWANIE REDAKCYJNE I TECHNICZNE
mgr Dorota Ślachciak, inż. Edward Gołata

© Copyright
Wydawnictwa Uczelniane Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego
Bydgoszcz 2009

ISSN 0209-0597

Wydawnictwa Uczelniane Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz, tel. (052) 3749482, 3749426
e-mail: wydawucz@utp.edu.pl <http://www.utp.edu.pl/~wyd>

Wyd. I. Nakład 120 egz. Ark. aut. 7.2. Ark. druk. 8,6.
Oddano do druku i druk ukończono w lutym 2009 r.
Zakład Poligraficzny ARGONEX ZPChr
ul. Przemysłowa 34, 85-758 Bydgoszcz, tel. 052 348 93 11

Spis treści

Wykaz skrótów	5
1. Wstęp i przegląd piśmiennictwa	9
1.1. Uwarunkowania procesu doskonalenia owiec w Polsce	9
1.2. Charakterystyka Bydgoskiego Rejonu Hodowli Owiec	10
1.3. Genetyczne uwarunkowania cech użytkowych	10
1.4. Ocena wartości hodowlanej	19
1.5. Cel pracy	24
2. Materiał i metody badań	25
2.1. Materiał	25
2.2. Metody	27
2.2.1. Charakterystyka badanych cech użytkowych	27
2.2.2. Ogólne założenia analizy eksploratywnej i genetycznej	28
2.2.3. Analiza statystyczna masy ciała w wieku 56 dni i 12 miesięcy	32
2.2.4. Analiza statystyczna wieku zwierząt przy brakowaniu	35
2.2.5. Wskaźniki reprodukcji w badanych stadach	35
2.2.6. Analiza użyteczności reprodukcyjnej maciorek w kolejnych wykotach	36
2.2.7. Analiza genetyczna plenności i masy miotu za pomocą modeli dwucechowych	39
2.2.8. Analiza statystyczna wskaźników użyteczności życiowej	39
2.2.9. Modele czterocechowe	41
2.2.10. Analiza statystyczna indeksów selekcyjnych	41
2.2.11. Porównanie oczekiwanego postępu hodowlanego w zależności od różnych kryteriów selekcyjnych	42
2.2.12. Standaryzacja wartości hodowlanych	43
3. Wyniki i ich omówienie	45
3.1. Masa ciała jagniąt w wieku 56 dni	45
3.1.1. Analiza eksploratywna	45
3.1.2. Analiza genetyczna	46
3.2. Masa ciała owiec w wieku 12 miesięcy	51
3.2.1. Analiza eksploratywna	51
3.2.2. Analiza genetyczna	52
3.3. Wiek owiec przy brakowaniu	54
3.3.1. Analiza eksploratywna	54
3.3.2. Analiza przeżycia	55
3.3.3. Analiza genetyczna	56
3.4. Wskaźniki reprodukcji owiec w ocenianych stadach	58

3.5.	Cechy rozrodu matek w kolejnych wykotach	60
3.5.1.	Analiza eksploratywna płodności i liczby jagniąt urodzonych	60
3.5.2.	Analiza eksploratywna upadków jagniąt w okresie odchowu	62
3.5.3.	Analiza eksploratywna liczby jagniąt odchowanych	64
3.5.4.	Analiza genetyczna liczby jagniąt urodzonych i odchowanych	67
3.5.5.	Analiza eksploratywna masy miotu w wieku 56 dni	70
3.5.6.	Analiza genetyczna masy miotu w wieku 56 dni	72
3.5.7.	Analiza genetyczna liczby jagniąt urodzonych i masy miotu za pomocą modeli dwucechowych	74
3.6.	Wskaźniki życiowej użytkowości reprodukcyjnej macierek ...	76
3.6.1.	Analiza eksploratywna	76
3.6.2.	Analiza genetyczna	79
3.7.	Korelacje genetyczne i fenotypowe oszacowane za pomocą modeli czterocechowych	81
3.8.	Indeksy selekcyjne	83
3.8.1.	Analiza eksploratywna	83
3.8.2.	Analiza genetyczna	85
3.8.3.	Zależności między indeksami selekcyjnymi i cechami indeksowanymi oraz masą miotu	88
3.8.4.	Zależności między indeksami selekcyjnymi a intensywnością wykorzystania rozplodowego tryków	91
3.8.5.	Wyprowadzenie nowych współczynników regresji indeksowanych cech	93
3.9.	Wartość hodowlana wyselekcjonowanych osobników oraz oczekiwany postęp hodowlany w zakresie badanych cech	93
3.10.	Uszeregowanie wartości hodowlanej tryków	97
4.	Podsumowanie i wnioski	100
	Piśmiennictwo	103
	Streszczenia	117

WYKAZ SKRÓTÓW – ABBREVIATIONS

BLUP	–	najlepsze, liniowe, nieobciążone błędem przewidywanie Best Linear Unbiased Prediction
BV	–	wartość hodowlana oszacowana metodą BLUP-model zwierzęcia breeding value estimated using BLUP-Animal Model method
CL	–	przedział ufności ilorazu szans confidence interval of odds ratio
GS	–	metoda próbkowania Gibbsa Gibbs sampling method
HT	–	Indeks BLUP BLUP index
I_l, I_u, I_o	–	indeksy fenotypowe: lokalny, krajowy indeksujący liczbę jagniąt urodzonych, krajowy indeksujący liczbę jagniąt odchowanych phenotypic indices: local, national indexing the number of lambs born, national indexing the number of lambs reared
LJO	–	liczba jagniąt odchowanych przez matkę pokrytą w sezonie roz- płodowym number of lambs reared by ewe mated in reproduction season
LJU	–	liczba jagniąt urodzonych przez matkę wykoconą w sezonie re- produkcyjnym number of lambs born from weaned ewe in reproduction season
LM	–	model liniowy linear model
LSM	–	średnia najmniejszych kwadratów least squares mean
MC12	–	masa ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy body weight of animals at the age of 12 months
MC56	–	masa ciała jagniąt w wieku 56 dni body weight of lambs at the age of 56 days
MIOT56	–	masa miotu w wieku 56 dni litter weight at the age of 56 days
OR	–	iloraz szans odds ratio
PŁOD	–	plodność maciorki fertility of ewe

REML	–	metoda największej wiarygodności z ograniczeniami Restricted Maximum Likelihood Method
SD	–	odchylenie standardowe standard deviation
SE	–	błąd standardowy standard error
TM	–	model progowy threshold model
UJ	–	upadek jagnięcia lamb collapse
V_x	–	współczynnik zmienności coefficient of variation
WB	–	wiek zwierząt przy brakowaniu age of animals at culling
zLJO	–	przeciętna, życiowa liczba jagniąt odchowanych przez matkę pokrytą average, lifetime number of lambs reared by mated ewe
zLJU	–	przeciętna, życiowa liczba jagniąt urodzonych w miocie przez matkę wykoconą average, lifetime number of lambs born in a litter from weaned ewe
zOJ	–	życiowy odchów jagniąt lifetime lamb rearing
zPLOD	–	życiowa płodność maciorki lifetime fertility of ewe
n	–	liczba próbek number of samples
σ_a^2	–	wariancja genetyczna addytywna bezpośrednia direct additive genetic variance
σ_m^2	–	wariancja genetyczna addytywna matczyna maternal additive genetic variance
σ_c^2	–	wariancja środowiskowa trwała matczyna maternal permanent environmental variance
σ_{am}	–	kowariancja między efektami addytywnym bezpośrednim i matczynym covariance between direct and maternal additive effects
σ_{pe}^2	–	wariancja losowych stałych wpływów środowiska zwierzęcia animal's random permanent environmental effect variance

σ_e^2	–	wariancja błędu error variance
σ_p^2	–	wariancja fenotypowa phenotypic variance
d_{am}	–	kowariancja między efektami genetycznymi bezpośrednimi i matczynymi w wariancji fenotypowej covariance between direct and maternal effects as proportion to phenotypic variance
h^2	–	odziedziczalność heritability
h_a^2	–	odziedziczalność bezpośrednia direct heritability
h_m^2	–	odziedziczalność matczyna maternal heritability
c^2	–	stosunek wariancji środowiska trwałego matki do wariancji fenotypowej ratio of maternal permanent environmental variance to phenotypic variance
h_T^2	–	odziedziczalność całkowita total heritability
\bar{x}	–	średnia arytmetyczna arithmetic mean
r	–	współczynnik korelacji liniowej coefficient of linear correlation
r'	–	powtarzalność repeatability
r_g	–	współczynniki korelacji genetycznej genetic correlation coefficient
r_p	–	współczynniki korelacji fenotypowej phenotypic correlation coefficient
r_s	–	współczynnik korelacji rangowej (Spearmana) rank (Spearman's) correlation coefficient

1. WSTĘP I PRZEGLĄD PIŚMIENICTWA

1.1. UWARUNKOWANIA PROCESU DOSKONALENIA OWIEC W POLSCE

Obowiązujące nadal w Polsce zasady oceny wartości hodowlanej owiec zostały sformułowane w roku 1996 w zatwierdzonym przez Ministerstwo Rolnictwa i Gospodarki Żywnościowej „Programie doskonalenia pogłowia owiec do roku 2010” („Program”). „Program” ten powstał jako reakcja hodowców na brak opłacalności produkcji, a w konsekwencji na dramatyczny spadek liczebności owiec [139]. Pogłowie liczące w roku 1985 ponad 5 milionów sztuk, w 1995 osiągnęło stan 713 tys. [60]. Przyczynami gwałtownego spadku pogłowia były: import taniej wełny z Australii i Nowej Zelandii, brak ustabilizowanego rynku na produkty owczarskie, niedostatecznie rozpowszechnione krzyżowanie towarowe, niskie wskaźniki reprodukcyjne stada podstawowego oraz niewłaściwa struktura rasowa [60, 79, 139]. W założeniach „Programu” podstawowym kierunkiem użytkowania stał się kierunek mięsny. Głównym źródłem dochodu hodowców miała być produkcja jagniąt rzeźnych przeznaczonych na eksport, wspomagana dodatkowo użytkowaniem mlecznym oraz właściwym zagospodarowaniem wełny i skór [139]. Uznano też, że warunkiem koniecznym do zagwarantowania minimalnego zysku jest poprawa wskaźników reprodukcji [139]. Docelowo „Program” zakładał uzyskanie 1,5 jagnięcia od matki w ciągu roku oraz doprowadzenie do wzrostu liczebności pogłowia do 1,5 miliona sztuk w roku 2010.

W ramach „Programu” dokonano podziału ras owiec na mateczne (owce rasy merynos, nizinne, długowłniste i górskie) i ojcowskie (rasy mięsne i plenne) [139]. Merynos polski reprezentujący rasy mateczne jest nadal najbardziej liczną i skonsolidowaną genetycznie rasą w Polsce [60]. Mimo iż w ostatnich latach obserwuje się sukcesywny spadek udziału tej rasy w krajowej strukturze pogłowia, to i tak w 2007 roku udział maciorek merynosa polskiego wpisanych do ksiąg zarodowych wyniósł 20,99% [60].

Cel hodowlany, sformułowany w ramach „Programu” do realizacji w stadach ras matecznych, zakładał doskonalenie 4 cech, tj.: tempa wzrostu jagniąt, masy miotu, zdolności macierzyńskich i masy ciała przed stanówką [139]. Waga poszczególnych cech w stustopniowej skali była następująca: 20, 50, 20 i 10 [79]. W konsekwencji założeń „Programu” w stadach matecznych owiec rejestruje się masę ciała jagniąt w wieku 56 dni, plenność matki (średnią ze wszystkich wykotów) i średnią wielkość miotu odchowanego [139]. Dzięki temu możliwa jest ocena początkowego tempa wzrostu jagniąt oraz wskaźników rozrodu matek.

Jednym z założeń hodowlanych „Programu” było doskonalenie łącznej masy miotu potomstwa w wieku 56 dni [79, 139]. Jest to cecha złożona, będąca funkcją liczby urodzonych jagniąt, ich przeżywalności oraz indywidualnej masy ciała potomstwa przy odsadzeniu. Czynnikiem odpowiedzialnym za masę miotu są

ponadto mleczność i zdolności opiekuńcze matki. W związku z tym, masamiotu odchowanego może stanowić dobre kryterium selekcyjne [43]. Duguma i wsp. [40] twierdzą wręcz, że masa miotu odchowanego jest najlepszą miarą produktywności stada.

1.2. CHARAKTERYSTYKA BYDGOSKIEGO REJONU HODOWLI OWIEC

Województwo kujawsko-pomorskie stanowi od wielu lat ważny rejon hodowli owiec w Polsce [60]. W latach 2001-2007 udział owiec utrzymywanych w rejonie działania Regionalnego Związku Hodowców Owiec i Kóz (RZHOiK) w Bydgoszczy w stosunku do pogłowia krajowego wynosił od 12,71% (2001 r.) do 6,29% (2007). Należy podkreślić, że poza ostatnim rokiem (2007) nigdy nie był niższy niż 8,5%. Przeciętna wielkość ocenianych stad w rejonie działania RZHOiK w Bydgoszczy wahała się w tym czasie od 121,2 do 145,3 sztuk matek stada podstawowego, była tym samym wyraźnie większa niż w całej populacji krajowej: 78,8-82,1 sztuk na stado. W województwie kujawsko-pomorskim w roku 2007 znajdowało się 7,5% macierek objętych oceną użytkowości, a 8,24% wpisanych do ksiąg.

Województwo kujawsko-pomorskie jest od wielu lat ważnym rejonem hodowli owiec berrichone du cher, czarnogłówka, ile de france oraz owcy pomorskiej. Praca hodowlana nad wymienionymi rasami prowadzona była zawsze na wysokim poziomie, o czym świadczą prezentowane corocznie przez Polski Związek Owczarski wskaźniki użytkowości reprodukcyjnej [60]. Na terenie województwa, jako jedyne w kraju, hoduje się owce ras: merynos polski barwny i owca kołudzka. Szczególnie istotna w rejonie RZHOiK w Bydgoszczy jest jednak hodowla owiec rasy merynos polski, której tradycja sięga wielu lat [60, 103, 104]. W latach 2001-2007 oceną użytkowości objęte było od 25,95 do 31,94% macierek. Stada merynosa polskiego z rejonu bydgoskiego były zawsze bardziej liczne niż przeciętnie w kraju: 121,3-142,2 vs. 96,2-124,0, a wskaźniki rozrodu macierek wpisanych do ksiąg zwierząt zarodowych z tych stad przekraczały wskaźniki populacji krajowej lub były do nich zbliżone.

Wysoki poziom pracy hodowlanej, liczne stada, wysoki udział osobników objętych oceną użytkowości sprawiają, iż województwo kujawsko-pomorskie jest ważnym rejonem hodowli merynosa w Polsce.

1.3. GENETYCZNE UWARUNKOWANIA CECH UŻYTKOWYCH

Większość cech użytkowych owiec należy do cech ilościowych, tj. warunkowanych przez poligeny. Ich zmienność genetyczna wynika z addytywnego działania genów (poligenów) oraz z wpływów nieaddytywnych, te z kolei są skutkiem zmienności dominacyjnej i epistatycznej. Wśród źródeł zmienności cech użytkowych wymienić należy również wpływy cytoplazmatyczne [55, 90, 177, 183], a w szczególności mitochondrialne. Informacja zawarta w mitochon-

driach przekazywana jest potomstwu męskiemu i żeńskiemu przez matki. Zmienność genetyczna ma na ogół charakter ciągły oraz rozkład normalny. W przypadku takich cech, jak masa ciała i masa miotu również zmienność fenotypowa ma charakter ciągły. Z kolei zmienność płodności matki, liczby jagniąt urodzonych i odchowanych posiadają charakter skokowy. Cechy te zaliczane są do zmiennych progowych, czyli cech nieciągłych w swojej ekspresji, reprezentujących zazwyczaj kilka skategoryzowanych wartości fenotypowych, ale warunkowane są przez poligeny. Ich charakterystyczną właściwością jest to, że przekroczenie tzw. progu odnoszącego się do posiadanych genów powoduje zasadniczą zmianę fenotypu [35, 47].

Źródłem zmienności fenotypowej masy ciała i wskaźników użytkowości reprodukcyjnej jest wiele czynników natury genetycznej oraz środowiskowej [3, 24, 33, 38, 50, 53, 64, 74, 75, 77, 84, 99, 114, 123, 126, 129, 131, 135, 136, 137, 153, 178]. Piwczyński i Mroczkowski [135] oraz Tosh i Kemp [178] uważają, że źródłem zmienności masy ciała jagniąt może być rasa. Pięta [126], a także Piwczyński i Mroczkowski [136] dowodzą, że może to być również stado. Gruzewska [50], Jurado i wsp. [64], Piwczyński i Mroczkowski [136], Saatci i wsp. [153] wskazują na istniejący dymorfizm płciowy w zakresie masy ciała, jak również wyższą masę ciała jagniąt z miotów pojedynczych niż mnogich. Piwczyński i Mroczkowski [136] sugerują, że istotnym czynnikiem w kształtowaniu masy ciała w wieku 56 dni może być płeć jagniąt pochodzących z miotów o jednakowej i różnej płci. Czynnikiem odpowiedzialnymi za masę ciała jagniąt są także wiek matek [64, 99, 126, 135, 136, 153] oraz rok urodzenia [24, 135, 153].

Badania Drożdża [38], Guta i wsp. [53], Kormana i Osikowskiego [74, 75], Okuta i wsp. [120], Piwczyńskiego i Mroczkowskiego [134] oraz Rzepeckiego i Krupińskiego [152] wskazują, że poziom cech rozrodu zależy od rasy owiec. Liczne badania dowodzą, że czynnikiem bezpośrednio wpływającym na wskaźniki rozrodu jest stado [38, 77, 126, 129, 131, 137]. Znaczący wpływ na zdolność reprodukcyjną maciorek ma także ich wiek [3, 19, 27, 56, 114, 115, 120, 123, 131, 137, 169], typ urodzenia maciorki i jej rodziców [32, 40, 76, 77, 100, 114, 131]. Wyniki badań Dankowskiego i wsp. [33] świadczą o tym, że maciorki z miotów bliźniaczych o jednakowej płci charakteryzują się lepszą płodnością i użytkowością rozplodową niż zwierzęta z miotów różnopłciowych. Źródłem zmienności cech rozrodu według Burfeninga i Carpio [24], Kormana i Osikowskiego [74] oraz Lipeckiej i Gruszeckiego [84] jest także termin stanówki. Dankowski i Bernacka [30] uważają, że nieobojętny w przypadku płodności i plenności jest także termin rui w trakcie stanówki. Masa ciała maciorek oraz ich kondycja przed stanówką mogą stanowić następne źródło zmienności płodności, plenności oraz odchovu jagniąt [3, 9, 24, 31, 38, 117]. Dankowski i wsp. [31] zaobserwowali, że nie tylko masa ciała przed stanówką, ale również masa ciała maciorek w wieku 12 miesięcy może mieć wpływ na wskaźniki ich rozrodu. Efekt roku urodzenia, rozumiany jako konsekwencja prowadzonej pracy hodowlanej, został statystycznie potwierdzony przez Dugumę i wsp. [40], Kowalishyn i Mroczkowskiego [77] oraz Piwczyńskiego i Mroczkowskiego [131, 134].

Kolejnym czynnikiem, który warunkuje poziom reprodukcji w stadzie jest rok produkcyjny [3, 114, 115, 137]. Jednak w tym przypadku czynnik ten utożsamiany jest ze zmieniającymi się warunkami utrzymania i żywienia zwierząt – uważany jest więc za czynnik środowiskowy.

Opracowanie skutecznego programu hodowlanego nie jest możliwe bez znajomości parametrów genetycznych populacji. Obecnie szacowane są one na ogół metodą największej wiarygodności (Maximum Likelihood – ML), a w zasadzie na podstawie jej rozwinięcia w postaci metody REML (Restricted Maximum Likelihood – metoda największej wiarygodności z ograniczeniami) [41, 144] i jej modyfikacji w postaci metody DFREML (Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood – algorytm wolny od obliczania pochodnej przy maksymalizacji funkcji wiarygodności) [37, 89, 91] lub też AI-REML (Average Information Algorithm REML) [173]. Znaczna część szacunków, zwłaszcza w przypadku skomplikowanych modeli, jak również dużych zbiorów danych, uzyskiwana jest metodami bayesowskimi, do których należy metoda próbkowania Gibbsa (Gibbs Sampling – GS) [6, 39, 140, 158, 192]. Na ogół też oszacowania wykonuje się za pomocą modelu zwierzęcia (Animal Model – AM), a nie jak poprzednio modelu ojca (Sire Model – SM). Ze względu na dyskretny, często wręcz binominalny charakter cechy (np. płodność maciorki) do prowadzenia oszacowań stosuje się zamiast modeli liniowych (Linear Models – LM) – modele progowe (Threshold Models – TM) [39, 94]. Należy jednak zaznaczyć, że w literaturze przedmiotu można również znaleźć szacunki uzyskane za pomocą metody najmniejszych kwadratów (MNK) [2, 154].

Wskaźniki odziedziczalności masy ciała są na ogół szacowane z zastosowaniem metody REML [21, 41, 52, 89, 91, 93, 109, 112, 119, 122, 153] bądź też metody próbkowania Gibbsa [192]. Modele liniowe, na podstawie których wykonuje się szacunki, uwzględniają różne efekty losowe. Shaat i wsp. [159] prowadzili obliczenia, biorąc pod uwagę wyłącznie efekt addytywny bezpośredni. Część autorów ujęła w swoich badaniach również efekt addytywny matczyny i losowy wpływ trwałego środowiska matczynego [21, 41, 52, 89, 91, 93, 109, 112, 119, 122, 144, 153, 173, 178].

Boujenane i wsp. [21], Duguma i wsp. [41], Maria i wsp. [91], Näsholm i Danell [109], Rao i Notter [144], Szwaczkowski i wsp. [173], Tosh i Kemp [178] stwierdzili, że odziedziczalność matczyna masy ciała jagniąt po urodzeniu może być zbliżona do bezpośredniej, a nawet pięciokrotnie od niej większa. Najsilniejsze wpływy matczyny występują podczas karmienia potomstwa siarą, zmniejszają się nieco w okresie karmienia mlekiem, a następnie ulegają ograniczeniu [41, 52, 91, 99, 109, 112, 119, 144, 173, 178]. W konsekwencji, w miarę wzrostu jagniąt odziedziczalność matczyna ustępuje odziedziczalności bezpośredniej. Można więc stwierdzić, że nieuwzględnienie w modelu efektów matczynych, w sytuacji gdy one istnieją, prowadzi do przeszacowania lub niedoszacowania odziedziczalności addytywnej bezpośredniej [41, 112, 153, 173]. Clement i wsp. [26], prowadząc badania symulacyjne udowodnili, iż pominięcie efektu matczynego może doprowadzić nawet do dwukrotnego przeszacowania

odziedziczalności bezpośredniej. Tosh i Kemp [178] sugerują, że efekt ten powinien być uwzględniony przy szacowaniu komponentów wariancji masy ciała jagniąt do wieku 100 dni. Hanford i wsp. [55] oraz van Vleck i wsp. [183] podjęli prace badawcze nad oceną wpływów cytoplazmatycznych (mitochondrialnych) na masę urodzeniową i masę jagniąt przy odsadzeniu, jak również na wydajność wełny i liczbę jagniąt urodzonych. Wspomniani wyżej autorzy udowodnili, że wpływy cytoplazmatyczne na wyżej wymienione cechy są niewielkie.

W tabeli 1 umieszczono oszacowane metodą REML wskaźniki odziedziczalności masy ciała jagniąt, uzyskane na ogół z zastosowaniem modeli liniowych, uwzględniających efekt addytywny genetyczny bezpośredni i matczynej [21, 41, 52, 89, 91, 93, 109, 112, 144, 153, 178].

Tabela 1. Wskaźniki odziedziczalności bezpośredniej (h_a^2), matczynej (h_m^2) i całkowitej (h_T^2) masy ciała

Table 1. Direct (h_a^2), maternal (h_m^2) and total (h_T^2) heritability for body weight

Metoda i model Method and model	Wiek (dni) Age (days)	h_a^2	h_m^2	h_T^2	Źródło Source
DFREML-AM	28			0,31	[37]
DFREML-AM	30	0,02	0,07	0,03	[21]
DFREML-AM	36	0,27	0,49		[112]
DFREML-AM	40	0,34	0,25		[91]
DFREML-AM	42	0,37	0,25		[112]
DFREML-AM	50	0,28	0,13		[112]
DFREML-AM	50	0,05-0,21	0,06-0,19	0,05-0,18	[178]
DFREML-AM	56	0,14	0,10	0,13	[89]
REML-AM	60	0,13	0,06		[93]
DFREML-AM	60	0,01	0,10		[119]
REML-AM	60	0,11-0,19	0,06-0,22		[144]
REML-AM	60	0,18-0,67			[159]
DFREML-AM	70	0,07	0,08	0,05	[21]
REML-AM	84	0,21	0,09	0,25	[153]
EM REML SM	90	0,15			[64]
DFREML-AM	90	0,09	0,01		[91]
DFREML-AM	100	0,16	0,02	0,17	[52]
DFREML-AM	105	0,12	0,13	0,28	[109]
REML-AM	120	0,26	0,05	0,30	[41]

Przedstawione w tabeli 1 oszacowania charakteryzują się znacznym zróżnicowaniem (0,01-0,67), którego źródeł można upatrywać, podobnie jak w przypadku cech rozrodu (tab. 2), w przynależności rasowej [144, 178]. Najwyższą (0,67) spośród zestawionych w tabeli wartość odziedziczalności bezpośredniej uzyskali Shaat i wsp. [159] w stadach owiec Ossimi, najniższą (0,01) – Notter i Hough [119] w badaniach nad rasą Targhee.

Dobek i wsp. [37], badając jagnięta rasy wielkopolskiej, merynos polski i wschodniofryzyjskiej oszacowali odziedziczalność całkowitą masy ciała w wieku 28 dni na poziomie 0,31. Maria i wsp. [91] oraz Nesper i wsp. [112] w doświadczeniach nad jagniętami rasy romanowskiej i merynosa mięsnego w wieku 36-50 dni uzyskali umiarkowane wartości wskaźników odziedziczalności addytywnej bezpośredniej (0,27-0,37). Jednak prezentowane w niektórych pracach [21, 52, 64, 89, 109, 119, 144, 153] szacunki odziedziczalności (0,01-0,21) dowodzą na ogół niskiego genetycznego uwarunkowania cechy. Wyniki badań Boujenane'a i Kansari'ego [21], Maria i wsp. [91], a także Nesera i wsp. [112] pozwalają wnioskować, że odziedziczalność masy ciała zmienia się w zależności od wieku, dla jakiego była wyznaczana. Fogarty [45] oraz Mousa i wsp. [99] sugerują, że wartość wskaźnika odziedziczalności zwiększa się wraz z wiekiem jagnięcia, jednak nie jest to regułą, o czym świadczą wyniki pracy Maria i wsp. [91].

Duże znaczenie w jednoczesnym doskonaleniu masy ciała oraz zdolności macierzyńskich matki ma korelacja między efektem addytywnym bezpośrednim a efektem addytywnym matczynym. Jej ujemna wartość znacząco utrudnia doskonalenie genetyczne obydwu rodzajów cech. Ujemne korelacje między efektem bezpośrednim i addytywnym matczynym przedstawiono w pracach: Boujenane'a i Kansari'ego [21] (-0,55-(-0,17)), Dugumy i wsp. [41] (-0,23), Maniatisa i Pollotta [89] (-0,99-(-0,34)), Nesera i wsp. [112] (-1,00-(-0,376)), Rao i Nottera [144] (-0,8-(-0,55)), Szwaczkowski i wsp. [173] (-0,14-(-0,11)).

W stadach matecznych merynosa polskiego – oprócz masy ciała jagniąt w wieku 56 dni – kontrolowana jest również masa zwierząt w wieku 12 miesięcy. Z tego też względu ważna jest wiedza na temat odziedziczalności tej cechy. Cloete i wsp. [28], szacując wskaźniki odziedziczalności masy ciała owiec w wieku 12 miesięcy za pomocą modelu zwierzęcia metodą REML, uzyskali wartości: 0,23 i 0,25. Znacznie wyższe wskaźniki otrzymali Snyman i wsp. [161] przy szacowaniu odziedziczalności masy ciała owiec w wieku 9 i 18 miesięcy za pomocą podobnego modelu; wynosiły one odpowiednio: 0,63 i 0,60. Niektórzy autorzy [4, 93, 119], szacując odziedziczalność masy ciała w wieku 12 miesięcy, włączyli do modelu liniowego addytywny efekt matczyny, jednak udział tej zmienności okazał się niewielki. Wskaźniki odziedziczalności bezpośredniej wynosiły: 0,17-0,23, zaś addytywnej matczynnej: 0,00-0,14. W pracach, w których szacowano odziedziczalność za pomocą metody analizy wariancji i modelu ojcowskiego [50, 166], otrzymano odziedziczalność w przedziale 0,184-0,249.

Szacowanie parametrów genetycznych cech rozrodu, które są cechami dyskretnymi, a nawet binominalnymi, jest bardziej skomplikowane aniżeli cech ciągłych, takich jak np. masa ciała czy przyrosty dobowe. Zmienne te nie mają rozkładu normalnego. W związku z tym przed przystąpieniem do szacowania komponentów (ko)wariancji powyższe cechy poddaje się transformacji Snella [106], przekształceniu probitowemu [130], a następnie wykonuje się obliczenia modelem liniowym za pomocą metody REML. W niektórych badaniach [94,

121] w trakcie szacowania parametrów genetycznych plenności wykorzystywano model Poissona. Obecnie panuje pogląd, iż dyskretne cechy rozrodu winny być szacowane modelami progowymi [6, 94, 121, 192]. Jedną z metod szacowania parametrów zarówno w przypadku modeli progowych, jak i liniowych jest metoda próbkowania Gibbsa [1, 121, 160, 192]. W praktyce szacunki komponentów (ko)wariancji wyznacza się wykorzystując modele liniowe [23, 56, 57, 78, 120, 122, 130, 144, 147, 182] oraz progowe [6, 93, 94, 121, 162, 182]. Wyznaczanie parametrów genetycznych cech rozrodu może odbywać się za pomocą modeli wielocechowych, w których wartości uzyskane w kolejnych cyklach produkcyjnych zwierzęcia traktowane są jako oddzielne cechy [54, 186], a także modeli powtarzalnościowych; wyniki tych modeli są najczęściej publikowane w literaturze naukowej przedmiotu [2, 94, 121, 147, 154, 186]. Należy jednak podkreślić, że modele wielocechowe posiadają przewagę nad modelami powtarzalnościowymi, ponieważ uwzględniają kowariancję między wartościami cechy w kolejnych pomiarach [174].

W tabeli 2 zestawiono wartości wskaźników odziedziczalności oraz powtarzalności liczby jagniąt urodzonych przez matkę wykoconą, a także liczby jagniąt odsadzonych, prezentowane w wybranych pracach naukowych [2, 6, 22, 56, 57, 78, 93, 94, 120, 121, 122, 130, 144, 162, 192]. Minimalna odziedziczalność liczby jagniąt urodzonych wyniosła 0,00 [94, 121], zaś maksymalna – 0,47 [2]. Zerową odziedziczalność liczby jagniąt odsadzonych od matki podają Okut i wsp. [120], natomiast Yazdi i wsp. [192] uzyskali odziedziczalność umiarkowaną, tj. równą 0,43. Powtarzalność powyższych cech zawierała się w przedziale: 0,04-0,23 (LJU) i 0,06-0,22 (LJO). Znaczne zróżnicowanie szacowanych parametrów może być spowodowane metodą i modelem, wykorzystanymi do obliczeń [94, 121, 162].

Wskaźniki odziedziczalności stwierdzone za pomocą modeli progowych były blisko dwukrotnie wyższe w porównaniu z uzyskanymi metodą REML i modelami liniowymi [94, 121, 162]. Te z kolei wyraźnie przewyższały oszacowania realizowane z wykorzystaniem modelu Poissona. Znacząco wyższe wskaźniki odziedziczalności uzyskane przy użyciu modeli progowych niż pozostałych wynikają z faktu, iż modele te wyjaśniają większą część zmienności ogólnej [94, 121].

Kolejną przyczyną zróżnicowania parametrów jest przynależność do określonej rasy, na co wskazują szerokie przedziały szacunków, podawane przez Abdulkhaliq i wsp. [2], Matosa i wsp. [94], Okuta i wsp. [120], Oliviera i wsp. [122], a także Rao i Nottera [144]. Badania przeprowadzone przez Haggera [54] oraz Röhe i wsp. [146] wskazują, że odziedziczalność liczby urodzonych jagniąt jest zależna również od kolejnego wykotu. W obydwu cytowanych pracach [54, 146], najwyższe wartości wskaźników stwierdzono w drugim sezonie rozplodowym (w stosunku do 1. i 3.).

Tabela 2. Wskaźniki odziedziczalności (h^2) i powtarzalności (r') liczby jagniąt urodzonych (LJU) i odsadzonych (LJO)Table 2. Heritability (h^2) and repeatability (r') for lambs born (LJU) and reared (LJO)

Metoda i model Method and model	LJU		LJO		Źródło Source
	h^2	r'	h^2	r'	
MNK-SM	0,07-0,47	0,04-0,23	0,08-0,30	0,06-0,22	[2]
MNK-SM	0,16	0,180	0,09	0,10	[154]
DFREML-LAM	0,07-0,12		0,03-0,07		[22]
DFREML-LAM	0,09		0,06		[56]*
DFREML-LAM	0,10		0,07		[57]*
DFREML-LAM	0,08-0,16	0,11-0,21			[94]*
DFREML-LAM	0,01-0,17		0,00-0,10		[120]
DFREML-LAM	0,19-0,23		0,16-0,17		[122]
DFREML-LAM	0,09-0,11				[144]
GS TAM	0,077	0,141			[6]
GS TAM			0,34-0,43		[192]
MML Poisson-AM	0,00-0,04				[94]*
MML Poisson-SM	0,00-0,08				[121]
MML TAM	0,13-0,25				[94]*
MML TSM	0,26		0,06		[93]
MML TSM	0,26-0,39				[121]
MML TSM	0,13		0,05		[162]
REML-LAM	0,072		0,041		[78]*
REML-LAM	0,039	0,077	0,021	0,069	[130]*
REML-LAM	0,09		0,01		[162]
REML-LSM	0,12-0,20				[121]
REML-LSM	0,07		0,04		[162]

* wskaźniki wyznaczone w przeliczeniu na matkę pokrytą
indices determined per mated dam

- MML – metoda największej wiarygodności
Marginal Maximum Likelihood
- MNK – metoda najmniejszych kwadratów
Least Squares Methods
- LAM – liniowy model zwierzęcia
Linear Animal Model
- LSM – liniowy model ojca
Linear Sire Model
- TAM – progowy model zwierzęcia
Threshold Animal Model
- TSM – progowy model ojca
Threshold Sire Model

Umieszczone w tabeli 2 wartości odziedziczalności i powtarzalności oszacowane zostały przez różnych autorów w oparciu o indywidualne wydajności

maciorek z kolejnych sezonów produkcyjnych. W niektórych pracach prezentowane są szacunki parametrów otrzymane na podstawie średniej z kilku kolejnych użytkowości maciorki (np. 2 lub 3) [126, 133] bądź też na podstawie użytkowości życiowej [67, 126]. Pięta [126] szacował odziedziczalność plenności maciorek za pomocą hierarchicznej analizy wariancji dla grup półrodzeństwa po ojcach w oparciu o 2 i 3 sezony reprodukcyjne, a także na podstawie użytkowości życiowej, uzyskując następujące szacunki odziedziczalności: 0,174, 0,245 i 0,274. Szacunki stwierdzone przez Piwczyńskiego i wsp. [133] w oparciu o średnią z trzech sezonów produkcyjnych wyniosły odpowiednio: dla plenności – 0,148, dla użytkowości rozplodowej (przeciętnej liczby jagniąt odchowanych od matki pokrytej) – 0,088. Z kolei Kałuża [67] w badaniach nad rasą Leine oszacowała odziedziczalność plenności na 0,23. Snyman i wsp. [161], wykorzystując metody DFREML w odniesieniu do liczby jagniąt urodzonych i odchowanych, uzyskali następujące wartości parametrów: 0,23 i 0,29.

Podsumowując omawiane wartości wskaźników odziedziczalności i powtarzalności, należy stwierdzić, że zmienność genetyczna ma mały wpływ na liczbę jagniąt urodzonych i odchowanych [2, 6, 22, 56, 57, 78, 93, 94, 120, 121, 122, 130, 154, 162, 192]. Fakt ten powoduje, że doskonalenie cech reprodukcyjnych jest procesem długotrwałym. Rzepecki i Krupiński [152] uważają jednak, że wyraźna poprawa plenności maciorek jest również możliwa na skutek konsekwentnej, wieloletniej selekcji. Dzięki niej w stadach merynosa polskiego doprowadzono do uzyskania wskaźnika plenności na poziomie 1,7-1,8 jagnięcia od matki. Możliwość prowadzenia skutecznej, równoczesnej selekcji na płodność, a pośrednio na plenność potwierdzają badania Al-Shorepy'ego i Nottera [5]. Hanford i wsp. [57] opisują przykład pracy hodowlanej dotyczącej owiec rasy Targhee, trwającej 49 lat, w rezultacie której doprowadzono do zwiększenia o 0,6 liczby jagniąt rodzonych i o 0,4 liczby jagniąt odchowanych. Jednocześnie o 7,5 kg zwiększyła się masa ciała jagniąt przy odsadzeniu w wieku 120 dni. Ercanbrack i Knight [43] prezentując efekt 12-letniej selekcji prowadzonej na masę miotu w stadach owiec Rambouillet, Targhee, Columbia i Polypay wykazali pozytywne trendy genetyczne w zakresie liczby jagniąt odchowanych, jak również zwiększenia masy miotu odsadzonego.

Nie zawsze jednak selekcja na maksymalną liczbę jagniąt rodzonych przez matkę jest zjawiskiem pożądanym, co uwidacznia się zwłaszcza wśród ras o bardzo wysokiej plenności, jak np. owca romanowska, fińska czy też Lacaune. Nadmierna liczba rodzonych jagniąt skutkuje tym, że nie są one akceptowane przez matki, co w konsekwencji prowadzi do częstych upadków tych jagniąt. SanCristobal-Gaudy i wsp. [155] podają, że hodowcy preferują wykoty bliźniacze, uznając je za najbardziej opłacalne. Z tego też względu podejmuje się działania hodowlane nad ujednoczeniem liczby rodzonych jagniąt metodą selekcji stabilizującej [155]. Ograniczenie zmienności fenotypowej może być również pożądane w odniesieniu do cech użytkowości mlecznej i rzeźnej [156]. W związku z tym problematyka dotycząca selekcji stabilizującej jest coraz częściej prezentowana w literaturze światowej [105, 155, 156].

Na szybsze efekty dotyczące poprawy reprodukcji stada można liczyć m.in. poprzez krzyżowanie ras miejscowych z rasami plennymi, co było jednym z założeń „Programu Doskonalenia Plenności” [49, 73, 169]. Program zakładał przekształcenie genotypu matek ras krajowych na drodze krzyżowania uszlachetniającego z trykami ras plennych, do genotypu zawierającego $\frac{1}{4}$ rasy plennej (owca romanowska, fińska fryzyjska, Booroola i olkuska). Kolejnym sposobem zwiększenia plenności owiec jest wykorzystanie potencjału tkwiącego w wykrytych genach głównych. Szczególny wpływ na zwiększenie liczby owulujących komórek jajowych wywiera autosomalny gen Booroola (FecB), wykryty wśród owiec rasy merynos Booroola [34]. Obecność allelu FecB^B w genotypie na 6. chromosomie w układzie heterozygotycznym skutkuje zwiększeniem liczby owulujących komórek jajowych o 1,5, zaś w układzie homozygotycznym – aż o 3 komórki. Niestety, niekiedy forma homozygotyczna ma negatywny wpływ na plenność maciorek, m.in. w przypadku alleli: FecX¹, FecX^H, FecX^S [34]. Badania przeprowadzone przez Guana i wsp. [51] dowodzą, że obecność genu Booroola w genotypie zwierzęcia ma związek również z masą ciała. Autorzy [51] stwierdzili, że jagnięta merynosa chińskiego, będące homozygotami, pod względem allelu FecB^B uzyskały wyższą o 0,6 kg masę ciała w wieku 90 dni niż heterozygoty i aż o 3 kg niż homozygoty pozbawione genu FecB^B.

W matecznych stadach owiec doskonalili się zarówno tempo wzrostu jagniąt, jak też zdolności reprodukcyjne matek [139]. Konieczne jest w związku z tym poznanie genetycznych oraz fenotypowych zależności między powyższymi cechami. Rezultaty badań Mroczkowskiego [101] oraz Pięty [126] świadczą o tym, że zależności genetyczne między masą ciała w 100. dniu życia a plennością matek przyjmowały wartości dodatnie (0,209-0,434). Pozwala to sądzić, iż możliwa jest praca hodowlana mająca na celu doskonalenie jednocześnie obydwu cech. Korelacja fenotypowa pomiędzy masą ciała a plennością okazała się dodatnia, lecz wyraźnie słabsza niż korelacja genetyczna (0,024-0,128) [101, 126]. Wyniki doświadczeń Stolbarta i wsp. [167] potwierdzają, że istnieje zależność między masą ciała maciorek a jej przyszłymi wskaźnikami reprodukcyjnymi oraz użytkowością wełnistą.

Obszarem badań wielu naukowców są zależności między liczbą jagniąt urodzonych, czy też odchowanych a łączną masą miotu przy odsadzeniu. Bromley i wsp. [23] oszacowali wskaźniki korelacji genetycznej między liczbą jagniąt urodzonych a masą miotu odsadzonego w wieku 120 dni na poziomie 0,42-0,65. Korelacja między liczbą potomstwa odsadzonego a łączną masą miotu była już wyraźnie wyższa, kształtowała się na poziomie 0,80-0,99. Pozwala to wnioskować, że prowadzenie selekcji na liczbę jagniąt odsadzonych winno wiązać się z doskonaleniem pośrednim masy miotu odsadzonego. Ma to istotne znaczenie w pracy hodowlanej prowadzonej w stadach matecznych ze względu na możliwość otrzymania dużej liczby jagniąt o wysokiej masie ciała [139].

Szacowanie korelacji genetycznych między takimi cechami, jak: masa ciała (masa miotu) i plenność maciorki, które wyrażane są w różnej skali (ciągłej, dyskretnej), napotyka na pewne problemy numeryczne. Ważne jest więc wska-

zanie optymalnej metody i modelu szacowania. Masa ciała jest fenotypowo cechą ciągłą, zaś liczba jagniąt urodzonych – cechą progową. Wydaje się zatem zasadnym stosowanie dwucechowych modeli progowo-liniowych.

Lee i wsp. [81], Ramirez-Valverde i wsp. [142], Varona i wsp. [181] badali przydatność modeli progowo-liniowych do szacowania wartości hodowlanej w zakresie łatwości wycieleń, masy urodzeniowej cieląt, a także długości ciąży u krów. Stwierdzili praktycznie identyczne uszeregowanie wartości hodowlanych zwierząt, uzyskane za pomocą modeli liniowo-liniowych i progowo-liniowych dla masy urodzeniowej i długości ciąży. Niższe zależności wykazano w przypadku łatwości ocieleń (cecha progowa). Podczas badań stwierdzono jednak większą dokładność oszacowań uzyskanych za pomocą modeli progowo-liniowych niż liniowo-liniowych. Z tego też względu za najbardziej optymalny model uznano model progowo-liniowy. Podobne wnioski sformułowali Arango i wsp. [8], którzy wykazali przydatność modelu progowo-liniowego do szacowania parametrów genetycznych masy urodzeniowej i śmiertelności prosiąt przed odsadzeniem.

1.4. OCENA WARTOŚCI HODOWLANEJ

Ocenę wartości hodowlanej owiec w Polsce prowadzi się od 1961 roku [110, 151]. W powstałych wtedy 4 stacjach Instytutu Zootechniki oceniano tryki rasy merynos polski, owce długowłnistej oraz polskiej owcy górskiej na podstawie potomstwa. Liczba rejestrowanych cech użytkowości wełnistej oraz mięsnej potomstwa wynosiła ponad 100. Równoległe z oceną stacyjną wykonywano ocenę w stadach macierzystych, a selekcję zwierząt pod względem ilości i jakości wełny, umięśnienia, kalibru, plenności prowadzono metodą niezależnych poziomów brakowania [66]. W 1968 roku metodę tę zastąpiono metodą indeksu selekcyjnego, co pozwoliło na wyznaczenie łącznej wartości hodowlanej osobników. Podczas 40 lat pracy hodowlanej ulegały zmianie indeksowane cechy. Było to efektem zmieniającej się koniunktury na rynku, a jednocześnie modyfikacji celów hodowlanych [66, 151].

W pracy hodowlanej w stadach matecznych wykorzystuje się obecnie metodę indeksu selekcyjnego [79, 139]. Indeks dotyczący oceny wartości hodowlanej maciurek i tryczków rasy merynos polski uwzględnia informację dotyczącą plenności życiowej ich matki (ilość jagniąt urodzonych / ilość wykotów) oraz masę ciała osobnika w wieku 56 dni [79, 139, 148]:

$$I = 50 + b_1 \times (PL - 1) + b_2 \times (M_{56} - m_4)$$

gdzie:

- b_1 – współczynnik indeksowy dla plenności życiowej matki,
- b_2 – współczynnik indeksowy dla masy ciała w 56. dniu życia,
- PL – plenność życiowa matki poprawiona na kolejny wykot (w przypadku matek z liczbą wykotów równą 1 lub większą niż 4 wskaźnik plenności zwiększa się o 0,1),

- M_{56} – masa ciała osobnika poprawiona na wiek 56 dni,
 m_4 – średnia masa ciała dla tryczków lub maciorek w wieku 56 dni poprawiona na 2-4 wykot maciorki oraz pojedynczy typ urodzenia.

Współczynniki cech indeksowanych dla rasy merynos polski wynoszą odpowiednio: $b_1 = 28,46$, $b_2 = 2,66$ [148, 171]. Jednocześnie przyjęto obowiązujące do dziś wagi ekonomiczne dla doskonalonych cech: masa ciała – 9 (umowna cena 1 kg żywej masy jagnięcia), plenność życiowa – 270. Dynamika zmian cen żywca baraniego w ostatnich latach może świadczyć o tym, że istnieje pilna potrzeba modyfikacji wykorzystywanych od wielu lat wag ekonomicznych.

„Program Doskonalenia Pogłowia Owiec do roku 2010” wprowadzono w życie 11 lat temu, nie zahamował on jednak spadku pogłowia owiec. W grudniu 2007 roku łączna liczba owiec w Polsce wyniosła 336352 sztuk, czyli była ponad dwukrotnie mniejsza aniżeli w 1995 roku. Na podkreślenie zasługuje fakt, że uległa poprawie struktura rasowa, zwiększył się w pogłowiu szczególnie udział ras plennych i mięsnych [60]. W roku 1995 udział maciorek ras mięsnych wpisanych do ksiąg zwierząt zarodowych wyniósł 7,1%, natomiast w 2007 r. udział maciorek czterech dominujących w strukturze pogłowia ras mięsnych, tj. ile de france, czarnogłówka, suffolk, berrichon du cher kształtował się na poziomie 15,07% [60]. W dalszym ciągu najbardziej liczną rasą owiec w Polsce jest merynos polski, jednak jego udział w strukturze pogłowia zmalał w latach 1995-2007 z 42,7 do 20,99% [60]. Merynos polski reprezentuje obecnie najczęściej typ wełnisto-mięsny. W okresie realizacji „Programu” praktycznie nie uległy zmianie wskaźniki rozrodu w populacji maciorek objętych oceną użytkowości. W roku 1995 wskaźnik płodności matek merynosa polskiego w gospodarce całkowitej wyniósł 92,2%, plenności – 130,6%, odchowu – 94% i użytkowości rozplodowej – 113,2%. Z kolei w 2007 r. powyższe wskaźniki w populacji objętej oceną użytkowości wyniosły odpowiednio: 94,1%, 127,1%, 91,5%, 109,5% [60].

Brak efektów głównych postulatów „Programu” skłania do poszukiwania doskonalszych metod prowadzenia pracy hodowlanej. O wielkości postępu hodowlanego decydują: zmienność genetyczna, intensywność selekcji oraz dokładność oceny wartości hodowlanej. Hodowca w największym stopniu może oddziaływać na postęp hodowlany poprzez modyfikację ostatniego z wymienionych czynników. Pamiętać należy, że stosowany obecnie indeks selekcyjny obliczany jest na podstawie masy ciała zwierzęcia wieku w 56 dni oraz plenności życiowej jego matki. Ocena zwierzęcia w zakresie tak niskoodziedziczalnych cech realizowana jest zatem na podstawie tylko dwóch źródeł informacji.

Dynamiczny rozwój technik komputerowych oraz metod statystycznych, jaki nastąpił w ostatnich dekadach, umożliwił wprowadzenie do praktyki hodowlanej nowoczesnych metod oceny wartości hodowlanej zwierząt gospodarskich [80, 87]. W wielu krajach do oceny wartości hodowlanej owiec zastosowano metodę BLUP-Animal Model [108, 118]. Liczne przykłady wykorzysta-

nia tej metody na całym świecie (w Australii, Bułgarii, na Cyprze, w Danii, Francji, Hiszpanii, Norwegii, Nowej Zelandii, na Węgrzech, w Wielkiej Brytanii, we Włoszech) przedstawiono w pracy Kałuży [66]. Teoretyczne podstawy metody BLUP opracował Henderson [59] już w 1949 roku, jednak dopiero w latach siedemdziesiątych metodę zaczęto wykorzystywać w ocenie wartości hodowlanej [87]. Tak duża różnica czasowa między jej opracowaniem a wdrożeniem wynikała z niewystarczającej mocy ówczesnych maszyn liczących [80]. W latach 80. poprzez włączenie do obliczeń tzw. macierzy spokrewnień między wszystkimi osobnikami możliwe stało się zastąpienie wcześniej stosowanego modelu ojca (Sire Model) metody BLUP modelem zwierzęcia (Animal Model), zwanym również modelem osobniczym [141].

Wyniki analiz wielu autorów [11, 16, 61, 67, 87, 189] wskazują, że metoda BLUP-AM pozwala lepiej rozdzielić wpływ czynników genetycznych i środowiskowych na daną cechę aniżeli dotychczas stosowane metody oceny wartości hodowlanej. Możliwe jest więc oszacowanie efektów stałych i losowych, ujętych w statystycznym modelu klasyfikacyjnym. BLUP-AM stwarza możliwość oceny wartości hodowlanej wszystkich osobników objętych obliczeniami, w tym również tych, które nie były poddane obserwacjom w danym sezonie. Metoda uwzględnia takie zjawiska, jak prowadzoną selekcję i istniejący trend genetyczny. Ocena wykonywana za pomocą tej metody jest dokładniejsza niż przeprowadzona z użyciem pozostałych metod [48, 62, 145]. Jeyaruban i wsp. [62] 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 wyniki symulacji opracowanych w podobny sposób przez Gibsona i Jeyarubana [48] udowodniły, iż selekcja kur w oparciu o tę metodę daje korzystniejsze efekty hodowlane (od 3,1 do 8,3%) niż przy zastosowaniu indeksu selekcyjnego. Robinson i wsp. [145] w badaniach symulacyjnych 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.

Badania Żaka i Różyckiego [194] udowodniły, że korzystny efekt zastosowania metody BLUP-AM najbardziej uwidacznia się w zakresie cech niskoodziedziczalnych. W przypadku cechy o odziedziczalności 0,139 dokładność oceny wartości hodowlanej knurów, opartej o informacje dotyczące maksymalnie dużej liczby krewnych, była o ponad 35% wyższa w porównaniu z oceną opartą wyłącznie o informacje dotyczące potomstwa. W sytuacji, gdy szacunki prowadzono w odniesieniu do cechy o wyższej odziedziczalności ($h^2 = 0,319$), dodatkowe informacje o większej liczbie krewnych nie powodowały już tak wyraźnej różnicy w dokładności oceny (15,9-20,5%). Lewis i Simm [83] w badaniach symulowanych wykazali, że selekcja owiec wykonana za pomocą BLUP może o 1,31 razy zwiększyć postęp hodowlany w porównaniu z selekcją fenotypową. Kałuża [67] na podstawie przeprowadzonych badań wnioskuje, że przewaga metody BLUP-AM nad metodą indeksu selekcyjnego wynosi około 30%.

Istnieją jednak ujemne konsekwencje stosowania oceny BLUP. Jedną z nich jest narastanie pokrewieństwa, a tym samym inbredu i jego negatywnych konsekwencji w populacji, co jest efektem kojarzenia osobników najlepiej wyceńionych, które bywają ze sobą spokrewnione [48, 62, 83]. Lewis i Simm [83] wykazali, że po 15 latach intensywnej selekcji prowadzonej metodą BLUP inbred może wzrosnąć nawet dwukrotnie. Zwiększenie zimbredowania populacji może w konsekwencji powodować pogorszenie płodności i plenności [7, 125]. Pięta [125] na podstawie badań wykonanych w owczarni Uhrusk wykazał, że zimbredowanie maciorek powyżej 9% wyraźnie pogorszyło wartości obu powyższych cech. Annala i wsp. [7] stwierdzili wyraźny niekorzystny wpływ inbredu na cechy wzrostu jagniąt rasy merynos hiszpański, ale tylko nieznaczny na liczbę jagniąt urodzonych.

Praktyka hodowlana dowodzi, że na całym świecie najnowsze metody hodowlane stosowane są przede wszystkim w genetycznym doskonaleniu bydła [80, 195]. Przykładem tej tendencji są modele regresji losowej, które zostały zastosowane do wyznaczenia krzywej laktacji krów, szacowania parametrów genetycznych i oceny wartości hodowlanej [140, 168]. Modele te z czasem wykorzystano do szacowania parametrów genetycznych cech mleczności owiec oraz genetycznej oceny wzrostu jagniąt [15, 98]. W hodowli krajowej metodą BLUP (model ojca) po raz pierwszy zastosowano w 1988 roku do szacowania wartości hodowlanej buhajów pod względem cech mleczności; trzy lata później do praktyki hodowlanej wprowadzono model zwierzęcia [195]. Metodą BLUP-AM od 1998 roku wykorzystuje się w ocenie wartości hodowlanej zarodowego pogłowia trzody chlewnej [149]. Jest natomiast w niewielkim stopniu stosowana do oceny wartości hodowlanej drobiu. Jedną z przyczyn może być fakt, iż drób charakteryzuje się znacznie większą rozrodczością w porównaniu z innymi gatunkami zwierząt [16, 189]. Dzięki temu możliwe jest prowadzenie pracy hodowlanej na bardzo licznych grupach pełnego rodzeństwa utrzymywanych w jednakowych warunkach środowiska. Z tego względu, jak wskazują badania Bednarczyka i wsp. [16], istnieje bardzo wysokie podobieństwo (współczynniki korelacji Spearmana od 0,957 do 0,999) między uszeregowaniem zwierząt przeprowadzonym za pomocą metody BLUP-AM a rezultatami uszeregowania za pomocą indeksu selekcyjnego rodzinnego. Metody BLUP nie wykorzystuje się rutynowo w kraju również w ocenie wartości hodowlanej koni, jednak prawdopodobna przyczyna jest tu odmienna. Populacje koni w Polsce są zbyt małe, przez co występują trudności w oszacowaniu ich parametrów genetycznych [17]. W innych krajach jednak taką ocenę wykonuje się [18]. Badania nad wykorzystaniem metody BLUP w ocenie wartości hodowlanej kóz w zakresie użytkowości mlecznej w Polsce prowadzili Bagnicka i wsp. [10, 12, 13], wykazując, że najbardziej adekwatnym modelem szacowania jest osobniczy, wielocechowy model powtarzalnościowy z założeniem losowości interakcji stado-ojciec oraz stałości interakcji stado-rok-sezon.

Metoda BLUP nie jest wykorzystywana rutynowo w ocenie wartości hodowlanej owiec w Polsce, jednakże w niektórych badaniach podejmowane są

próby jej zastosowania [50, 67, 170, 171, 176]. Rozważania nad możliwościami użycia metody BLUP-AM w ocenie wartości hodowlanej owiec w zakresie cech mleczności podjął już w 1996 roku Chudoba [25], stwierdzając m.in., że może ona znaleźć praktyczne zastosowanie nie tylko w tym zakresie, ale również w odniesieniu do przyrostów masy ciała. Badania z wykorzystaniem metody BLUP z modelem ojca prowadzili Ślósarz i wsp. [176], szeregując tryki syntetycznej linii matecznej 09 pod względem wartości hodowlanej stopnia owulacji. Metodę tę również wykorzystwała Grużewska [50], wykonując ocenę wartości hodowlanej owiec rasy Leine. Podczas oceny uwzględniono następujące cechy: płodność, liczbę potomstwa w miocie, masę i wysadność wełny, masę ciała zwierząt w wieku 2 i 100 dni oraz 5 i 12 miesięcy. Kałuża [67] zastosowała metodę BLUP-AM do oszacowania wartości hodowlanej tryków rasy Leine, pochodzących z jednego stada w zakresie indeksu plenności. Źródłem informacji tego indeksu była plenność życiowa matki, wyznaczona wzorem zaproponowanym przez Turner i Younga [180]. W modelu liniowym Kałuża [67] uwzględniła efekt losowy zwierzęcia oraz stałe efekty typu urodzenia, liczby wykotów oraz roku oceny. Autorka stwierdziła dodatkowo, wysoce istotne korelacje między oszacowaną wartością hodowlaną tryków a badanymi cechami użytkowości reprodukcyjnej i zasugerowała zastosowanie modelu BLUP-AM w ocenie wartości hodowlanej owiec w Polsce. Obiecujące badania nad oceną wartości hodowlanej owiec ras mięsnych za pomocą metody BLUP-AM przeprowadził Szewczyk [170, 171]. W pierwszej z prac [170] udowodnił, iż skuteczność szacowania wartości hodowlanej owiec rasy suffolk za pomocą modelu wielozmiennego (w którym uwzględnione zostały dwie cechy indeksowane) jest bardzo zbliżona ($r_s = 0,999$) do oszacowań uzyskanych za pomocą modelu jednocechowego (oceniana cecha to wartość indeksu selekcyjnego). Szewczyk [171] przedstawił ponadto wyniki oszacowania wartości hodowlanej przedstawicieli 4 ras owiec (czarnogłówka, berrichone du cher, suffolk, ile de france) pod względem indeksu selekcyjnego wyrażonego jako jedna cecha [171]. Również autor niniejszej pracy podjął wstępne badania nad wykorzystaniem metody BLUP-AM w ocenie wartości hodowlanej owiec [138]. Zwierzęta rasy merynos polski oceniano w zakresie masy ciała w wieku 56 dni. Zastosowany przy tym jednocechowy model mieszany uwzględniał losowy efekt zwierzęcia oraz stały efekt: stada \times rok urodzenia zwierzęcia, typu urodzenia oraz płci.

Opóźnienia we wprowadzeniu metody BLUP do praktyki oceny wartości hodowlanej owiec w stosunku do innych gatunków zwierząt gospodarskich spowodowane są wieloma przyczynami. Jedną z nich jest struktura populacji owiec. W porównaniu z buhajami tryki użytkowane są na ogół w jednym stadzie, liczba ich potomstwa jest zazwyczaj mniej liczna, słabsze są także powiązania genetyczne między stadami, stąd też szacunki parametrów obarczone są większym błędem. W konsekwencji, według Łukaszewicza [87], obarczone błędem mogą być również uszeregowania osobników uzyskane za pomocą metody BLUP-AM. Ponadto populacja bydła, dzięki powszechnie stosowanej inseminacji, jest dużo bardziej powiązana ze sobą niż populacja owiec [71]. W krajach, w których do-

skonali się owce za pomocą metody BLUP, często stosuje się inseminację lub też wykorzystuje się do krycia w różnych stadach te same tryki (tzw. *referencing schemes*) [83, 113, 118]. W Polsce nie wykonuje się inseminacji owiec ze względu na brak zainteresowania hodowców tym sposobem zapładniania maciorek, ale również trudności w jej przeprowadzeniu [70]. W porównaniu z dokumentacją dotyczącą bydła mlecznego w hodowli owiec mamy do czynienia z płytszymi rodowodami i bardziej zawodną identyfikacją. Badania Rychlika [150] wskazują, że mogą występować znaczne rozbieżności między zapiskami rodowodowymi a rzeczywistym pochodzeniem zwierząt nawet na poziomie 15,6%.

1.5. CEL PRACY

Z zaprezentowanego przeglądu piśmiennictwa wynika, iż metoda BLUP-Animal Model wykorzystywana jest do szacowania wartości hodowlanej wielu gatunków zwierząt gospodarskich [10, 12, 13, 18, 149, 194, 195]. Służy ona do oceny owiec w wielu krajach na całym świecie [66, 80]. W Polsce również podejmuje się próby jej wykorzystania [50, 56, 79, 138, 170, 171, 176]. Należy stwierdzić, iż wprowadzenie metody BLUP-AM do praktyki hodowlanej w odniesieniu do owiec może korzystnie wpłynąć na poprawę wskaźników reprodukcyjnych oraz dynamiki wzrostu jagniąt. Można zatem oczekiwać, że rezultatem powyższych zmian będzie poprawa opłacalności produkcji. Wydaje się więc jak najbardziej uzasadnione podjęcie próby wykorzystania metody BLUP-AM w ocenie wartości hodowlanej najbardziej licznej w Polsce grupie rasowej – merynosa polskiego.

Przedmiotem prowadzonych badań było poznanie genetycznych oraz środowiskowych uwarunkowań masy ciała oraz cech użytkowości reprodukcyjnej populacji owiec rasy merynos polski, które utrzymywane były w 12 stadach z rejonu Pomorza i Kujaw, w kierunku oceny oraz modyfikacji obowiązujących zasad pracy hodowlanej.

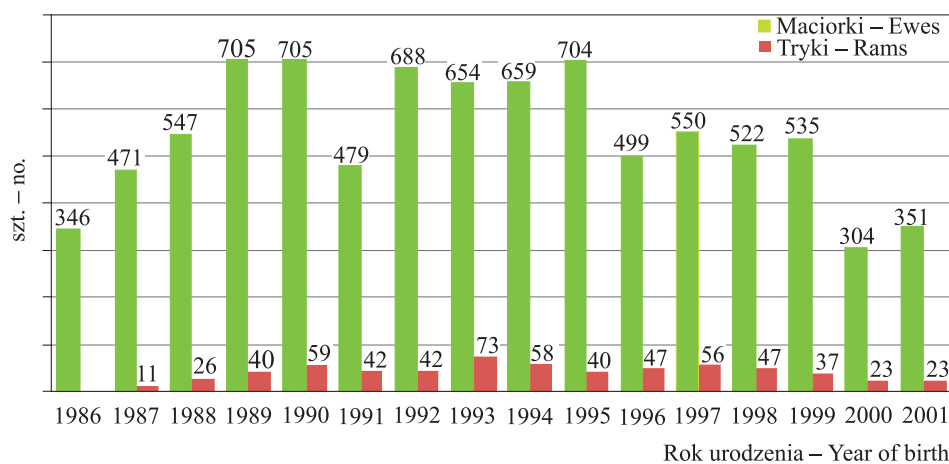
Wśród celów szczegółowych wymienić należy:

- ustalenie najważniejszych czynników odpowiedzialnych za kształtowanie masy ciała, długości użytkowania oraz poziomów cech reprodukcyjnych matek, w tym również masy miotu,
- wskazanie optymalnej metody oraz modelu szacowania parametrów genetycznych cech użytkowych owiec,
- oszacowanie i porównanie wartości hodowlanej owiec uzyskanych za pomocą modeli liniowych i progowych,
- oszacowanie trendów genetycznych cech selekcyjnych w celu oceny zmian wartości genetycznej badanej populacji owiec,
- porównanie efektywności oceny wartości hodowlanej metodą fenotypowego indeksu selekcyjnego i metodą BLUP-AM.

2. MATERIAŁ I METODY BADAŃ

2.1. MATERIAŁ

Badania przeprowadzono na owcach rasy merynos polski, utrzymywanych w 12 stadach produkujących tryki hodowlane, na terenie Pomorza i Kujaw. Dane dotyczące pochodzenia i użytkowości owiec pochodziły z dokumentacji hodowlanej z lat 1986-2004, udostępnionej przez Regionalny Związek Hodowców Owiec i Kóz (RZHOiK) w Bydgoszczy. Zebrano dane o 8719 owcach matkach urodzonych w latach 1986-2001, 624 trykach urodzonych w latach 1987-2001 (rys. 1), a także 39442 jagniętach z roczników 1993-2003.

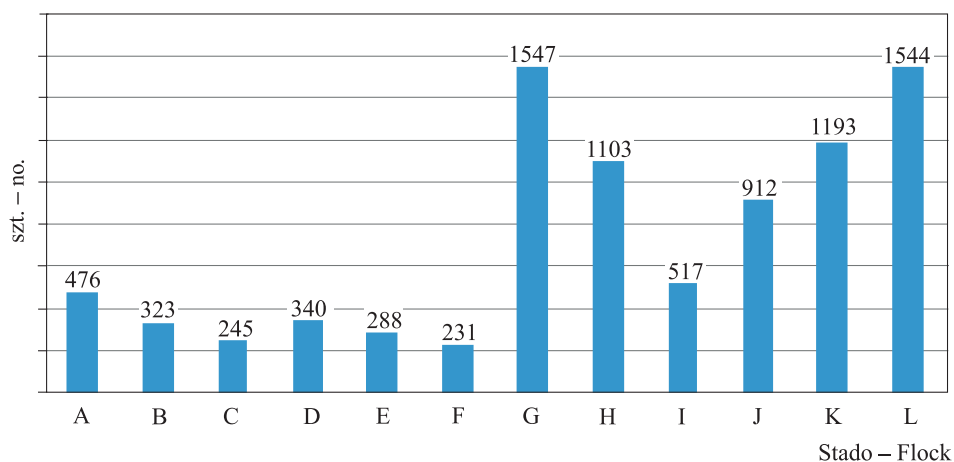


Rys. 1. Populacja maciorek i tryków w zależności od roku urodzenia

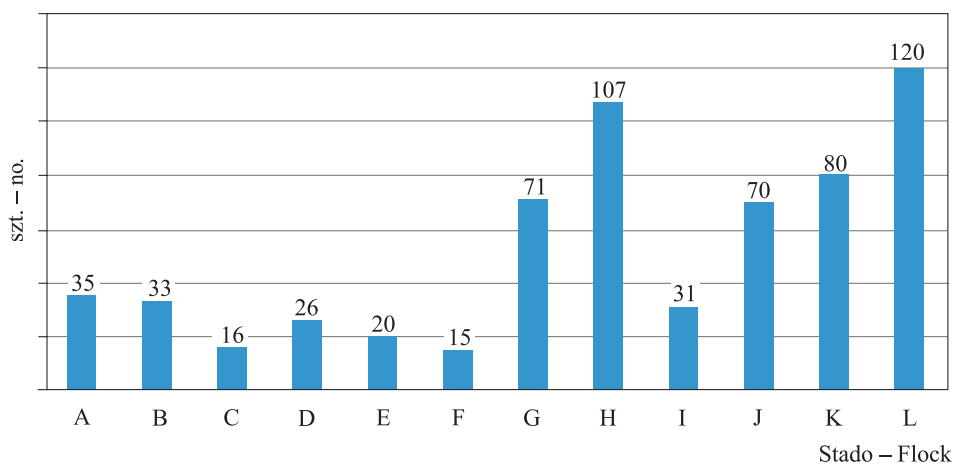
Fig. 1. Population of ewes and rams according to the year of birth

Objęte badaniami stada różniły się pod względem struktury własności; pierwsze sześć: A, B, C, D, E, F należało do właścicieli prywatnych, a reszta do państwowych. W stadach D i J utrzymywano merynosy typu mięsnego, natomiast w pozostałych – typu ogólnoużytkowego. Najbardziej liczny materiał żeński utrzymywano w stadach państwowych oznaczonych literami: G, L, K i H (rys. 2). Najmniej licznymi były prywatne stada: F, C i E – populacja aktywna maciorek – poniżej 300 sztuk. Stada państwowe, poza I, przewyższały prywatne również w zakresie liczby ocenianych tryków (rys. 3).

Liczba ocenianych wykotów zmniejszała się w kolejnych grupach wiekowych matek (tab. 3), a także w kolejnych latach prowadzonych badań (rys. 4).



Rys. 2. Struktura populacji macierek
Fig. 2. Population structure of ewes

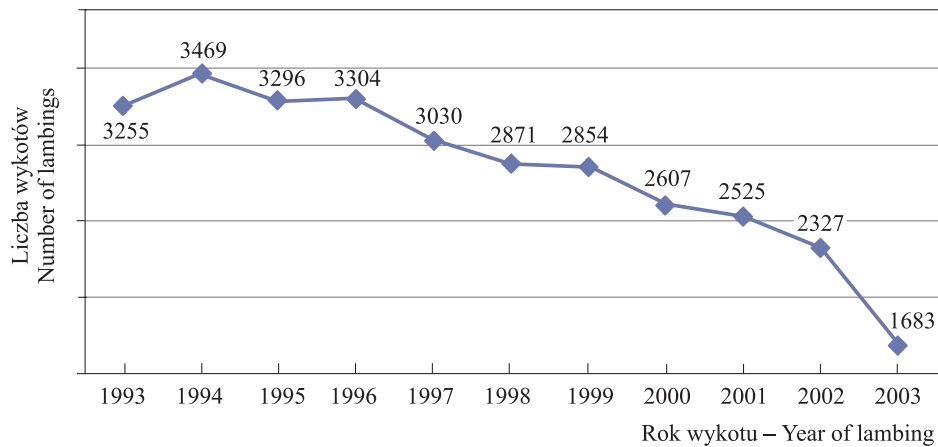


Rys. 3. Struktura populacji tryków
Fig. 3. Population structure of rams

Tabela 3. Liczba i procentowy udział analizowanych wykotów w zależności od wieku matek

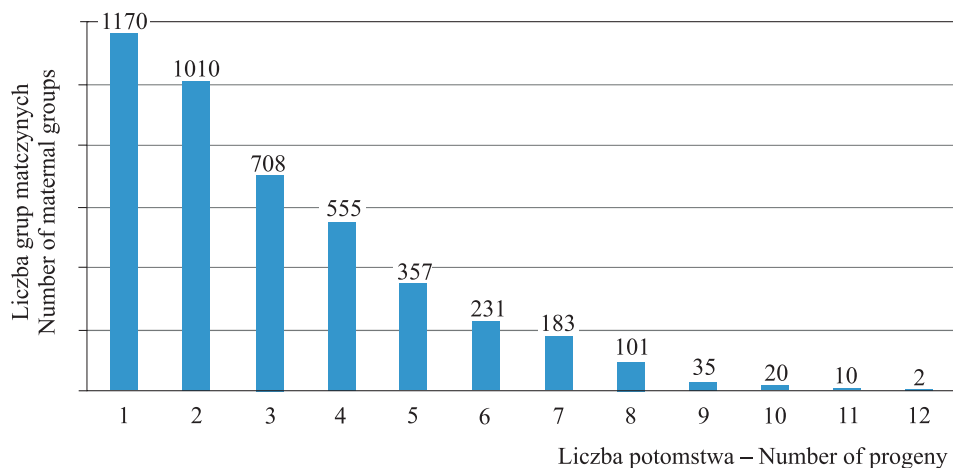
Table 3. Number and share of analyzed lambings according to the age of dams

Miara – Measure	Wiek matek (lata) – Age of dams (years)					
	2	3	4	5	6	≥7
Liczba – Number	5944	5660	5237	4699	4037	5644
%	19,04	18,13	16,77	15,05	12,93	18,08



Rys. 4. Liczba analizowanych wykotów w zależności od roku wykotu
 Fig. 4. Number of analyzed lambings according to the year of lambing

Na rysunku 5 zaprezentowano dane dotyczące liczebności potomstwa w grupach matczynych.



Rys. 5. Rozkład empiryczny liczebności grup matczynych
 Fig. 5. Empirical distribution of size of maternal groups

2.2. METODY

2.2.1. Charakterystyka badanych cech użytkowych

Analizowano następujące cechy związane z indywidualną użytkowością owiec: masę ciała jagniąt w wieku 56 dni (MC56), masę ciała macierek i tryków w wieku 12 miesięcy (MC12), wiek zwierząt przy brakowaniu (WB), płodność (PLOD), liczbę jagniąt urodzonych przez maciorkę wykooną (LJU),

upadki jagniąt (UJ), liczbę jagniąt odchowanych przez maciorę pokrytą (LJO), masę miotu w wieku 56 dni (MIOT56), życiową płodność matki (zPLOD), życiową, przeciętną liczbę jagniąt urodzonych (zLJU), życiowy odchów jagniąt (zOJ), życiową, przeciętną liczbę jagniąt odchowywanych (zLJO), indeks selekcyjny lokalny (I_l), indeks selekcyjny krajowy (I_u) uwzględniający plenność matki i masę ciała jagnięcia w wieku 56 dni, indeks selekcyjny krajowy (I_o) uwzględniający użytkowość rozplodową matki i masę ciała jagnięcia w wieku 56 dni. W tabeli 4 umieszczono dane dotyczące liczby pomiarów, wartości średniej arytmetycznej, odchylenia standardowego, współczynnika zmienności oraz miar asymetrii rozkładu i skupienia (skośności i kurtozy) w zakresie cech indywidualnej użytkowości osobników.

Tabela 4. Charakterystyka opisowa cech użytkowych
Table 4. Descriptive characteristic of performance traits

Cecha Trait	n	\bar{x}	SD	V _x	Skośność Skewness	Kurtoza Kurtosis
MC56	13443	16,686	3,696	22,151	0,045	0,273
MC12 ♂	406	76,536	10,850	14,176	-1,449	6,493
MC12 ♀	4724	52,674	6,818	12,944	0,216	0,335
WB ♂	470	57,917	18,337	31,660	0,164	-0,261
WB ♀	6670	74,950	27,840	37,145	0,058	-0,599
PLOD	31221	93,399	24,830	26,585	-3,496	10,221
LJU	29160	1,353	0,576	42,572	0,069	-0,238
UJ	39442	9,191	27,273	296,736	3,073	7,444
LJO	31221	1,161	0,615	52,972	-0,039	-0,314
MIOT56	10289	21,800	7,663	35,152	0,961	0,621
zPLOD	5945	91,571	21,282	23,241	-2,753	7,404
zLJU	5760	1,303	0,329	25,249	1,046	1,256
zOJ	5760	91,234	19,860	21,768	-3,016	9,488
zLJO	5945	1,089	0,433	39,761	-0,380	0,738
I_l	12846	61,188	11,785	19,260	0,236	0,167
I_u	12846	63,012	12,618	20,025	0,117	0,362
I_o	12846	59,340	13,054	21,999	0,014	0,127

2.2.2. Ogólne założenia analizy eksploratywnej i genetycznej

Analizę eksploratywną cech użytkowości indywidualnej prowadzono za pomocą wieloczynnikowej analizy wariancji metodą najmniejszych kwadratów (A), wielokrotnej regresji logistycznej (RL) oraz analizy przeżycia metodą Kaplana-Meiera (K-M). W tabeli 5, oprócz informacji o rodzaju metody wykorzystanej do szacowania, zamieszczono również dane o czynnikach, które testowano w modelu wstępnym () i które ujęto w modelu ostatecznym ()

Tabela 5. Czynniki stałe testowane w analizie eksploratywnej
Table 5. Fixed factors tested in explorative analysis

Cecha Trait	Czynniki i interakcje – Factors and interactions										Metoda Method
	F	P	T	L	W	TM	TO	R	RW	interakcje* interactions	
MC56	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×W, F×R	A
MC12	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×R	A
WB	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>			<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×R	A/K-M
PLOD	<input checked="" type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	F×W, F×RW	RL
LJU	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	F×W, F×RW	RL
UJ	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	F×W, F×RW	RL
LJO	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	F×W, F×RW	A
MIOT56	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	F×W, F×RW	A
zPLOD	<input checked="" type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×R	A
zLJU	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		F×R	A
zOJ	<input checked="" type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×R	A
zLJO	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×R	A
I _l	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×W, F×R	A
I _u	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×W, F×R	A
I _o	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		F×W, F×R	A

* tylko interakcje istotne statystycznie – significant interactions only

F – stado – flock,

P – płeć – sex,

T – typ urodzenia osobnika – type of individual's birth,

L – liczba wykotów – number of lambings,

W – wiek maciorki – age of ewe,

TM – typ urodzenia matki maciorki – type of ewe's mother birth,

TO – typ urodzenia ojca maciorki – type of ewe's father birth,

R – rok urodzenia – year of birth,

RW – rok wykotu – year of lambing.

Szacunki parametrów genetycznych oraz ocenę wartości hodowlanej zwierząt prowadzono za pomocą modeli osobniczych jedno- i wielocechowych, liniowych (LM) oraz progowych (TM). Uzyskane za pomocą modeli jednocechowych komponenty wariancji posłużyły jako wartości startowe w wykonaniu szacunków z użyciem modeli czterocechowych. Oszacowania z zastosowaniem modeli o różnej liczbie cech umożliwiły porównanie uzyskanych parametrów genetycznych oraz ustalenie podobieństwa uszeregowania wartości hodowlanych zwierząt otrzymanych poprzez ich użycie.

Efekty stałe uwzględnione w modelach zostały wyłonione podczas analizy eksploratywnej (tab. 5). W tabeli 6 przedstawiono dane dotyczące liczby zwierząt z informacją na temat użyteczności, objętych analizą genetyczną, liczby klas stałego efektu stado - rok urodzenia oraz średniej wielkości klasy.

Tabela 6. Liczba zwierząt oraz liczba poziomów F-R, średnia wielkość klasy F-R
 Table 6. Number of animals and levels of F-R, average size of F-R

Cecha Trait	Liczba zwierząt z danymi Number of animals with records	Liczba klas F-R Number of F-R classes	Średnia wielkość klasy F-R Average size of the F-R class
MC56	13443	79	170,16
MC12	4724	123	38,41
WB	6670	174	38,33
LJU	5945	125	47,56
LJO	5760	125	46,08
MIOT56	3201	79	40,52
zLJU	5760	125	46,08
zLJO	5945	125	47,56
I ₁ , I _u , I _o	12846	61	210,59

F-R – stado - rok urodzenia
 flock - year of birth

Udowodniona w przeprowadzonej analizie eksploratywnej istotna w odniesieniu do większości cech użytkowych interakcja stado × wiek matki nie została ujęta w analizach genetycznych ze względu na brak poprawy jakości skonstruowanego modelu. Decyzję o tym podjęto na podstawie kryterium informacyjnego AIC (Akaike Information Criterion) [86, 157], które jest wyznaczane według następującego wzoru:

$$AIC_k = -2\log(ML_k) + 2p_k$$

gdzie:

$\log(ML_k)$ – logarytm funkcji wiarygodności,
 p_k – liczba parametrów w modelu [86].

AIC jest jednym z kryteriów statystycznych służących do selekcji modeli [86]. Najlepszym modelem jest ten, którego wartość AIC jest najniższa. AIC nie odrzuca automatycznie modelu bardziej skomplikowanego na korzyść prostszego, natomiast w łatwy sposób pozwala ocenić wkład, jaki wniesie w wyjaśnienie zjawiska kolejny uwzględniony czynnik. Alternatywnymi kryteriami informacyjnymi pozwalającymi na wybór modelu są m.in. bayesowskie kryterium informacyjne Schwartza (BIC), logarytm funkcji wiarygodności ($\log(L)$) [28, 55, 86, 93, 153, 183] oraz wariancje resztowe [140, 173]. Badania przeprowadzone przez Liu i wsp. [86] dowodzą, że różne kryteria mogą preferować różne modele. Dodatkowym kryterium doboru modelu były wariancje resztowe (błąd) [173].

Informację rodowodową badanej populacji zwierząt uzupełniano w miarę możliwości do 3. pokolenia. Bazę rodowodową stanowiły łącznie 34353 osobniki. Wszystkie jagnięta objęte kontrolą masy ciała w wieku 56 dni posiadały

kompletną informację rodowodową o rodzicach, 78,63% – informację rodowodową na temat dziadków, a 72,05% – pradziadków. Analogiczne wskaźniki w odniesieniu do maciurek, które oceniano w zakresie użytkowości reprodukcyjnej wyniosły odpowiednio: 100, 71,02 i 40,54%. Posługując się procedurą INBREED pakietu SAS [157], obliczono przeciętny inbred w badanej populacji. Wskaźnik uzyskany w odniesieniu do całej badanej populacji był niski – 0,096% (SD = 1,46%), zaś w odniesieniu do 182 zimbredowanych osobników wyniósł 7,80% (SD = 8,54%). W objętych badaniami stadach prowadzi się kontrolę zgodności grup krwi, w latach 2003-2008 procent niezgodności był niski, wynosił tylko 4,5.

Parametry genetyczne cech użytkowych szacowano za pomocą dwóch metod: AI-REML (Average Information REML) oraz próbkowania Gibbsa (GS). W tekście pracy metoda AI-REML występuje pod nazwą „REML”. Program AIREMLF90 [96] został wykorzystany do szacowania parametrów metodą AI-REML według modeli liniowych (cech ciągłych i progowych). Dla wszystkich modeli przyjęto jednakowy współczynnik konwergencji równy 10^{-10} . Błędy oszacowanych (ko)wariancji aproksymowano zgodnie z metodą opisaną przez Klei'a i Tsurutę [72].

Program komputerowy GIBBS1F90 [96] wykorzystano do szacowania parametrów genetycznych według modelu liniowego metodą GS. Do szacowania komponentów (ko)wariancji cech progowych metodą GS wykorzystano program komputerowy THRGIBBS1F90 [179]. Błędy standardowe komponentów (ko)wariancji obliczono jako odchylenia standardowe wartości komponentów pochodzących z kolejnych próbek wykorzystanych do wyznaczenia parametrów. Wyznaczone szacunki (ko)wariancji cech progowych poddano transformacji, tzn. podzielono je przez wartość odpowiadającą wariancji błędów, i te przede wszystkim przedstawiono w tabelach (pozostawiono wariancje błędów oszacowane za pomocą programu THRGIBBS1F90). Powyższe szacunki wykorzystano następnie w ocenie wartości hodowlanej.

Szacując komponenty (ko)wariancji za pomocą metody próbkowania Gibbsa generowano 50 000 próbek, z czego pierwsze 10 000 uznano za tzw. próbki wstępne (*burn in period*). W celu ustalenia liczby próbek odrzucanych wstępnie posłużono się programem komputerowym POSTGIBBS1F90 [179]. Wyniki uzyskane na podstawie sąsiednich próbek są skorelowane (autokorelacja), z tego też względu parametry genetyczne, wyznaczano wykorzystując informacje otrzymane z co 10-tej próbki.

Ocenę wartości hodowlanej (BV) zwierząt pod względem cech użytkowych wykonano za pomocą metody BLUP-AM. W przypadku modeli liniowych wykorzystano program komputerowy BLUPF90 [96], zaś progowych – CBLUP90THR [96]. Jednym z elementów badań było ustalenie zależności między uszeregowaniem zwierząt w zakresie BV otrzymanej za pomocą modeli liniowych oraz progowych, jak również jedno- i wielocechowych. W tym celu zastosowano współczynnik korelacji rangowej Spearmana [157]. Zmiany średnich wartości hodowlanych kolejnych roczników zwierząt przedstawiono na rysunkach: 7, 8, 11, 15, 19, 22, 24, 27, 30, 31. Trendy genetyczne doskonało-

nych cech wyznaczono jako współczynnik regresji liniowej średnich wartości hodowlanych na rok urodzenia zwierząt. Na wykresach zaprezentowano ponadto trendy środowiskowe jako współczynnik regresji liniowej rozwiązań dla stałego efektu roku urodzenia (rysunki: 9, 12, 16, 20, 23, 28, 32).

Obliczenia wykonywano za pomocą komputera z procesorem AMD Athlon 64 X2 Dual Core, 2,6 GHz i pamięcią operacyjną RAM 2 GB 800 MHz. Czas oszacowań trwał od kilku do kilkunastu godzin.

2.2.3. Analiza statystyczna masy ciała w wieku 56 dni i 12 miesięcy

Masę ciała jagniąt w wieku 56 dni rejestrowano w uwzględnionych stadach od 1997 do 2003 roku. Łącznie zgromadzono 13443 pomiary cechy (tab. 4). Masę ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy badano w populacji 406 tryków i 4724 maciorek urodzonych w latach 1991-2001. Nie istniała, niestety, możliwość zachowania ciągłości tego pomiaru we wszystkich rocznikach tryków i maciorek. Braki w dokumentacji hodowlanej dotyczyły rocznika 1998. Metodą wieloczynnikowej analizy wariancji [157] oszacowano wpływ głównych czynników stałych oraz interakcji pierwszego stopnia na masę ciała zwierząt w wieku 56 dni i 12 miesięcy według następującego modelu liniowego (wstępnego):

$$y_{ijkmnopr} = \mu + F_i + P_j + T_k + W_m + TM_n + TO_o + R_p + (F \times P)_{ij} + \dots (TO \times R)_{op} + e_{ijkmnopr} \quad (1)$$

gdzie:

$y_{ijkmnopr}$	–	wartość fenotypowa cechy,
μ	–	średnia ogólna,
F_i	–	efekt stada ($i = 1, \dots, 12$),
P_j	–	efekt płci ($j = 1, 2$),
T_k	–	efekt typu urodzenia osobnika ($k = 1, 2$),
W_m	–	efekt wieku matki ($m = 1, 2, \dots, 6$),
TM_n	–	efekt typu urodzenia matki osobnika ($n = 1, 2$),
TO_o	–	efekt typu urodzenia ojca osobnika ($o = 1, 2$),
R_p	–	stały efekt roku urodzenia ($p = 1, 2, \dots, 7$),
$(F \times P)_{ij}$, $(TO \times R)_{op}$	–	odpowiednie interakcje między poziomami czynników,
$e_{ijkmnopr}$	–	błąd losowy pomiaru.

W ostatecznym modelu wykorzystanym do wyznaczenia średnich najmniejszych kwadratów (LSM) pozostawiono wyłącznie istotne czynniki główne i istotną interakcję $F \times R$ (tab. 5). Ze względu na znaczne różnice masy ciała tryków i maciorek w wieku 12 miesięcy oraz dysproporcje liczebności (tab. 4) wykonano dwie niezależne analizy eksploratywne tej cechy (dla każdej płci osobno). Należy ponadto zauważyć, że w przypadku masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy w porównaniu z masą ciała w wieku 56 dni analizowano inne poziomy efektu stałego „rok urodzenia”, tj. (1, 2, ..., 10) zamiast (1, 2, ..., 7).

Komponenty (ko)wariancji masy ciała jagniąt w wieku 56 dni szacowano za pomocą metody REML oraz GS według następujących modeli liniowych:

Model 1:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr}\boldsymbol{\beta}_{fr} + \mathbf{X}_p\boldsymbol{\beta}_p + \mathbf{X}_t\boldsymbol{\beta}_t + \mathbf{X}_w\boldsymbol{\beta}_w + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad (2)$$

Model 2:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr}\boldsymbol{\beta}_{fr} + \mathbf{X}_p\boldsymbol{\beta}_p + \mathbf{X}_t\boldsymbol{\beta}_t + \mathbf{X}_w\boldsymbol{\beta}_w + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_m\mathbf{m} + \mathbf{e} \quad (3)$$

Model 3:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr}\boldsymbol{\beta}_{fr} + \mathbf{X}_p\boldsymbol{\beta}_p + \mathbf{X}_t\boldsymbol{\beta}_t + \mathbf{X}_w\boldsymbol{\beta}_w + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_m\mathbf{m} + \mathbf{Z}_c\mathbf{c} + \mathbf{e} \quad (4)$$

gdzie:

- \mathbf{y} – $n \times 1$ wektor obserwacji,
- $\boldsymbol{\beta}_{fr}, \boldsymbol{\beta}_p, \boldsymbol{\beta}_t, \boldsymbol{\beta}_w$ – wektory efektów stałych: stado-rok urodzenia ($p_{fr} \times 1$), płeć ($p_p \times 1$), typ urodzenia jagnięcia ($p_t \times 1$), wiek matki ($p_w \times 1$),
- \mathbf{a} – $q \times 1$ wektor losowych bezpośrednich addytywnych genetycznych efektów,
- \mathbf{m} – $q \times 1$ wektor losowych matczynych addytywnych genetycznych efektów,
- \mathbf{c} – $r \times 1$ wektor losowych trwałych efektów środowiska matczynego,
- $\mathbf{X}_{fr}, \mathbf{X}_p, \mathbf{X}_t, \mathbf{X}_w$ – macierze incydencji dla efektów stałych: stado-rok urodzenia ($n \times p_{fr}$), płeć ($n \times p_p$), typ urodzenia jagnięcia ($n \times p_t$), wiek matki ($n \times p_w$),
- \mathbf{Z}_a – $n \times q$ macierz incydencji dla losowych bezpośrednich addytywnych genetycznych efektów,
- \mathbf{Z}_m – $n \times q$ macierz incydencji dla losowych matczynych addytywnych genetycznych efektów,
- \mathbf{Z}_c – $n \times r$ macierz incydencji dla efektów losowych trwałego środowiska matczynego,
- \mathbf{e} – $n \times 1$ 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} – $q \times q$ wymiarowa macierz spokrewnień addytywnych,
- $\mathbf{I}_n, \mathbf{I}_r$ – macierze jednostkowe,
- σ_a^2 – wariancja genetyczna addytywna bezpośrednia,
- σ_m^2 – wariancja genetyczna addytywna matczyzna,
- σ_c^2 – wariancja środowiskowa trwała matczyzna,

- σ_{am} – kowariancja między efektami genetycznym addytywnym bezpośrednim i matczynym,
- σ_e^2 – wariancja błędu,
- σ_p^2 – wariancja fenotypowa ($\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2$).

Wskaźniki odziedziczalności bezpośredniej i matczynej obliczono za pomocą następujących wzorów:

- odziedziczalność bezpośrednia:

$$h_a^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$$

- odziedziczalność matczyzna:

$$m^2 = \sigma_m^2 / \sigma_p^2$$

Obliczono ponadto c^2 , tj. stosunek wariancji środowiska trwałego matki do wariancji fenotypowej: $c^2 = \sigma_c^2 / \sigma_p^2$. Oszacowano również kowariancję między efektami genetycznymi bezpośrednim a matczynym w wariancji fenotypowej: $d_{am} = \sigma_{am} / \sigma_p^2$. Odziedziczalność całkowitą obliczono zgodnie ze wzorem zaproponowanym przez Willhama [190]:

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

W celu porównania modeli 1-3 wykorzystano kryterium informacyjne AIC [157].

Oszacowane komponenty (ko)wariancji stały się podstawą do oszacowania wartości hodowlanej zwierząt za pomocą metody BLUP-AM. Ze względu na fakt, iż w badaniach wykazano przewagę modelu 3 nad 1 i 2, zastosowano go do szacowania wartości hodowlanej.

Komponenty wariancji masy ciała wyłącznie macioerek w wieku 12 miesięcy szacowano za pomocą metod: REML i GS [96], uwzględniając te same efekty losowe jak w przypadku masy ciała jagniąt w wieku 56 dni. Zastosowane kryterium oceny jakości modelu AIC oraz analiza wariancji błędu nie wykazały konieczności wprowadzania do modelu addytywnego efektu matczynego i efektu trwałego środowiska matczynego. Poniżej zaprezentowano ostateczny model szacowania komponentów wariancji i wartości hodowlanej w zakresie masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr} \boldsymbol{\beta}_{fr} + \mathbf{X}_t \boldsymbol{\beta}_t + \mathbf{Z}_a \mathbf{a} + \mathbf{e} \quad (5)$$

Oznaczenia jak w modelach (2-4).

2.2.4. Analiza statystyczna wieku zwierząt przy brakowaniu

Ocenę wieku macierek przy brakowaniu (WB) wykonano w dwóch etapach. W pierwszym z nich uwzględniono wyłącznie zwierzęta wybrakowane (6670 owiec urodzonych w latach 1986-2001). Ze względu na niewielką liczebność wybrakowanych tryków (470) nie włączono tej grupy do wspólnej analizy statystycznej razem z maciorkami. Na zgromadzonym materiale liczbowym przeprowadzono ocenę rozkładu za pomocą testu Kołmogorowa-Smirnova [157], który nie dał podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej, zakładającej zgodność rozkładu empirycznego z normalnym. Metodą wieloczynnikowej analizy wariancji [157] oszacowano wpływ głównych czynników stałych oraz ich interakcji na wiek macierek przy brakowaniu (tab. 5). Zastosowano podobny wstępny model liniowy jak w przypadku masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy, z wyjątkiem liczby poziomów czynnika „rok urodzenia”, która w przypadku wieku przy brakowaniu wyniosła 16.

W drugim etapie opracowania statystycznego wieku zwierząt przy brakowaniu zastosowano jedną z technik analizy przeżycia (*survival analysis*), tj. metodę limitu iloczynowego Kaplana i Meiera (K-M) [97, 165]. Materiał stanowiło 8719 macierek, które zostały wybrakowane lub nie ukończyły produkcji przed końcem okresu zbierania danych, tj. 30.06.2003 r. Informacje o wieku macierek w dalszym ciągu użytkowanych, bądź też sprzedanych do hodowli na zewnątrz badanej populacji określa się jako tzw. obserwacje obcięte, ponieważ nie jest znany dokładny wiek ich brakowania. Metoda K-M pozwoliła oszacować funkcję przeżycia $S(t)$ bezpośrednio z ciągłych czasów przeżycia (długości użytkowania), tj. wyznaczyć prawdopodobieństwo, iż maciorka nie zostanie wybrakowana wcześniej niż przed podanym czasem t (czyli będzie użytkowana do podanego czasu t). Wyznaczone krzywe przeżycia w badanych stadach porównano za pomocą statystyki Wilcozona i log rank [157]. Dzięki temu było możliwe statystyczne potwierdzenie różnic między stadami w zakresie długości użytkowania zwierząt.

Analizę genetyczną wieku zwierząt przy brakowaniu przeprowadzono w sposób identyczny jak w przypadku ich masy ciała w wieku 12 miesięcy (5). Należy jednak zaznaczyć, że oszacowania były wykonane wyłącznie na fenotypowych wartościach masy ciała macierek, co wynikało z małej liczby pomiarów dotyczących tryków.

2.2.5. Wskaźniki reprodukcji w badanych stadach

Ocenę użytkowości matek przeprowadzono na podstawie danych liczbowych dotyczących 8719 matek urodzonych w latach 1986-2001, rozpatrując łącznie 31 221 ich sezonów reprodukcyjnych. W celu scharakteryzowania poziomu reprodukcji w badanych stadach obliczono wskaźniki (%) proponowane przez Polski Związek Owczarski [60]:

– płodność = (wszystkie matki wykocone / wszystkie matki pokryte) \times 100,

- plenność = (wszystkie jagnięta urodzone / wszystkie matki wykocone) \times 100,
- odchów jagniąt = (wszystkie jagnięta odchowane / wszystkie jagnięta urodzone) \times 100,
- użytkowość rozplodowa = (wszystkie jagnięta odchowane / wszystkie matki pokryte) \times 100.

2.2.6. Analiza użytkowości reprodukcyjnej maciorek w kolejnych wykotach

W obliczeniach statystycznych uwzględniono 31221 wykotów. Ze względu na niewielki udział wykotów trojacznych (0,56%), maciorki które urodziły 2 lub 3 jagnięta połączono w jedną grupę. Otrzymano w ten sposób zmienną binominalną. Identyfikacyjnie postępowano również we wcześniejszych badaniach [137]. Płodność matki z natury jest cechą binominalną.

Indywidualną ocenę użytkowości matek prowadzono w oparciu o następujące cechy: płodność (PŁOD) (0, 1), liczbę jagniąt urodzonych (LJU) (1, 2, 3) oraz liczbę jagniąt odsadzonych od matki pokrytej (LJO) (0, 1, 2, 3). Analizowano również upadki jagniąt (UJ) w okresie odchowu, traktując tę cechę jako cechę jagnięcia, a nie matki. Dzięki temu możliwe było zbadanie wpływu płci oraz typu urodzenia jagnięcia na jego przeżycie do wieku 100 dni. Wartość omawianej cechy zakodowano za pomocą liczb: 0 (padnięcie w okresie odchowu) i 1 (przeżycie co najmniej do wieku 100 dni).

Analizując zmienność wskaźników rozrodu traktowanych jako cecha matki, uzależniano ją od następujących czynników: stada (1, ..., 12), roku wykotu (1991, ..., 2003), wieku maciorki (2, ..., \geq 7 lat), typu urodzenia maciorki (1, 2) oraz typu urodzenia jej rodziców (1, 2) (tab. 5). W przypadku analizy upadków jagniąt uwzględniono dodatkowo płeć (tryczek, jarka) oraz typ urodzenia jagnięcia (pojedynczy, mnogi).

Statystyczną ocenę wpływu powyższych czynników na cechy rozrodu przeprowadzono dwiema metodami statystycznymi: wielokrotnej regresji logistycznej oraz wieloczynnikowej analizy wariancji. Opracowanie statystyczne cech binominalnych za pomocą analizy wariancji lub klasycznej regresji wielokrotnej jest niemożliwe, z tego też względu zdecydowano się na zastosowanie metody regresji logistycznej [157], często wykorzystywanej w badaniach medycznych i weterynaryjnych [20, 44, 107, 132, 137]. Stosuje się ją głównie wtedy, gdy występują cechy binominalne, a ich zmienność zależy od wielu czynników ilościowych i jakościowych. Cechą taką może być np. fakt przeżycia zwierzęcia do okresu odsadzenia lub jego zgonu w tym czasie czy też fakt płodności matki lub jej bezpłodności [165]. Autor niniejszej pracy wykorzystał wcześniej metodę regresji logistycznej do badania upadków jagniąt, płodności i plenności maciorek w kolejnych wykotach, jak również przy ocenie wpływu obecności zwierząt na występowanie alergii atopowych u ludzi [44, 132, 137].

W celu przystosowania zbioru danych dotyczących LJU do opracowania statystycznego za pomocą metody regresji logistycznej zakodowano wartości cechy: 0 – urodzenia pojedyncze, 1 – urodzenia mnogie (2, 3). W ramach wyko-

nywanej analizie, wykorzystując regresję logistyczną, wyselekcjonowano zmienne wymienione w tabeli 5, statystycznie istotnie związane z omawianymi cechami rozrodu, posługując się krokową metodą typu *forward* [157]. Ocenę istotności parametrów, tj. wyselekcjonowanych zmiennych przeprowadzono za pomocą statystyki Walda, zaś ocenę dobroci modelu wykonano z wykorzystaniem statystyki „c” (powierzchnia pola pod krzywą ROC) [157]. Dla zmiennych statystycznie związanych z powyższymi cechami obliczono tzw. ilorazy szans (OR), które pozwalają wnioskować, ile razy prawdopodobieństwo zdarzenia (np. płodności matki) w jednej grupie jest większe niż w grupie uznanej za referencyjną [157, 164]. Wyznaczono ponadto 95% przedziały ufności ilorazów szans, które informują, w jakich granicach liczbowych z prawdopodobieństwem 95% znajdować się może iloraz szans w populacji generalnej. W przypadku gdy przedział ten zawiera liczbę „1” prawdopodobieństwo płodności we wskazanej grupie może być większe, ale też mniejsze niż w grupie referencyjnej. Analizę statystyczną przeprowadzono za pomocą pakietu komputerowego SAS, wykorzystując procedurę LOGISTIC [157].

LJO przyjmowała 4 różne wartości (0, 1, 2, 3) i podobnie jak wcześniej opisane 3 cechy nie charakteryzowała się rozkładem zgodnym z normalnym (tab. 4). LJO poddano analizie eksploratywnej za pomocą analizy wariancji, wcześniej dokonano jednak probitowej transformacji cechy [196], podobnie jak to uczyniono we wcześniejszych badaniach [131]. Wieloczynnikową analizę wariancji przeprowadzono przy użyciu procedury GLM [157] według następującego modelu (wstępnego):

$$y_{ikmnoqr} = \mu + F_i + T_k + W_m + TM_n + TO_o + RW_q + (F \times T)_{ik} + \dots + (TO \times RW)_{oq} + e_{ikmnoqr} \quad (6)$$

gdzie:

RW_q – efekt roku wykotu ($q = 1, \dots, 11$),
pozostałe oznaczenia jak w modelach (1-5).

W ostatecznym modelu wykorzystanym do wyznaczenia średnich najmniejszych kwadratów (LSM) pozostawiono te czynniki główne i te interakcje pierwszego stopnia, które istotnie odpowiadały za zmienność LJO (tab. 5).

Oszacowania komponentów (ko)wariancji w zakresie LJU i LJO dokonano na maciorkach urodzonych w latach 1991-2001. Pierwszy sezon reprodukcyjny maciorek wystąpił w 1993 r. Redukcja ilościowa zbioru danych (8719 => 5945) w porównaniu z analizą eksploratywną była spowodowana potrzebą przystosowania danych liczbowych do szacowania komponentów wariancji, a w dalszej kolejności odziedziczalności i powtarzalności. Estymatory komponentów wariancji i ich błędy szacowano za pomocą dwóch metod: REML oraz GS, posługując się modelami jednocechowymi, liniowymi, jak i progowymi. Wykorzystanie dwóch metod i dwóch różnych modeli miało charakter porównawczy. W zakresie LJU zastosowano następujący model liniowy:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr}\boldsymbol{\beta}_{fr} + \mathbf{X}_t\boldsymbol{\beta}_t + \mathbf{X}_{tm}\boldsymbol{\beta}_{tm} + \mathbf{X}_w\boldsymbol{\beta}_w + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_{pe}\mathbf{pe} + \mathbf{e} \quad (7)$$

gdzie:

$\boldsymbol{\beta}_t, \boldsymbol{\beta}_{tm}$ – wektory efektów stałych: typ urodzenia maciorki ($p_t \times 1$), typ urodzenia matki maciorki ($p_{tm} \times 1$),

\mathbf{pe} – $q \times 1$ wektor losowych stałych wpływów środowiska,

$\mathbf{X}_t, \mathbf{X}_{tm}$ – macierze incydencji dla efektów stałych: typ urodzenia maciorki ($n \times p_t$), typ urodzenia matki maciorki ($n \times p_{tm}$),

\mathbf{Z}_{pe} – $n \times q$ macierz incydencji dla losowych stałych wpływów środowiska,

pozostałe oznaczenia jak w modelach (2-4).

Przyjęto poniższe założenia dotyczące wariancji efektów losowych modelu:

$$\text{var}(\mathbf{a}) = \mathbf{A} \sigma_a^2, \text{var}(\mathbf{pe}) = \mathbf{I}_n \sigma_{pe}^2, \text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I}_n \sigma_e^2,$$

gdzie:

σ_{pe}^2 – wariancja losowych stałych wpływów środowiska,

σ_p^2 – wariancja fenotypowa ($\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2$),

pozostałe oznaczenia jak w modelach (2-4).

Wskaźniki odziedziczalności i powtarzalności zostały obliczone za pomocą następujących wzorów:

– odziedziczalność bezpośrednia:

$$h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$$

– powtarzalność:

$$r^2 = (\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2) / \sigma_p^2$$

Szacując komponenty wariancji modelem progowym, uwzględniono te same efekty losowe i stałe jak w modelu liniowym. W celach porównawczych odziedziczalność LJU i LJO oszacowaną metodą REML na danych „surowych” (h^2) przeliczono na skalę ciągłą (h_x^2) zgodnie ze wzorami zaproponowanymi przez Żuka [196]. Podobny sposób przekształcenia zastosowano w pracach Gruzewskiej [50], Pięty [125] i Piwczyńskiego [130].

Łącznie analizowano masę miotu w wieku 56 dni w 10289 wykotach macierek urodzonych w latach 1986-2001 i użytkowanych w latach 1997-2001. Analizę eksploratywną cechy wykonano za pomocą wieloczynnikowej analizy wariancji według modelu identycznego, jak w odniesieniu do LJO (6).

Szacunki parametrów genetycznych masy miotu oraz ocenę wartości hodowlanej wykonano na zbiorze zredukowanym do zwierząt urodzonych w latach 1995-2001. Dzięki temu wszystkie badane maciorki (3201) miały zarejestrowany pierwszy sezon reprodukcyjny. Komponenty wariancji szacowano metodami REML i GS według modelu liniowego identycznego jak w przypadku liczby jagniąt urodzonych (7).

2.2.7. Analiza genetyczna plenności i masy miotu za pomocą modeli dwucechowych

Wcześniejsze analizy statystyczne wykonane za pomocą modeli jednocechowych pozwoliły na oszacowanie komponentów wariancji liczby jagniąt urodzonych w miocie, jak również masy miotu. Nie było jednak możliwe bezpośrednio oszacowanie korelacji między powyższymi cechami, z tego względu kolejnych szacunków dokonano przy użyciu modeli dwucechowych. W statystycznej analizie uwzględniono maciorki urodzone po 1994 roku. Efekty składające się na ten model klasyfikacyjny były identyczne jak w przypadku stosowanych wcześniej modeli jednocechowych. Oszacowania przeprowadzono za pomocą dwóch modeli: liniowo-liniowego i progowo-liniowego. W pierwszym przypadku wykorzystano program AIREMLF90 [96], w drugim – program THRGIBBS1F90 [179]. W celu umożliwienia porównania szacunków komponenty wariancji liczby jagniąt urodzonych oszacowano za pomocą jednocechowego modelu progowego, zaś komponenty masy miotu – wykorzystując jednocechowy model liniowy (wzięto pod uwagę maciorki urodzone po 1994 roku). Wskaźniki korelacji genetycznej oraz fenotypowej obliczono za pomocą następujących wzorów:

$$r_g = \frac{\text{cov}_g}{\sqrt{\sigma_{a_1}^2 \sigma_{a_2}^2}} \quad (\text{genetyczna})$$

$$r_p = \frac{\text{cov}_g + \text{cov}_e}{\sqrt{(\sigma_{a_1}^2 + \sigma_{e_1}^2)(\sigma_{a_2}^2 + \sigma_{e_2}^2)}} \quad (\text{fenotypowa})$$

gdzie:

- cov_g – kowariancja genetyczna,
- cov_e – kowariancja błędu,
- σ_a^2 – wariancja genetyczna addytywna bezpośrednia,
- σ_e^2 – wariancja błędu.

Wartość hodowlaną zwierząt szacowano za pomocą modelu liniowo-liniowego programem BLUPF90 i progowo-liniowego – programem CBLUP90THR [96].

2.2.8. Analiza statystyczna wskaźników użytkowości życiowej

Jednym z elementów badań była ocena życiowej użytkowości reprodukcyjnej maciorek. Analizowano wskaźniki reprodukcji 5945 maciorek urodzonych w latach 1991-2001. Ich zdolność reprodukcyjną kontrolowano obliczając następujące wskaźniki rozrodu na podstawie wszystkich dostępnych sezonów reprodukcyjnych maciorki:

- zPŁOD (płodność, %) = (liczba wykotów zakończonych urodzeniem jagniąt / liczba sezonów, w których uczestniczyła maciorka) × 100,
- zLJU (przeciętna liczba jagniąt urodzonych w miocie) = liczba wszystkich jagniąt urodzonych / liczba odbytych wykotów,
- zLJO (przeciętna liczba jagniąt odchowanych przez matkę pokrytą) = liczba wszystkich jagniąt odchowanych / liczba sezonów, w których uczestniczyła maciorka,
- zOJ (odchów jagniąt, %) = (wszystkie jagnięta odchowane / wszystkie jagnięta urodzone) × 100.

Wpływ stada, roku i typu urodzenia maciorki, typu urodzenia rodziców maciorki oraz liczby analizowanych wykotów na cechy życiowej użyteczności reprodukcyjnej badano metodą wieloczynnikowej analizy wariancji (tab. 5). Ze względu na fakt, iż wiele maciorek (16,59%) oceniano tylko na podstawie jednego sezonu rozplodowego, wprowadzono dodatkowy czynnik, tj. podział na przystępki i wieloródki. Działanie to miało spowodować wyeliminowanie wpływu zróżnicowanej ilości informacji, które posłużyły do obliczenia wskaźników rozrodu za cały okres użytkowania. Obliczenia wykonywano za pomocą procedury GLM [157] według następującego modelu (wstępnego):

$$y_{iklnopr} = \mu + F_i + T_k + L_l + TM_n + TO_o + R_p + (F \times T)_{ik} + \dots (TO \times R)_{op} + \epsilon_{iklnopr} \quad (8)$$

gdzie:

L_l – efekt liczby wykotów ($l = 1, 2$),
pozostałe objaśnienia jak we wcześniejszych modelach (1-6).

W ostatecznym modelu analizy wariancji pozostawiono czynniki główne i interakcje wyszczególnione w tabeli 5.

Parametry genetyczne szacowano w zakresie życiowej liczby jagniąt urodzonych i odchowanych. Szacunki komponentów wariancji uzyskano za pomocą dwóch niezależnych metod: REML oraz GS. W jednym i drugim przypadku posługiwano się następującymi modelami liniowymi:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_{fr}\boldsymbol{\beta}_{fr} + \mathbf{X}_t\boldsymbol{\beta}_t + \mathbf{X}_{tm}\boldsymbol{\beta}_{tm} + \mathbf{X}_l\boldsymbol{\beta}_l + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad (9)$$

gdzie:

$\boldsymbol{\beta}_l$ – wektor stałego efektu liczby wykotów ($p_l \times 1$),
 \mathbf{X}_l – macierz incydencji dla stałego efektu liczby wykotów ($n \times p_l$), pozostałe objaśnienia jak we wcześniejszych modelach (2-3).

Oszacowania prowadzono początkowo przy użyciu modeli jednocechowych, a następnie czterocechowych. Wariancję fenotypową (σ_p^2) obliczono jako sumę wariancji genetycznej addytywnej i wariancji błędów losowych: $\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$.

2.2.9. Modele czterocechowe

Wcześniej zastosowane metody statystyczne pozwoliły wskazać czynniki główne i interakcje istotnie wpływające na masę ciała maciurek w wieku 12 miesięcy, wiek zwierząt przy brakowaniu, przeciętną liczbę jagniąt w miocie urodzonych przez matkę wykoconą oraz przeciętną liczbę jagniąt odsadzonych w sezonie produkcyjnym przez matkę pokrytą. Informacje te wykorzystano przy szacowaniu komponentów (ko)wariancji powyższych cech oraz przy ocenie wartości hodowlanej zwierząt przy użyciu modeli jednocechowych. Dążąc do poznania zależności genetycznych i fenotypowych między cechami, oszacowano komponenty (ko)wariancji wyżej wymienionych cech za pomocą modelu czterocechowego, przy wykorzystaniu dwóch niezależnych metod: REML oraz GS. Ze względu na różne efekty stałe wpływające na cechy wyłonione w trakcie analizy eksploratywnej zastosowano odmienne modele liniowe dla masy ciała, wieku zwierząt przy brakowaniu oraz wskaźników rozrodu. W przypadku pierwszych dwóch cech komponenty (ko)wariancji szacowano modelem (5), zaś w przypadku cech rozrodu – modelem (7). Oszacowania pochodzące z modeli czterocechowych umieszczono w tabeli 23, razem z odpowiednimi oszacowaniami z modeli jednocechowych.

2.2.10. Analiza statystyczna indeksów selekcyjnych

Dla każdego jagnięcia wyznaczano łączną wartość hodowlaną doskonałych cech, tj. plenności życiowej matki oraz masy ciała jagnięcia w wieku 56 dni. W tym celu wykorzystano aktualnie obowiązujący w stadach matczyńskich indeks selekcyjny [148, 171]. Indeks stada (lokalny – I_l) obliczano, biorąc pod uwagę średnie wartości masy ciała jagnięcia w wieku 56 dni indywidualnie dla każdego stada. Obliczono ponadto 2 indeksy krajowe (I_u , I_o), będące modyfikacją indeksu I_l . W pierwszym przypadku (I_u) modyfikacja polegała na tym, iż w miejsce przeciętnej masy ciała dla konkretnego stada wprowadzono przeciętną masę ciała całej populacji tryczków i maciurek. W kolejnym obliczonym indeksie krajowym (I_o) – oprócz wprowadzenia średniej (MC56) dla całej populacji zamiast plenności życiowej matek uwzględniano przeciętną liczbę jagniąt odchowanych (indywidualną użytkowość rozplodową). Łącznie badano 12846 wartości indeksów. Analizę eksploratywną indeksu selekcyjnego wykonano na podstawie analizy wariancji (tab. 5). Wstępny model analizy wariancji był identyczny jak w przypadku masy ciała jagnięcia w wieku 56 dni (1).

Szacunki komponentów wariancji indeksów selekcyjnych uzyskano za pomocą modelu liniowego z wykorzystaniem metod: REML i GS [96]. Wykorzystano przy tym model podobny (model 3) jak w przypadku masy ciała jagniąt w wieku 56 dni, z tym, że uwzględniono w nim dodatkowo stały wpływ typu urodzenia matki jagnięcia.

Obliczone dla badanej populacji zwierząt różne indeksy selekcyjne (I_l , I_u , I_o) skorelowano ze sobą oraz z przeciętną życiową liczbą jagniąt urodzonych i odchowanych przez ich matki, jak również z własną masą ciała w wieku 56 dni.

Obliczono także współczynniki korelacji rang między wyżej wymienionymi indeksami (I_1 , I_u , I_o) a oszacowaną na ich podstawie wartością hodowlaną (BV). W kolejnym etapie postępowania statystycznego skorelowano (korelacja rang) wartość hodowlaną zwierząt w zakresie masy miotu z masą ciała jagniąt w wieku 56 dni i życiowymi wskaźnikami rozrodu matek oraz indeksami fenotypowymi i oszacowaną na ich podstawie metodą BLUP wartością hodowlaną. Zależność między uszeregowaniem zwierząt obliczono osobno dla każdej płci oraz łącznie dla całej populacji.

W pracy obliczono średnią liczbę krytych samic oraz długość użytkowania tryków urodzonych po 1996 roku. Powyższe wskaźniki użytkowości rozplodowej tryków skorelowano z obliczonymi indeksami selekcyjnymi i oszacowaną na ich podstawie wartością hodowlaną.

Jednym z elementów badań było wyznaczenie nowych współczynników regresji indeksu selekcyjnego (b_1 i b_2) [171]. Przy ich wyznaczaniu wykorzystano oszacowane parametry genetyczne oraz aktualnie stosowane wagi ekonomiczne (plenność życiowa matki – 270, masa ciała osobnika w wieku 56 dni – 9). Działanie to miało na celu sprawdzenie, jak dalece wykorzystywane obecnie współczynniki cząstkowe indeksu selekcyjnego odbiegają od współczynników wyznaczonych na podstawie zaktualizowanej informacji o zmienności genetycznej i fenotypowej doskonałych cech.

2.2.11. Porównanie oczekiwanego postępu hodowlanego w zależności od różnych kryteriów selekcyjnych

W stadach matecznych fenotypowy indeks selekcyjny wyznaczający łączną wartość hodowlaną uwzględnia dwie cechy: plenność życiową matki ocenianego osobnika oraz masę jego ciała w wieku 56 dni. W badaniach obliczano 3 indeksy fenotypowe oraz oszacowaną na ich podstawie wartość hodowlaną metodą BLUP. Obliczano również łączną wartość hodowlaną zwierząt (HT) jako sumę iloczynów wartości hodowlanych poszczególnych cech i odpowiadających im wag ekonomicznych (v_i). Wartości hodowlane pojedynczych cech były wcześniej standaryzowane i zostały wyrażone w jednostkach odchylenia standardowego [42]. Należy dodać, że wartość hodowlana w zakresie plenności (liczby jagniąt urodzonych) została wcześniej oszacowana za pomocą jednocechowego modelu progowego, zaś masa ciała jagniąt w wieku 56 dni – za pomocą jednocechowego modelu liniowego. W celu obliczenia łącznej wartości hodowlanej BLUP (HT) każdego osobnika skorzystano z następującego wzoru [42]:

$$HT = \sum v_i \times a_i / \sigma_i$$

gdzie:

- a_i – wartość hodowlana zwierzęcia dla i -tej cechy,
- σ_i – odchylenie standardowe wartości hodowlanej zwierzęcia dla i -tej cechy.

Łączną wartość hodowlaną (HT) obliczano w różnych wariantach, tj. uwzględniając zróżnicowane wartości ekonomiczne cech. Prowadzone postępowanie miało charakter symulacyjny, z tego też względu stosowano skrajnie różne wagi ekonomiczne, począwszy od wagi 10 dla plenności i 1 dla masy ciała, aż do odwrotnej relacji – 1:10. Przy obliczaniu kolejnego indeksu BLUP dokonywano zmiany wartości wagi ekonomicznej o jednostkę. Utworzono w ten sposób 19 różnych indeksów BLUP, które stały się kryterium do prowadzenia selekcji symulowanej. Oprócz wspomnianych indeksów fenotypowych oraz indeksów BLUP jako jedno z kryteriów wzięto pod uwagę wartość hodowlaną w zakresie masy miotu w wieku 56 dni.

Prowadzenie selekcji pokolenia rodzicielskiego niesie konsekwencje w postaci zmiany wartości genetycznej pokolenia potomnego. Założono, że do stada selekcyjnego będzie wybierane 50% maciorek oraz 5% tryków z rocznika 2003.

Oczekiwany postęp hodowlany (ΔH) obliczono jako średnią arytmetyczną wartości hodowlanych wybranych samców (A_o) i samic (A_m), pomniejszoną o wartość hodowlaną populacji rodzicielskiej (H_0):

$$\Delta H = \left(\frac{A_o + A_m}{2} \right) - H_0$$

Oczekiwany postęp hodowlany oceniano w zakresie następujących cech: masy ciała jagniąt w wieku 56 dni i 12 miesięcy, wieku zwierząt przy brakowaniu, liczby jagniąt urodzonych i odchowanych oraz masy miotu. Otrzymane wartości indeksów BLUP (HT), obliczone przy różnych wagach ekonomicznych, skorelowano (r_s) z indeksami fenotypowymi (I_i , I_u , I_o) oraz wartością hodowlaną zwierząt, wyznaczoną na ich podstawie ($BV I_i$, $BV I_u$, $BV I_o$) oraz wartością hodowlaną w zakresie masy miotu.

2.2.12. Standaryzacja wartości hodowlanych

Dążąc do otrzymania czytelnego zestawienia wybranej grupy tryków, zawierającego informację o wartości hodowlanej w zakresie wybranych cech użytkowych, dokonano standaryzacji oszacowanych metodą BLUP wartości hodowlanych. Potrzeba standaryzacji wynika z faktu, iż oceny wartości hodowlanych dokonane metodą BLUP w zakresie różnych cech skutkują otrzymaniem wartości hodowlanych różniących się rzędem wielkości.

Zabieg standaryzacji wykonano w sposób analogiczny, jak w badaniach Bagnickiej i wsp. [14]. Zwierzęta uszeregowano według oszacowanej metodą BLUP wartości hodowlanej w zakresie masy ciała w wieku 56 dni. Obliczono odchylenia standardowe oraz średnie arytmetyczne w odniesieniu do wartości hodowlanych poszczególnych cech. Następnie, dla każdej cechy oddzielnie, obliczono przewagę poszczególnych osobników nad średnią dla całej badanej populacji. W konsekwencji otrzymano wartości, których średnia w odniesieniu do poszczególnych cech wynosiła 0, natomiast odchylenie standardowe nie zmieniło

swojej wartości. Poszczególne wartości hodowlane podzielono przez odchylenia standardowe badanych cech. Dzięki temu otrzymano przewagi osobników nad przeciętną w populacji, wyrażone w jednostkach odchylenia standardowego. W celu łatwiejszej interpretacji uzyskanych oszacowań dokonano kolejnej standaryzacji, przemnażając poszczególne wartości hodowlane przez 20, a następnie zwiększono wartość powstałego iloczynu o 100. Skutkiem tych działań było uzyskanie ciągu wartości hodowlanych o średniej 100 i odchyleniu równym 20. Wartość powyżej 100 świadczy o tym, że wartość hodowlana danego osobnika jest lepsza niż przeciętna całej populacji tryków.

3. WYNIKI I ICH OMÓWIENIE

3.1. MASA CIAŁA JAGNIĄT W WIEKU 56 DNI

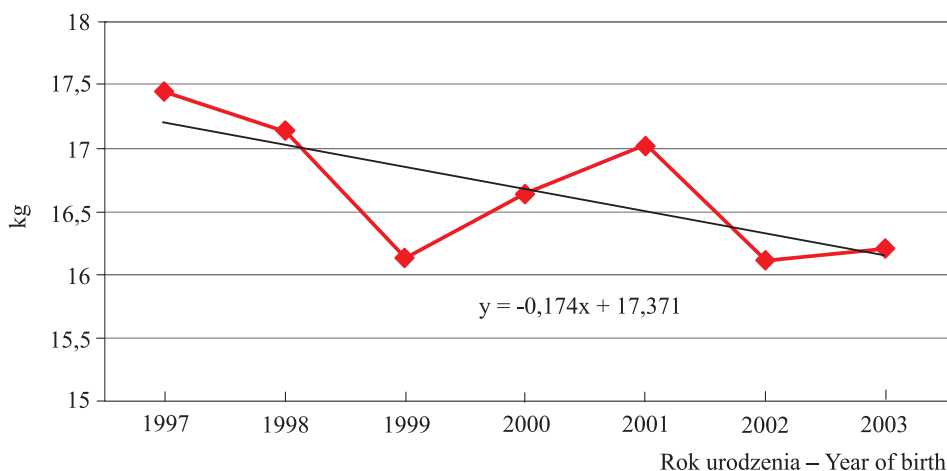
3.1.1. Analiza eksploratywna

Średnia masa ciała badanych jagniąt w wieku 56 dni była niższa od podawanej przez Polski Związek Oweczarski (PZO) [60] w odniesieniu do krajowej populacji merynosa polskiego w latach 1997-2003. Wykonana analiza wariancji wykazała statystycznie wysoko istotny wpływ stada, płci i typu urodzenia jagnięcia, wieku matki, roku urodzenia, interakcji: stado \times wiek matki oraz stado \times rok na masę jego ciała w wieku 56 dni.

Stwierdzono, że jagnięta o najwyższej masie ciała w wieku 56 dni (> 17 kg) pochodziły ze stad prywatnych B, F oraz państwowych G i J (tab. 7).

Tabela 7. Masa ciała jagniąt w wieku 56 dni w zależności od badanych czynników
Table 7. Body weight of lambs at the age of 56 days according to investigated factors

Poziom – Level	n	LSM	SE
Stado – Flock			
A	1153	16,29	0,12
B	1020	17,59	0,11
C	446	16,97	0,16
D	659	16,22	0,14
E	648	16,70	0,14
F	650	17,08	0,14
G	2042	17,02	0,08
H	1678	15,97	0,09
I	676	15,92	0,14
J	1576	17,12	0,11
K	1257	16,44	0,10
L	1638	16,77	0,11
Płeć – Sex			
♂	6572	17,11	0,05
♀	6871	16,24	0,05
Typ urodzenia – Type of birth			
1	6532	17,87	0,05
2	6911	15,48	0,05
Wiek matki – Age of dam			
2	1523	15,55	0,11
3	2269	16,56	0,08
4	2388	17,02	0,08
5	2371	17,02	0,08
6	1982	17,05	0,09
≥ 7	2910	16,85	0,08



Rys. 6. Masa ciała jagniąt w wieku 56 dni w zależności od roku urodzenia

Fig. 6. Body weight of lambs at the age of 56 days according to the year of birth

W stadzie J utrzymywano zwierzęta typu mięsnego. Najniższymi masami ciała (< 16 kg) charakteryzowały się jagnięta w stadach H i I. Przeprowadzone badania potwierdziły dymorfizm płciowy w zakresie rozpatrywanej cechy – masa ciała tryczków była o 0,87 kg większa niż masa ciała jarek. Zaobserwowano, że masa ciała jedynaków przewyższała o 2,39 kg masę bliźniąt. Ważnym czynnikiem oddziałującym na masę ciała jest wiek matek [36, 53, 127]. W badaniach wykazano, że masa ciała jagniąt zwiększała się wraz z wiekiem ich matek, osiągając najlepsze rezultaty wśród potomstwa matek 6-letnich (tab. 7). Niska masa ciała potomstwa przystępek może mieć swoje źródło w ich słabszej mleczności. Zaobserwowana tendencja dotycząca zmiany masy ciała jagniąt w zależności od wieku matek znajduje potwierdzenie w licznych badaniach naukowych [68, 99, 117, 126, 135, 136], chociaż w dostępnym piśmiennictwie podaje się także, że najwyższą masę osiągnęło potomstwo przystępek [36, 53].

Rok urodzenia uznawany jest za ważny czynnik różnicujący masę ciała jagniąt [135, 153]. Masa ciała jagniąt w wieku 56 dni ulegała znacznym wahaniom podczas całego okresu prowadzenia badań (rys. 6). Najwyższa była w pierwszych dwóch latach (1997 i 1998) – od wprowadzenia obowiązkowej kontroli masy ciała w wieku 56 dni w stadach matecznych, a najniższa w latach 1999, 2002 i 2003.

3.1.2. Analiza genetyczna

Ocenie poddano przydatność trzech modeli liniowych (M1-M3) do szacowania komponentów (ko)wariancji masy ciała w wieku 56 dni (tab. 8). Dokonując doboru modelu w przypadku metody REML zastosowano kryterium informacyjne AIC [86]. Wyniki tego kryterium dowodzą potrzeby stosowania w szacowaniu odziedziczalności masy ciała modelu M3, uwzględniającego zarówno

wpływy addytywne matczyne, jak i wpływy trwałego środowiska matczynego (tab. 8).

Tabela 8. Estymatory komponentów (ko)wariancji oraz odziedziczalności masy ciała w wieku 56 dni

Table 8. Estimates of (co)variances components and heritability of body weight at the age of 56 days

Estymator Estimate	Metoda – Method					
	REML LM, model:			GS LM, model:		
	M1	M2	M3	M1	M2	M3
σ_a^2	3,051	1,791	2,160	3,063	1,880	2,293
SE σ_a^2	0,243	0,259	0,261	0,250	0,272	0,333
σ_m^2		0,923	0,341		0,965	0,478
SE σ_m^2		0,144	0,080		0,210	0,152
σ_{am}		-0,023	-0,258		-0,077	-0,340
SE σ_{am}		±0,164	±0,159		±0,210	±0,203
σ_c^2			0,774			0,719
SE σ_c^2			0,127			0,126
σ_e^2	7,499	7,790	7,417	7,496	7,746	7,389
SE σ_e^2	0,190	0,178	0,1813	0,203	0,188	0,212
σ_p^2	10,550	10,504	10,692	10,559	10,591	10,879
h_a^2	0,289	0,171	0,202	0,290	0,178	0,211
h_m^2		0,088	0,032		0,091	0,044
c^2			0,072			0,066
d_{am}		-0,002	-0,024		-0,007	-0,031
h_T^2		0,211	0,182		0,212	0,186
AIC	80867,1	55869,2	55837,4			
r_s	1,000*	0,999**	0,998***			

współczynnik korelacji rang między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt uzyskanych za pomocą metody BLUP wykonanej w oparciu o komponenty wariancji oszacowane metodami REML i GS za pomocą modelu: * M1, ** M2, *** M3

r_s – rank correlation coefficient between ranking of breeding values of animals obtained using the BLUP method based on variance components estimated with the REML and GS method and using model: * M1, ** M2, *** M3

Zasadność wyboru modelu M3 potwierdzają również najniższe spośród trzech porównywanych modeli wartości wariancji błędu.

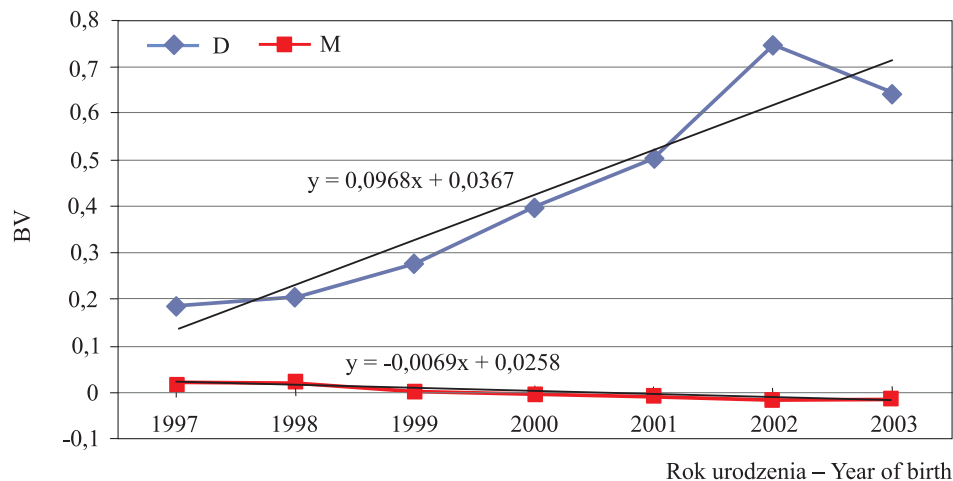
Bez względu na metodę szacowania najwyższą odziedziczalność bezpośrednią uzyskano przy zastosowaniu modelu M1, a następnie M3 (tab. 8). Najwyższą odziedziczalność matczyną i całkowitą stwierdzono w szacunkach uzyskanych za pomocą modelu M2. Oszacowane wskaźniki odziedziczalności całkowitej pozwalają wnioskować, że udział zmienności genetycznej ogólnej w kształtowaniu masy ciała jagniąt wynosi około 20%. W pracach autorów cytowanych w tabeli 1 [21, 37, 41, 52, 64, 89, 91, 93, 109, 112, 119, 144, 153, 159, 178], którzy szacowali odziedziczalność masy ciała jagniąt z zastosowaniem metody REML-AM i w modelu uwzględnili efekt addytywny matczyny, odziedziczalność bezpośrednia, matczyna i całkowita mieściła się w przedziałach odpowiednio: 0,01-0,37, 0,01-0,49 i 0,03-0,31. W badaniach własnych szacunki odziedziczalności bezpośredniej i całkowitej przyjmowały wartości środkowe powyższych przedziałów, natomiast odziedziczalność matczyna, zwłaszcza oszacowana za pomocą modelu uwzględniającego trwały wpływ środowiska matczynego, znajdowała się bliżej ich dolnej granicy.

W badaniach własnych stwierdzono ujemną kowariancję między efektem addytywnym bezpośrednim a matczynym (tab. 8), co znacząco może utrudniać pracę hodowlaną w zakresie jednoczesnego doskonalenia genetycznego masy ciała w wieku 56 dni oraz zdolności macierzyńskich matki. Zdecydowanie wyższą wartość kowariancji zaobserwowano w przypadku modelu uwzględniającego wpływ trwałego środowiska matczynego. Ujemną wartość kowariancji między tymi efektami stwierdzono w innych doświadczeniach [21, 41, 89, 91, 117, 144, 173].

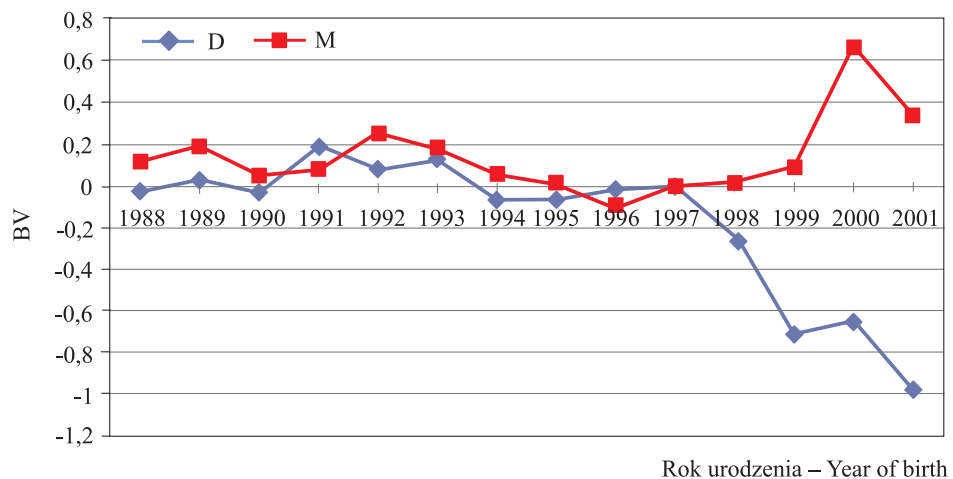
Przeprowadzone badania pozwalają stwierdzić, że szacunki metodami REML i GS były do siebie bardzo podobne (nieznacznie wyższe w przypadku metody GS) (tab. 8). Jednocześnie należy zauważyć, że komponenty (ko)wariancji uzyskane metodą GS były obciążone wyraźnie większymi błędami standardowymi niż otrzymane metodą REML. Z tego też względu można wnioskować, że bardziej pożądaną metodą szacowania odziedziczalności masy ciała jest REML. W tabeli 8 umieszczono również współczynniki korelacji między uszeregowaniem zwierząt w zakresie wartości hodowlanych oszacowanych metodą BLUP, która uwzględniała komponenty (ko)wariancji uzyskane metodami REML i GS. Wartości powyższych korelacji, praktycznie równe „1”, pozwalają wnioskować, że metoda szacowania komponentów (ko)wariancji nie wpływa na uszeregowanie zwierząt w zakresie wartości hodowlanych.

Na rysunku 7 zaprezentowano zmianę wartości genetycznej populacji w kolejnych rocznikach w zakresie masy ciała jagniąt w wieku 56 dni. Wartość hodowlaną zwierząt oszacowano za pomocą modelu pełnego, zawierającego trzy efekty losowe: addytywny bezpośredni, addytywny matczyny oraz trwałych wpływów środowiska matczynego. Komponenty wariancji użyte do oszacowań wynikały z zastosowania metody REML. Zaobserwowano tendencję do poprawy wartości addytywnej bezpośredniej zwierząt na poziomie 97 g rocznie i niewielką tendencję malejącą (około 7 g rocznie) pod względem zdolności macierzyńskich.

Interesująca jest ocena wartości hodowlanej bezpośredniej ocenianej populacji matek (rys. 8). W latach 1988-1997 kształtowała się ona na poziomie zbliżonym. Natomiast od 1998 roku, kiedy w życie wprowadzono obecnie obowiązujące zasady pracy hodowlanej, obserwowano korzystną tendencję wzrostu wartości genetycznej bezpośredniej, zaś matczyna uległa nieznacznemu obniżeniu.



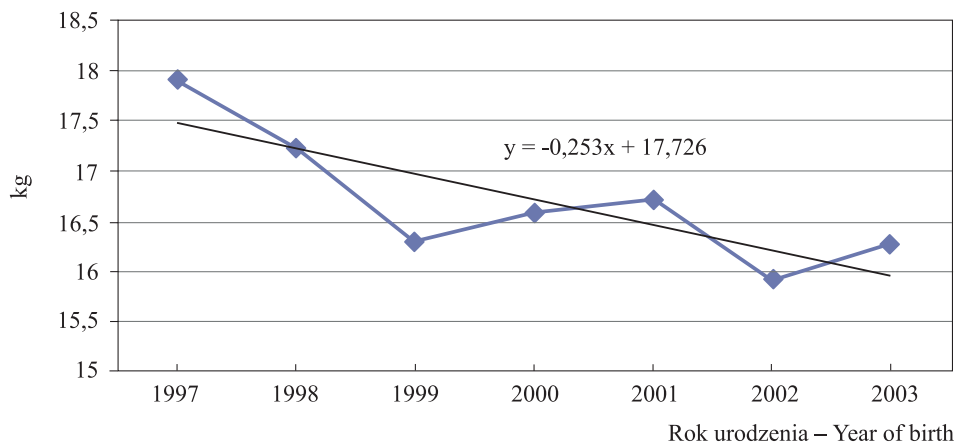
Rys. 7. Trendy genetyczne oszacowane dla efektu bezpośredniego (D) i matczynego (M) w zakresie masy ciała jagniąt w wieku 56 dni
 Fig. 7. Direct (D) and maternal (M) genetic trends for body weight of lambs at the age of 56 days



Rys. 8. Wartość hodowlana maciorek w zależności od roku urodzenia: D – efekt bezpośredni, M – efekt matczyzny
 Fig. 8. Breeding value of ewes according to the year of birth: D – direct effect, M – maternal effect

Ze względu na fakt, iż w dostępnym piśmiennictwie brak prac na temat szacowania trendów genetycznych w zakresie masy ciała jagniąt rasy merynos polski w wieku 56 dni, porównano wyniki z uzyskanymi na innych rasach owiec i w różnym wieku. Zaobserwowane trendy genetyczne masy ciała w przypadku efektu bezpośredniego były zbliżone do stwierdzonych przez Shaat i wsp. [159] w odniesieniu do masy ciała jagniąt rasy Rahmani i Ossimi w wieku 60 dni, odpowiednio 20 i 38 g (szacunki wykonano za pomocą modelu zwierzęcia uwzględniającego tylko efekt addytywny bezpośredni). Saatci i wsp. [153], prowadząc badania na populacji owiec rasy Welsh Mountain w zakresie masy ciała w wieku 84 dni, stwierdzili natomiast roczny trend genetyczny dla efektu bezpośredniego wynoszący 120 g, zaś dla matczynego 30 g. Nesor i wsp. [112] badali trendy genetyczne (bezpośrednie i matczyne) masy ciała w wieku 100 dni w okresie 20 lat, dzieląc jednak ten okres na połowy. Trend genetyczny bezpośredni w całym okresie badań był dodatni, początkowo wynosił 30 g, a następnie 0,048 g. Trend genetyczny matczynej początkowo również był rosnący (0,016 g), ale w drugim okresie wykazywał tendencję malejącą (-3 g). Rezultaty badań autorzy uzasadniali znacznymi wahaniami liczebności badanej populacji [112].

W badaniach własnych stwierdzono negatywne trendy środowiskowe masy ciała jagniąt w wieku 56 dni, które mogą wskazywać na pogarszające się warunki ich utrzymania (rys. 9), a jednocześnie wyjaśniać przyczynę braku poprawy wartości fenotypowych zwierząt (rys. 6) mimo pozytywnych trendów genetycznych (rys. 7). Wyniki korespondują z uzyskanymi w badaniach Dobek i wsp. [37] oraz Nesera i wsp. [112], w których jednocześnie obserwowano dodatnie trendy genetyczne i ujemne środowiskowe.



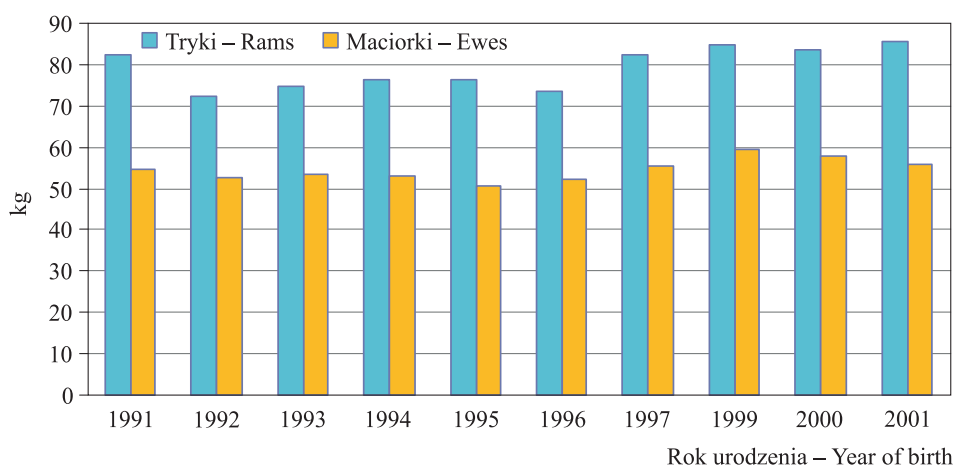
Rys. 9. Trendy środowiskowe masy ciała jagniąt w wieku 56 dni

Fig. 9. Environmental trends for body weight of lambs at the age of 56 days

3.2. MASA CIAŁA OWIEC W WIEKU 12 MIESIĘCY

3.2.1. Analiza eksploratywna

Analiza wariancji dokonana na podstawie całego zgromadzonego materiału zwierzęcego wykazała statystyczny wpływ: stada, płci, typu oraz roku urodzenia na masę ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy. W kolejnym etapie wykonano podobne opracowanie statystyczne oddzielnie dla każdej płci. Spośród wcześniej wymienionych czynników wyłącznie rok urodzenia wpłynął wysoko istotnie na masę ciała tryków (tab. 5). Początkowo obserwowano tendencję malejącą, a od roku 1997 – rosnącą (rys. 10).



Rys. 10. Masa ciała tryków i maciorek w wieku 12 miesięcy w zależności od roku urodzenia

Fig. 10. Body weight of rams and ewes at the age of 12 months according to the year of birth

Biorąc pod uwagę materiał żeński, wykazano statystyczny wpływ stada, typu urodzenia, roku urodzenia oraz interakcji stado \times rok urodzenia na masę ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy. Maciorki ze stad prywatnych D, E charakteryzowały się najwyższą (> 57 kg) masą ciała w wieku 12 miesięcy (tab. 9). Z kolei najniższe wartości badanej cechy stwierdzono w stadzie H – 46,22 kg. Należy również zauważyć, że średnia masa ciała kontrolowanych maciorek w wieku 12 miesięcy była zbliżona do podawanej przez Kowaliszyn i Mroczkowskiego [77] (51,87 kg), Mroczkowskiego [102] (53,24 kg). Wyższe masy ciała maciorek w wieku 12 miesięcy odnotowali w swoich badaniach Dankowski i wsp. [31] oraz Piestrak i wsp. [124] w mięsnych centrach merynosa polskiego. Stwierdzono, że maciorki urodzone jako jedynaczki były o około 1,2 kg cięższe niż pochodzące z urodzeń mnogich.

Tabela 9. Masa ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy w zależności od badanych czynników
Table 9. Body weight of animals at the age of 12 months according to investigated factors

Poziom Level	Tryki – Rams			Maciorki – Ewes		
	n	LSM	SE	n	LSM	SE
Stado – Flock						
A	31	76,06	1,83	256	54,31	0,35
B	20	82,07	2,24	184	52,27	0,41
C	8	80,89	3,53	137	55,46	0,47
D	34	81,10	1,77	210	60,83	0,38
E	13	84,75	2,75	187	57,19	0,41
F	9	81,06	3,31	146	55,06	0,46
G	44	78,02	1,54	739	54,01	0,22
H	84	73,57	1,11	678	46,22	0,21
I	23	74,79	2,14	300	54,49	0,33
J	48	80,57	1,47	521	56,67	0,26
K	37	79,33	1,67	614	51,70	0,24
L	55	78,02	1,39	752	55,23	0,22
Typ urodzenia – Type of birth						
1	126	79,37	0,99	1989	55,07	0,15
2	280	79,00	0,76	2735	53,84	0,14

Analizując masę ciała macierek w kolejnych rocznikach, najwyższe wartości cech obserwowano wśród osobników urodzonych w latach 1997-2001 (rys. 10). Uzyskane wyniki dotyczące wpływu stada, typu oraz roku urodzenia na masę ciała macierek w wieku 12 miesięcy znajdują potwierdzenie w literaturze naukowej przedmiotu [31, 36, 58, 76, 101, 134].

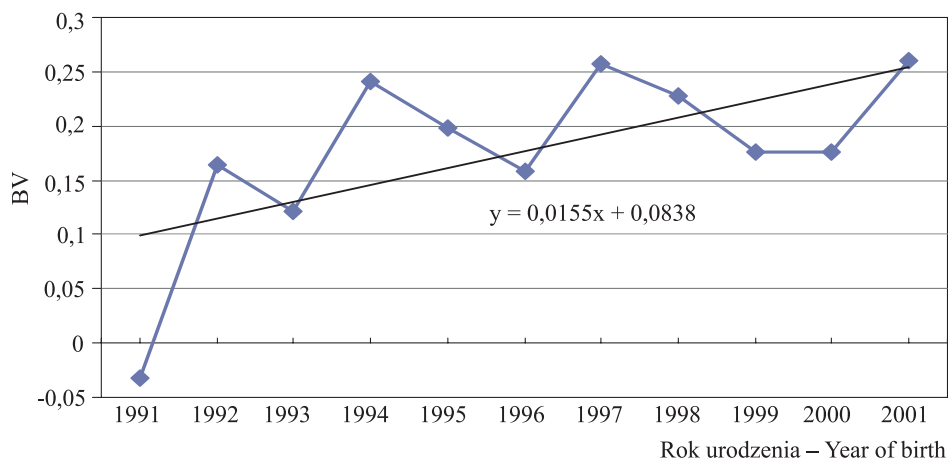
3.2.2. Analiza genetyczna

W zbiorczej tabeli 23 przedstawiono m.in. komponenty masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy, oszacowane za pomocą metod REML i GS przy użyciu modeli jedno- i czterocechowych. Stwierdzono relatywnie wysokie wartości wskaźnika odziedziczalności (około 0,34), które w zasadzie nie zmieniały się w zależności od metody szacowania oraz zastosowanego modelu. Identyczne było uszeregowanie wartości hodowlanych zwierząt uzyskanych za pomocą metody BLUP z wykorzystaniem komponentów wariancji oszacowanych metodami REML i GS. Większe błędy standardowe szacowanych komponentów wariancji oraz wariancji błędu zarówno w przypadku masy ciała zwierząt w wieku 56 dni, jak i 12 miesięcy towarzyszyły metodzie GS.

Odnosząc uzyskane w badaniach wskaźniki odziedziczalności do rezultatów przedstawionych przez innych autorów [4, 28, 50, 93, 119, 166] należy uznać, że były one relatywnie wysokie, dowodząc tym samym, że konsekwentna selekcja na masę ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy mogłaby odnieść pożądany efekt hodowlany w postaci zwiększenia masy ciała macierek.

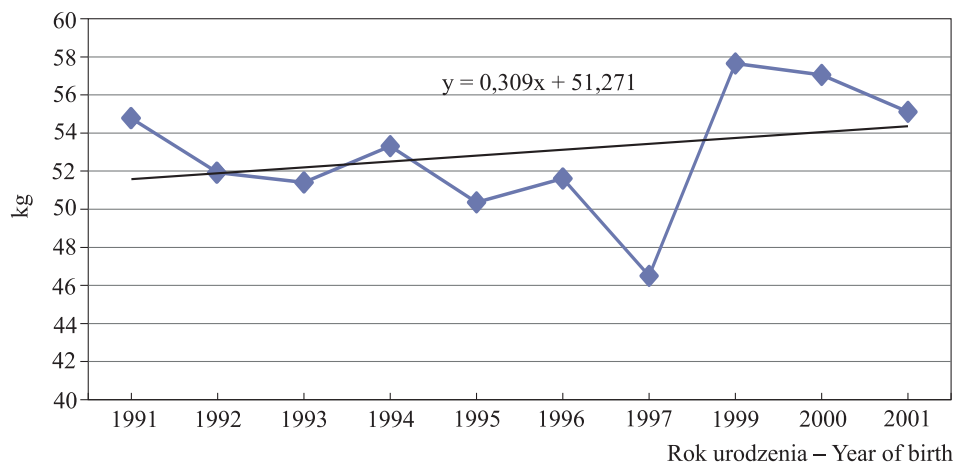
Wskaźniki odziedziczalności oszacowane w zakresie masy ciała jagniąt w wieku 56 dni (tab. 8) i 12 miesięcy (tab. 23) charakteryzowały się znacznym zróżnicowaniem. Fakt ten może być zatem traktowany jako przesłanka do kolejnego etapu badań, tj. związanego z zastosowaniem modeli regresji stałej i/lub losowej w ocenie wartości genetycznej owiec [98].

Zaprezentowane na rysunku 11 wartości hodowlane zwierząt urodzonych w latach 1991-2001 dowodzą dodatniej tendencji w zakresie masy ciała w wieku 12 miesięcy. Może to wskazywać na pozytywny efekt pracy hodowlanej. Oprócz dodatnich trendów genetycznych stwierdzono również dodatnie trendy środowiskowe (rys. 12).



Rys. 11. Trendy genetyczne masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy

Fig. 11. Genetic trends for body weight of animals at the age of 12 months



Rys. 12. Trendy środowiskowe masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy

Fig. 12. Environmental trends for body weight of animals at the age of 12 months

3.3. WIEK OWIEC PRZY BRAKOWANIU

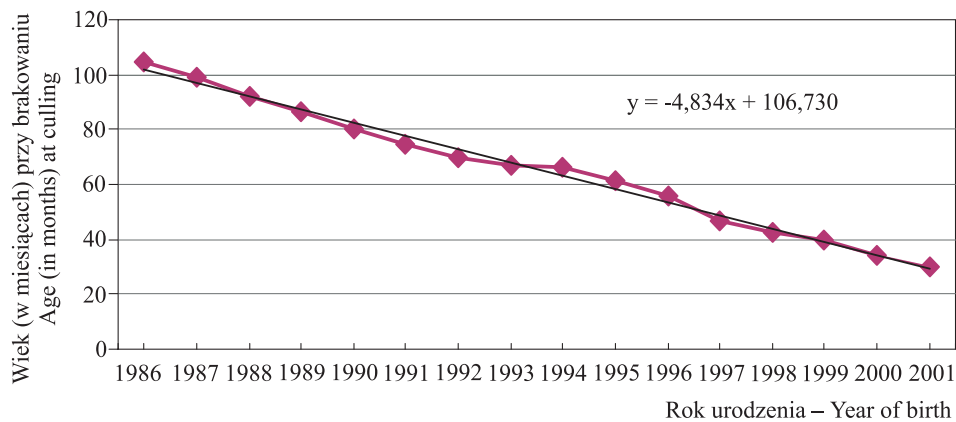
3.3.1. Analiza eksploratywna

Wyniki przeprowadzonej analizy wariancji pozwalają stwierdzić, że stado, rok wykotu oraz interakcja stado \times rocznik mają wpływ na wiek macierek przy brakowaniu. Średni wiek 6670 sztuk 16 roczników (1986-2001) brakowanych macierek wyniósł 6,25 roku. Można uznać, że były użytkowane relatywnie długo. Bernacka i wsp. [19] w badaniach dotyczących merynosa polskiego stwierdzili znacznie niższy wiek macierek przy brakowaniu, tj. 4,7 roku. Wśród głównych przyczyn brakowania wskazali jałowienie (40,2%), choroby wymienia (33,1%) i wiek matek (18,5%). Analizując średnie najmniejszych kwadratów dotyczące wieku przy brakowaniu stwierdzono, że najdłużej użytkowane były zwierzęta w stadzie B, następnie F, a najkrócej w stadach I oraz H (tab. 10). Jednocześnie wykazano, że wiek macierek przy brakowaniu obniżał się w kolejnych rocznikach (rys. 13).

Tabela 10. Wiek macierek przy brakowaniu w zależności od badanych czynników
Table 10. Age of ewes at culling according to investigated factors

Poziom – Level	n	LSM	SE
Stado – Flock			
A	278	64,39	0,32
B	164	78,18	0,47
C	170	62,18	0,39
D	239	64,26	0,34
E	198	63,56	0,37
F	154	66,95	0,43
G	1290	56,49	0,14
H	868	51,73	0,16
I	462	51,42	0,21
J	752	57,80	0,19
K	870	60,52	0,18
L	1225	65,43	0,16
Typ urodzenia – Type of birth			
1	2885	61,62	0,12
2	3785	61,44	0,12

Potrzeba prowadzenia badań w kierunku długości użytkowania macierek wynika z faktu, iż matki będące w wieku 5-6 lat uzyskują najlepsze wyniki w zakresie wskaźników reprodukcji, w tym również masy ciała urodzonego i odchowywanego potomstwa [3, 19, 27, 56, 131, 137]. Z tego też względu dbałość hodowców o utrzymywanie macierek co najmniej do wieku 6 lat ma swoje ekonomiczne uzasadnienie, i jak najbardziej celowe wydaje się ustalenie czynników mających wpływ na wiek przy brakowaniu. Na wysoką rangę długości użytkowania matek w stadzie wskazują badania Coningtona i wsp. [29].

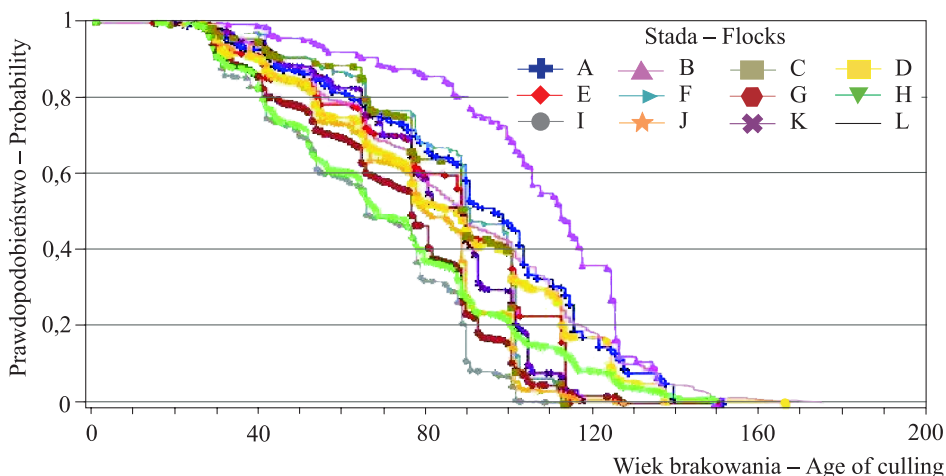


Rys. 13. Wiek macierek przy brakowaniu w zależności od roku urodzenia
 Fig. 13. Age of ewes at culling according to the year of birth

W dotychczasowych rozważaniach dotyczących długości użytkowania rozpatrywano tylko wiek macierek. Obliczono jednak przeciętny wiek tryków przy brakowaniu. Uzyskany wynik – 57,92 miesiąca, wskazuje, że tryki w momencie brakowania były około 12 miesięcy młodsze od macierek (tab. 4). Kolejna analiza wariancji wykazała, iż różnicę między płciami należy uznać za statystycznie wysoce istotną. Większa rotacja tryków w stadzie niż macierek jest możliwa dzięki nieporównywalnie bardziej ostrej selekcji w tej grupie płci, co może sprzyjać zwiększaniu postępu hodowlanego.

3.3.2. Analiza przeżycia

W tabeli 10 przedstawiono wyniki analizy wariancji dotyczące wieku owiec przy brakowaniu. Pominięte w tym przypadku zostały osobniki, które nie ukończyły okresu użytkowości rozplodowej. W celu pogłębienia statystycznej oceny długości użytkowania macierek – zarówno tych, które zostały wybrakowane, jak również produkujących do końca okresu obserwacji – zastosowano technikę należącą do tzw. analiz przeżycia (*survival analysis*), tj. metodę limitu iloczynowego Kaplana-Meiera [97]. Analiza przeżycia jest powszechnie wykorzystywana w medycynie [88], a także w badaniach zootechnicznych czy weterynaryjnych [128, 163, 184]. W prowadzonym postępowaniu statystycznym wyznaczono krzywe przeżycia macierek oddzielnie dla poszczególnych stad (rys. 14), a następnie za pomocą statystyki Wilcozona i log rank [157] określono istotność różnic między przebiegiem powyższych krzywych w stadach. Wyniki obydwu statystyk pozwoliły odrzucić hipotezę zerową, zakładającą brak różnic między funkcjami przeżycia w badanych stadach ($p < 0,0001$). Z zaprezentowanych na rysunku 13 krzywych wynika, że najlepszą wytrzymałością użytkowania charakteryzowały się zwierzęta ze stada B. Prawdopodobieństwo (p) przeżycia w tym stadzie do wieku 90 miesięcy było wyższe niż 0,8, podczas gdy w stadzie I znajdowało się na poziomie 0,3.



Rys. 14. Krzywe przeżycia w poszczególnych stadach
Fig. 14. Survival curves in particular flocks

3.3.3. Analiza genetyczna

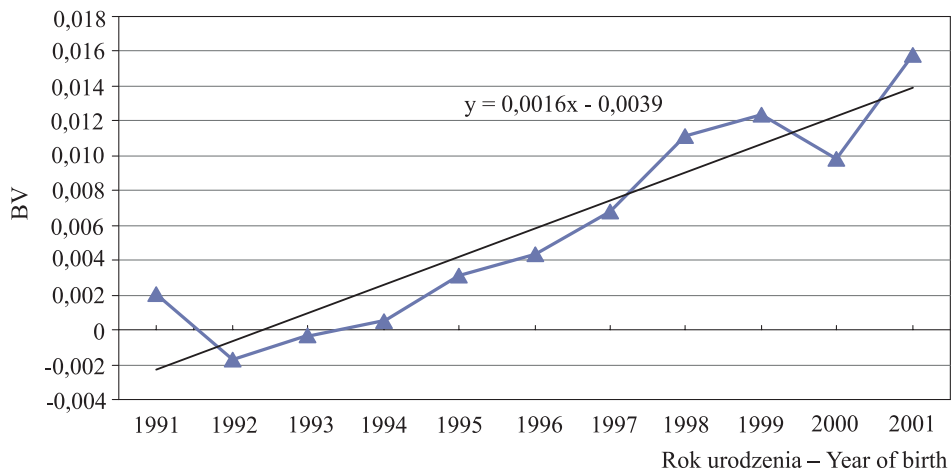
W badaniach otrzymano wyraźnie zróżnicowane szacunki odziedziczalności ze względu na metodę szacowania, nie obserwowano natomiast większych różnic w przypadku liczby cech w modelu (tab. 23). Wyższe o około 0,02 wartości wskaźników odziedziczalności uzyskano stosując metodę GS w porównaniu z REML. Zaobserwowano jednocześnie, że wyższe błędy standardowe komponentu genetycznego i wyższa wariancja błędu wystąpiły po zastosowaniu metody REML. Można zatem wnioskować, że przy szacowaniu odziedziczalności wieku przy brakowaniu bardziej zasadne będzie wykorzystanie metody próbkowania Gibbsa.

W literaturze przedmiotu niewiele jest prac na temat odziedziczalności długości użytkowania macierek. Conington i wsp. [29], którzy jako nieliczni szacowali odziedziczalność tej cechy, otrzymali wynik 0,08, zbliżony do uzyskanego w badaniach własnych za pomocą metody GS. Porównując te dane należy stwierdzić, że odziedziczalność długości użytkowania jest w niskim stopniu determinowana przez czynnik genetyczny. Znacznie bardziej interesujące są wyniki charakteryzujące długość użytkowania bydła jako gatunku [111, 184, 185]. Jednak i w tym przypadku rezultaty badań są na ogół zbieżne z uzyskanymi w niniejszej pracy. Odziedziczalność długości użytkowania krów oszacowana przez Neerhofa i wsp. [111] oraz Vollemę i wsp. [184, 185] na danych nie poddanych transformacji wahała się w przedziale 0,06-0,22. Podobne szacunki, ale na danych transformowanych logarymicznie, dały znacznie niższe wartości odziedziczalności, od 0,00 do 0,055.

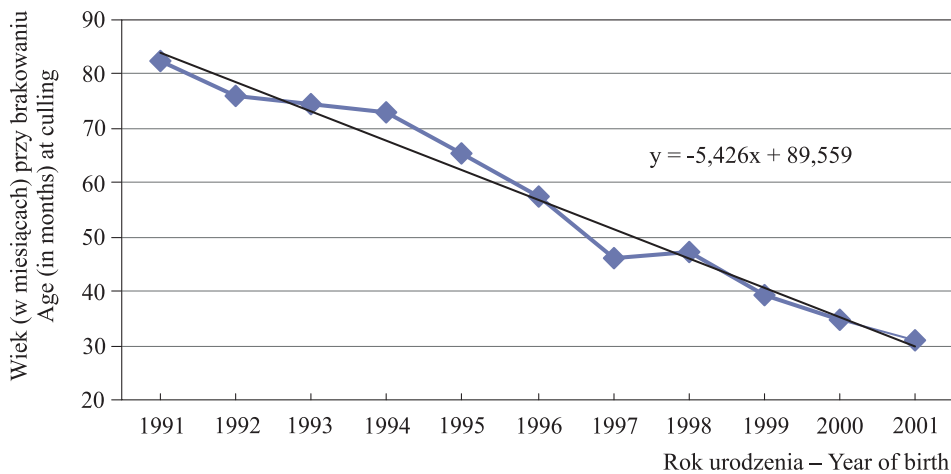
Wartość hodowlana zwierząt pod względem wieku przy brakowaniu oszacowano metodą BLUP, uwzględniając komponenty wariancji uzyskane z zastosowania metod REML oraz GS. Powstałe uszeregowania wartości hodowlanych

skorelowano ze sobą, a uzyskany współczynnik korelacji ($r_s > 0,98$) dowodzi, że użyta wcześniej metoda szacowania komponentów nie ma wpływu na uszeregowanie zwierząt pod względem wartości hodowlanych.

Na rysunku 15 przedstawiono dane dotyczące tendencji zmian wartości genetycznej wieku przy brakowaniu, wskazujące, że była ona dodatnia, jednakże bardzo mała, tj. 0,0016 miesiąca. Jednocześnie stwierdzono ujemny trend środowiskowy (rys. 16).



Rys. 15. Trendy genetyczne wieku przy brakowaniu
Fig. 15. Genetic trends for age at culling



Rys. 16. Trendy środowiskowe wieku przy brakowaniu
Fig. 16. Environmental trends for age at culling

3.4. WSKAŹNIKI REPRODUKCJI OWIEC W OCENIANYCH STADACH

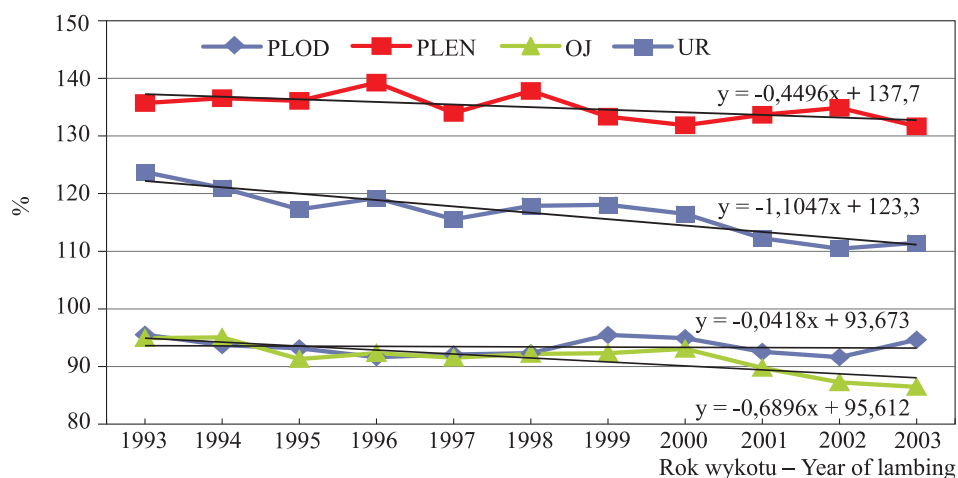
W tabeli 11 umieszczono wskaźniki rozrodu badanych owiec – matek rasy merynos polski obliczone według wzorów proponowanych przez PZO [60]. Przy ich obliczaniu wzięto pod uwagę wykoty z lat 1993-2003, od matek urodzonych w latach 1986-2001. Zestawione w tabeli wyniki pozwalają stwierdzić, że w stadach prywatnych A, E, B, F matki charakteryzowały się najwyższą (> 95%) płodnością. Najbardziej płenne matki pochodziły ze stada D, następnie E, B, J, I (> 140%). Z kolei najlepszy odchów jagniąt obserwowano w stadach K, L, I, A (> 94%). Najkorzystniejsze wartości wskaźnika użytkowości rozplodowej stwierdzono w stadach: E, B, A i J (> 125 %). Warto podkreślić, że stado J, gdzie utrzymuje się merynosy typu mięsnego należy do sektora państwowego. Wskaźniki reprodukcji kształtowały się na poziomie zbliżonym do prezentowanego przez PZO w odniesieniu do gospodarki całkowitej w latach 1997-2007 [60].

Tabela 11. Cechy rozrodu maciorek w zależności od stada (%)
Table 11. Reproduction traits of ewes according to the flock (%)

Stado Flock	Liczba wykotów Number of lambings	Płodność Fertility	Plenność Prolificacy	Odchów jagniąt Rearing of lambs	Użytkowość rozplodowa Reproduction performance
A	2148	97,16	135,46	94,48	127,28
B	1444	96,19	144,42	90,11	128,95
C	933	91,64	121,87	87,34	100,32
D	1331	92,64	150,28	76,42	116,90
E	1110	96,31	147,33	89,83	131,89
F	889	96,06	139,23	92,12	124,75
G	5234	93,35	129,88	92,87	110,87
H	3393	90,57	137,88	79,19	104,48
I	1411	92,98	140,93	95,26	124,38
J	3444	92,86	144,31	93,97	127,41
K	4055	94,13	128,48	98,00	115,09
L	5829	92,42	129,92	96,56	116,38

Na rysunku 17 przedstawiono wartości dotyczące wskaźników rozrodu w kolejnych latach wykotów, tj. 1993-2003.

Wszystkie omawiane cechy rozrodu wykazywały niewielką tendencję spadkową, czego dowodem są ujemne wartości obliczonych wskaźników regresji liniowych. Najbardziej stabilnym wskaźnikiem rozrodu w badanym okresie okazała się płodność matek.



Rys. 17. Wskaźniki rozrodu maciorek w zależności od roku wykotu: PLOD – płodność, PLEN – plenność, OJ – odchów jagniąt, UR – użytkowość rozplodowa
 Fig. 17. Reproduction indices of ewes according to the year of lambing: PLOD – fertility, PLEN – prolificacy, OJ – rearing of lambs, UR – reproduction performance

W tabeli 12 umieszczono dane obrazujące rozkład liczby urodzonych jagniąt w miocie w zależności od stada. Łączny udział wykotów pojedynczych w badanej populacji wyniósł 65,29%. Największy udział wykotów bliźniaczych (> 40%) odnotowano w stadach D, E, B, J, zaś trojaczki najczęściej rodziły się w stadach D, E (tab. 12).

Tabela 12. Rozkład wykotów pojedynczych i mnogich w zależności od stada
 Table 12. Distribution of single and multiple lambings according to the flock

Stado Flock	Pojedynczy Single		Bliźniaczy Twin		Trojaczy Triple		Razem Total (n)
	n	%	n	%	n	%	
A	1364	65,36	706	33,83	17	0,81	2087
B	779	56,08	603	43,41	7	0,50	1389
C	670	78,36	183	21,40	2	0,23	855
D	634	51,42	578	46,88	21	1,70	1233
E	576	53,88	480	44,90	13	1,22	1069
F	522	61,12	329	38,52	3	0,35	854
G	3455	70,71	1402	28,69	29	0,59	4886
H	1931	62,84	1120	36,45	22	0,72	3073
I	783	59,68	521	39,71	8	0,61	1312
J	1803	56,38	1373	42,93	22	0,69	3198
K	2741	71,81	1065	27,90	11	0,29	3817
L	3782	70,21	1598	29,66	7	0,13	5387
Razem – Total	19040	–	9958	–	162	–	29160
Średnia – Mean	–	65,29	–	34,15	–	0,56	–

3.5. CECHY ROZRODU MATEK W KOLEJNYCH WYKOTACH

3.5.1. Analiza eksploratywna płodności i liczby jagniąt urodzonych

Wyselekcjonowano następujące zmienne niezależne, statystycznie wysoko istotnie związane z płodnością matek: stado, wiek matki oraz rok wykotu, interakcja stado \times wiek matki oraz stado \times rok wykotu (tab. 5). Biorąc pod uwagę liczbę urodzonych jagniąt, wyselekcjonowano ponadto typ maciorki i jej matki ($p \leq 0,01$). Obliczona statystyka jakości modelu „c” w przypadku obydwu analizowanych cech wskazuje, że model regresji, jaki można skonstruować uwzględniając wyselekcjonowane zmienne, dość dobrze opisuje zmienność płodności i liczby urodzonych jagniąt (tab. 13).

W tabeli 13 umieszczono oszacowane dla zmiennych istotnie związanych z płodnością i liczbą urodzonych jagniąt ilorazy szans (OR) oraz odpowiadające im 95% przedziały ufności (CL). Wyznaczając OR dotyczące stad, za punkt referencyjny ustalono stado K, biorąc pod uwagę: wiek matek – przyjęto zwierzęta dwuletnie, typ urodzenia – pojedynczy, a w odniesieniu do roku wykotu – 1993. Oszacowane ilorazy szans pozwalają wnioskować, że prawdopodobieństwo (tzw. szansa), iż matka urodzi potomstwo w stadzie A było ponad dwukrotnie większe (2,126) niż w stadzie K. Stwierdzone w odniesieniu do prywatnych stad B, E, F ilorazy szans większe niż 1 dowodzą, że matki w tych grupach były bardziej płodne niż w stadzie K. Z kolei niższa od 1 wartość OR w stadach C, D, G, H, I, J, L wskazuje na słabszą płodność w porównaniu ze stadem K. Wyznaczone ilorazy szans pozwalają uszeregować stada pod względem rozpatrywanej cechy. Najlepszym pod względem płodności było stado A, a naj słabszym – H. Wyznaczone OR pozwalają stwierdzić, że pod względem wieku wieloródki były bardziej płodne niż przystępki ($OR > 1$). Płodność matek poprawiała się wraz z wiekiem, jednak następowało to tylko do 5. roku życia, w kolejnych latach wartość cechy pogarszała się. Najbardziej płodne były maciorki urodzone w 1993 r. W kolejnych latach płodność była już gorsza. Najniższą wartość ilorazu szans zaobserwowano dla lat 1996, 1997, 1998 i 2001. OR zbliżone do 0,5 oznaczają praktycznie, że prawdopodobieństwo płodności w tych latach było blisko dwukrotnie niższe aniżeli w roku 1993.

W analogiczny sposób interpretować można liczbę jagniąt urodzonych przez maciorki (tab. 13). Spośród 12 stad szansa porodu mnogiego była najniższa w stadzie C ($OR = 0,68$), a następnie K ($OR = 1,0$). Najbardziej płenne były z kolei maciorki ze stad D, E, J oraz B. Wzrastające wraz z wiekiem matek wartości OR dowodzą, że prawdopodobieństwo porodu mnogiego zwiększało się u matek starszych. Szansa porodu mnogiego wśród matek 3-letnich była dwukrotnie większa niż wśród przystępek ($OR = 2,045$). Najbardziej płenne były maciorki 6-letnie. Można zatem wnioskować, że racjonalne będzie użytkowanie matek w badanych stadach co najmniej do wieku 6 lat. Podobnie jak w przypadku płodności, tak i w odniesieniu do liczby urodzonych jagniąt ilorazy szans malały w kolejnych latach wykotów, co wskazuje na spadek plenności maciorek.

Tabela 13. Płodność macierek i liczba jagniąt urodzonych w zależności od badanych czynników

Table 13. Fertility of ewes and number of lambs born according to investigated factors

Efekt Effect	PLOD		LJU	
	OR	95% CL	OR	95% CL
Stado – Flock				
A vs K	2,126	1,594 – 2,835	1,339	1,179 – 1,521
B vs K	1,579	1,167 – 2,135	2,036	1,764 – 2,349
C vs K	0,679	0,519 – 0,888	0,680	0,552 – 0,838
D vs K	0,793	0,620 – 1,014	2,711	2,339 – 3,143
E vs K	1,657	1,179 – 2,327	2,173	1,852 – 2,550
F vs K	1,550	1,077 – 2,231	1,751	1,473 – 2,082
G vs K	0,858	0,723 – 1,019	1,092	0,981 – 1,216
H vs K	0,605	0,507 – 0,721	1,803	1,606 – 2,024
I vs K	0,828	0,648 – 1,057	1,909	1,658 – 2,198
J vs K	0,797	0,662 – 0,960	2,107	1,880 – 2,362
L vs K	0,749	0,635 – 0,883	1,115	1,002 – 1,239
Wiek matki – Age of ewe				
3 vs 2	1,335	1,169 – 1,525	1,462	1,333 – 1,604
4 vs 2	1,914	1,645 – 2,226	2,045	1,863 – 2,246
5 vs 2	2,082	1,772 – 2,447	2,375	2,154 – 2,619
6 vs 2	1,931	1,635 – 2,281	2,647	2,383 – 2,942
≥7 vs 2	1,485	1,295 – 1,703	2,430	2,195 – 2,690
Typ urodzenia – Type of birth				
2 vs 1			1,118	1,055 – 1,186
Typ urodzenia matki maciorki – Type of ewe's mother birth				
2 vs 1			1,142	1,077 – 1,210
Rok wykotu – Year of lambing				
1994 vs 1993	0,718	0,578 – 0,892	1,047	0,893 – 1,228
1995 vs 1993	0,663	0,535 – 0,823	0,973	0,834 – 1,136
1996 vs 1993	0,528	0,429 – 0,650	1,144	0,986 – 1,327
1997 vs 1993	0,544	0,439 – 0,673	0,830	0,714 – 0,965
1998 vs 1993	0,551	0,444 – 0,684	0,988	0,852 – 1,146
1999 vs 1993	0,941	0,737 – 1,200	0,820	0,706 – 0,951
2000 vs 1993	0,835	0,655 – 1,064	0,768	0,660 – 0,893
2001 vs 1993	0,560	0,447 – 0,702	0,831	0,713 – 0,967
2002 vs 1993	0,494	0,395 – 0,618	0,889	0,761 – 1,038
2003 vs 1993	0,751	0,571 – 0,987	0,729	0,617 – 0,861
c	0,701		0,664	

c – powierzchnia pod krzywą ROC
area under ROC curve

Uzyskane wyniki udowodniły, że selekcjonując maciorki na matki przyszłego pokolenia należy zwrócić uwagę na typ urodzenia ich matek. Stwierdzono bowiem nie tylko korzystny wpływ bliźniaczego typu urodzenia samych macio-

rek, ale również bliźniaczego typu urodzenia ich matek na liczbę rodzonych jagniąt ($OR > 1$). Wyznaczone przedziały ufności pozwalają sądzić, iż w przypadku płodności i liczby urodzonych jagniąt w populacji generalnej kierunek zależności powinien być podobny (tab. 13).

Uzyskane rezultaty dotyczące wpływu wieku matek na płodność i liczbę urodzonych jagniąt korespondują z wynikami innych badań [19, 85, 114, 120, 123, 131], w których obserwowano poprawę powyższych wskaźników wraz z wiekiem matek, a potem ich stopniowy spadek. Cytowani autorzy rejestrowali na ogół najłabsze rezultaty płodności i plenności wśród przystępek, co jednak nie zawsze jest regułą. Dowodem tego są badania na maciorkach owcy kamienieckiej, przeprowadzone przez Szczepańskiego i wsp. [169], w których maciorki kocące się po raz pierwszy uzyskały wyższą plenność niż kocące się 3. raz.

Poglądy autorów na temat wpływu typu urodzenia maciorek na ich płodność oraz plenność są podzielone [76, 100, 129, 131, 137]. We wcześniejszych badaniach Piwczyńskiego [129, 131] zaobserwowano, że maciorki urodzone jako jedynaczki charakteryzowały się lepszą płodnością, ale słabszą plennością niż pochodzące z bliźniąt ($p > 0,05$). Kowaliszyn i Mroczkowski [76] wykazali korzystny wpływ bliźniaczego typu urodzenia maciorki na plenność ($p < 0,05$) i płodność ($p > 0,05$). Mroczkowski [100] stwierdził statystycznie istotny wpływ typu urodzenia zarówno na płodność, jak i plenność maciorek, przy czym bardziej korzystne wartości obydwu cech obserwował wśród bliźniaczek.

Kowaliszyn i Mroczkowski [76] badali wpływ typu urodzenia rodziców maciorki na jej wskaźniki rozrodu. Wpływ ten jednak okazał się statystycznie nieistotny. Niedziółka i Pieniak-Lendzion [114] udowodnili natomiast, że wskaźniki rozrodu maciorek rasy berrichone du cher zależą od typu urodzenia matki. Najkorzystniejszymi wynikami plenności charakteryzowały się maciorki pochodzące z bliźniąt, po matkach z ciąży mnogiej, co jest w pełni zgodne z rezultatami uzyskanymi przez autora. Również Pięta [125] stwierdził statystycznie istotny, korzystny wpływ bliźniaczego typu urodzenia matki oraz, niepotwierdzony statystycznie, wpływ bliźniaczego typu urodzenia ojca na plenność córki.

3.5.2. Analiza eksploratywna upadków jagniąt w okresie odchowu

W badaniach własnych stwierdzono, że 9,19% jagniąt nie dożywało do wieku 100 dni, tj. momentu odsadzenia (tab. 4). Upadek jagnięcia jest przykładem cechy wyrażanej w skali binominalnej, z tego też względu statystyczną analizę cechy przeprowadzono za pomocą regresji logistycznej [157]. Badania nad upadkami jagniąt z wykorzystaniem regresji logistycznej prowadzili już Binns i wsp. [20], Nash i wsp. [107], Piwczyński [132], Warren i Mysterud [187]. Wyselekcjonowano następujące zmienne jakościowe, wysoce istotnie związane z upadkami jagniąt: stado, płeć oraz typ urodzenia jagnięcia, wiek matki i rok wykotu. Stwierdzono ponadto wysoce istotne interakcje: stado \times wiek matki oraz stado \times rok wykotu. Wyznaczając grupy referencyjne w trakcie statystycznej analizy upadków jagniąt w okresie odchowu przyjęto te same zasady jak podczas analizy

plodności (stado, wiek matki, rok wykotu). W przypadku płci za grupę referencyjną przyjęto tryczki, natomiast w odniesieniu do typu urodzenia jagnięcia – typ bliźniaczy (wcześniej, przy analizie plodności zmienne nie były rozpatrywane).

Na podstawie oszacowanych ilorazów szans można wnioskować, że prawdopodobieństwo upadku jagnięcia w okresie odchowu było najmniejsze w stadzie K (tab. 14). Ilorazy szans wyznaczone w odniesieniu do pozostałych stad były większe niż 1. Największe prawdopodobieństwo upadku wystąpiło w stadach H i D.

Tabela 14. Upadki jagniąt w okresie odchowu w zależności od badanych czynników
Table 14. Lambs collapse during the rearing period according to investigated factors

Efekt – Effect	OR	95% CL
Stado – Flock		
A vs K	2,243	1,719 – 2,926
B vs K	3,943	3,065 – 5,074
C vs K	7,149	5,414 – 9,440
D vs K	11,386	9,008 – 14,392
E vs K	4,181	3,209 – 5,448
F vs K	3,291	2,443 – 4,432
G vs K	3,567	2,843 – 4,476
H vs K	11,671	9,380 – 14,520
I vs K	2,287	1,696 – 3,083
J vs K	2,672	2,106 – 3,391
L vs K	1,629	1,281 – 2,072
Płeć – Sex		
♀ vs ♂	0,841	0,779 – 0,908
Typ urodzenia – Type of birth		
1 vs 2	0,395	0,363 – 0,430
Wiek matki – Age of dam		
3 vs 2	0,686	0,598 – 0,786
4 vs 2	0,730	0,638 – 0,835
5 vs 2	0,807	0,707 – 0,922
6 vs 2	0,830	0,723 – 0,952
≥7 vs 2	1,082	0,957 – 1,222
Rok wykotu – Year of lambing		
1994 vs 1993	1,044	0,857 – 1,274
1995 vs 1993	1,920	1,601 – 2,301
1996 vs 1993	1,571	1,305 – 1,890
1997 vs 1993	1,791	1,485 – 2,159
1998 vs 1993	1,628	1,343 – 1,974
1999 vs 1993	1,692	1,397 – 2,049
2000 vs 1993	1,451	1,186 – 1,775
2001 vs 1993	2,038	1,688 – 2,460
2002 vs 1993	2,651	2,203 – 3,190
2003 vs 1993	2,535	2,083 – 3,084
c		0,758

Badania wykazały, że prawdopodobieństwo upadku jarki było mniejsze niż tryczka ($OR < 1$), natomiast szansa upadku jedynaka była blisko 3 razy mniejsza niż jagnięcia pochodzącego z wykotów mnogich.

Jagnięta urodzone przez matki w wieku od 3 do 6 roku życia miały mniejszą szansę upadku niż potomstwo przystępek. Tylko w grupie potomstwa matek najstarszych, tj. będących w wieku 7 i więcej lat, szansa upadku była wyższa niż w grupie potomstwa przystępek. Analizując jednak przedział ufności odnoszący się do porównania matek najmłodszych i najstarszych, można wnioskować, że w populacji generalnej dopuszczalna jest sytuacja zarówno słabszej, jak i lepszej przeżywalności jagniąt po matkach najstarszych w porównaniu z przystępkami. W kolejnych badanych latach zwiększała się szansa upadku jagniąt. W latach 2001-2003 była ona dwukrotnie większa niż w roku 1993 ($OR > 2$). Wyłonione w trakcie selekcji krokowej zmienne pozwalają skonstruować model regresji, który umożliwiłoby dobre wyjaśnienie zmienności upadków jagniąt; wskazuje na to wartość statystyki „c” (około 0,8) (tab. 14).

Częstość upadków jagniąt może zmieniać się w zależności od wielu czynników, m.in. od stada [132, 175, 187] czy też roku urodzenia [114, 129, 131, 187]. Niejednoznaczne są wyniki dotyczące wpływu płci na częstotliwość upadków jagniąt [27, 115, 163, 175, 187]. Rezultaty badań wykonanych przez Cloete i wsp. [27], Niżnikowskiego i Rant [115] są zgodne z uzyskanymi w niniejszej pracy. Z kolei Szymanowska [175], Southey i wsp. [163] oraz Warren i Mysterud [187] obserwowali częstsze upadki wśród tryczków. W prezentowanych w literaturze przedmiotu pracach autorzy zgodnie stwierdzają, że upadki częściej zdarzają się wśród bliźniąt niż jedynaków [20, 27, 115, 175, 187]. Wpływ wieku matek na śmiertelność jagniąt nie jest jednak do końca jednoznaczny. Szczepański i wsp. [169] wykazali, że jagnięta rasy charolaise urodzone przez przystępki charakteryzowały się lepszą przeżywalnością aniżeli potomstwo matek koczujących się po raz 2 i 3. Gut i wsp. [53] w badaniach obejmujących rasę merynos polski zaobserwowali również najmniejszą śmiertelność jagniąt wśród potomstwa przystępek. Jednak w odniesieniu do innych grup rasowych ci sami autorzy [53], podobnie jak i większość innych [27, 33, 114, 123, 129, 131] wskazują, że właśnie przystępki najslabiej odchowują swoje potomstwo. Waren i Mysterud [187] sugerują, że źródłem większej śmiertelności jagniąt przystępek może być niższa masa urodzeniowa aniżeli jagniąt będących potomstwem wieloródek.

3.5.3. Analiza eksploratywna liczby jagniąt odchowanych

W materiałach publikowanych corocznie przez PZO podawana jest informacja o użytkowości rozplodowej matek [60]. Wskaźnik użytkowości rozplodowej oblicza się dzieląc liczbę wszystkich jagniąt odchowanych w stadzie przez liczbę wszystkich matek stanowiących, wynik wyrażany jest w procentach. W prowadzonych badaniach, podobnie jak we wcześniejszych Kowalyszyn i Mroczkowskiego [76] oraz Piwczyńskiego [131], analizowano analogiczny wskaźnik, ale odnoszący się do indywidualnej użytkowości maciorki w jednym sezonie rozplodowym (tab. 15).

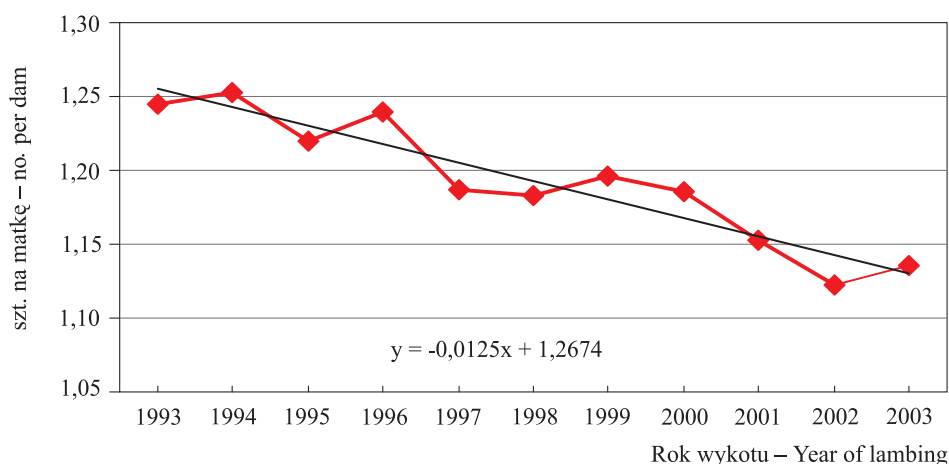
Tabela 15. Liczba jagniąt odchowanych w zależności od badanych czynników
 Table 15. Number of reared lambs according to investigated factors

Poziom – Level	LSM	SE
Stado – Flock		
A	1,263	0,015
B	1,273	0,018
C	1,030	0,027
D	1,162	0,019
E	1,287	0,023
F	1,277	0,023
G	1,092	0,011
H	1,071	0,013
I	1,265	0,019
J	1,285	0,014
K	1,140	0,011
L	1,165	0,010
Wiek maciorki – Age of ewe		
2	1,040	0,010
3	1,146	0,011
4	1,228	0,011
5	1,264	0,013
6	1,269	0,015
≥7	1,208	0,016
Typ urodzenia maciorki – Type of ewe's birth		
1	1,174	0,007
2	1,211	0,007
Typ urodzenia matki maciorki – Type of ewe's mother birth		
1	1,176	0,007
2	1,209	0,006

Liczba odchowanego potomstwa jest w wielu krajach cechą selekcyjowaną [40, 56, 57]. W porównaniu z plennością maciorki (liczbą jagniąt urodzonych przez maciorkę wykończoną) liczba jagniąt odchowanych dużo lepiej odzwierciedla zdolność reprodukcyjną osobnika w danym sezonie rozplodowym [65]. Jest to bowiem cecha złożona, będącą konsekwencją płodności matki, liczby urodzonych jagniąt oraz ich odchovu.

W celach porównawczych wykonano analizę wariancji równoległe na ciesz transformowanej probitowo i nie poddanej wcześniejszej transformacji. Wyniki obydwu analiz dały identyczne wyniki, tj. wskazały, że czynnikami odpowiedzialnymi za zmienność liczby jagniąt odchowanych są: stado, wiek matki, typ urodzenia maciorki i jej matki, interakcja stado×wiek matek i stado × rok wykotu. W celu ułatwienia interpretacji wyników w tabeli 15 umieszczono średnie najmniejszych kwadratów zmiennej niетransformowanej.

W jednej połowie analizowanych stad liczba jagniąt odchowanych była niższa aniżeli 1,2 sztuki (C, D, G, H, K, L), w drugiej zaś przekraczała 1,25 (tab. 15). Komentarza wymaga wyjątkowo niska (1,162) liczba jagniąt odchowanych w stadzie D. Wcześniej wykazano (tab. 13), że stado to charakteryzowało się największą plennością (liczbą jagniąt urodzonych przez matkę wykoconą). Niestety liczne upadki jagniąt w stadzie wpłynęły na niską liczbę jagniąt odchowanych (tab. 14). Zaobserwowano, że liczba ta zwiększała się wraz z wiekiem matek, osiągając wartość maksymalną w grupie matek sześciolletnich. Przystępki oraz matki w wieku 3 lat ustępowały statystycznie większości grup matek starszych. Typ urodzenia maciorek oraz ich matek różnicował statystycznie – na korzyść bliźniaczek – liczbę jagniąt odchowanych. Uzyskane wyniki potwierdzają zatem, podobnie jak w przypadku plenności (tab. 13), znaczenie bliźniaczego typu urodzenia w kształtowaniu zmienności cech rozrodu i randze, jaką należy nadać temu czynnikowi w trakcie prowadzonej selekcji. Niepokojąca jest niestety ogólna tendencja do spadku liczby odchowywanych jagniąt w kolejnych latach (rys. 18).



Rys. 18. Liczba jagniąt odchowanych w zależności od roku wykotu
Fig. 18. Number of reared lambs according to the year of lambing

Liczba odchowanego potomstwa od matki stanowionej jest efektem jej płodności, plenności i zdolności macierzyńskich, stąd też zależy na ogół od tych samych czynników co pozostałe analizowane cechy rozrodu. Podobne do uzyskanych rezultatów są spostrzeżenia innych autorów dotyczące wpływu stada [77, 129, 131], wieku matek [53, 114, 131, 169], typu urodzenia maciorki [100, 129, 131] oraz roku badań [114, 129] na liczbę odchowanych jagniąt (użytkowość rozplodową). W pracy stwierdzono ponadto statystycznie istotny wpływ typu urodzenia matki maciorki na liczbę jagniąt urodzonych. Kowalyszyn i Mroczkowski [76], którzy badali zmienność użytkowości rozplodowej matek w zależności od typu urodzenia rodziców kocącej się maciorki nie stwierdzili natomiast, aby był to wpływ istotny statystycznie.

3.5.4. Analiza genetyczna liczby jagniąt urodzonych i odchowanych

Otrzymane za pomocą modeli liniowych wskaźniki odziedziczalności i powtarzalności liczby jagniąt urodzonych oraz odchowanych były niższe od wyników uzyskanych za pomocą modelu progowego (tab. 16). Z kolei parametry oszacowane za pomocą metody REML i GS przy użyciu modelu liniowego były do siebie podobne. Przekształcenie wskaźnika odziedziczalności oszacowanego metodą REML na skalę ciągłą (h_x^2) spowodowało, iż otrzymano wyniki są w dużej mierze zbliżone do stwierdzonych za pomocą modelu progowego.

Tabela 16. Estymatory komponentów ko(wariancji), odziedziczalności i powtarzalności liczby jagniąt urodzonych i odchowanych

Table 16. Estimates of (co)variances components, heritability and repeatability of number of lambs born and reared

Estymator Estimate	Metoda i model szacowania – Estimation method and model					
	REML LM		GS LM		GS TM	
	LJU	LJO	LJU	LJO	LJU	LJO
σ_a^2	0,014	0,011	0,013	0,011	0,129	0,060
SE σ_a^2	0,003	0,004	0,002	0,002	0,023	0,011
σ_{pe}^2	0,010	0,010	0,010	0,009	0,099	0,053
SE σ_{pe}^2	0,003	0,004	0,002	0,024	0,021	0,011
σ_e^2	0,194	0,261	0,194	0,261	1,000 (0,180)	1,000 (0,181)
SE σ_e^2	0,003	0,005	0,002	0,003	0,031	0,162
σ_p^2	0,217	0,281	0,217	0,281	1,228	1,113
h^2	0,063	0,039	0,060	0,039	0,105	0,054
r^2	0,107	0,074	0,106	0,071	0,186	0,102
h_x^2	0,103	0,049				

(.) – wariancje błędu przed przeliczeniem
error variances before calculation

Odziedziczalność liczby jagniąt urodzonych i liczby jagniąt odchowanych oszacowana metodami REML i GS wyniosła odpowiednio 0,060-0,105 oraz 0,039-0,054. Można więc przypuszczać, że fenotyp tych cech jest w małym stopniu uzależniony od założeń genetycznych. Stwierdzone w badaniach wskaźniki odziedziczalności oraz powtarzalności obydwu cech, oszacowane na podstawie modelu progowego, są podobne do wartości prezentowanych w literaturze fachowej przedmiotu [2, 23, 56, 57, 63, 69, 120, 147, 182]. Wyższe wartości

wskaźników odziedziczalności liczby jagniąt urodzonych (0,27) i odsadzonych (0,42) uzyskali Snyman i wsp. [160] w badaniach na owcach rasy Carnarvon Afrino. Niżnikowski i wsp. [115, 116] również stwierdzili nieco wyższą odziedziczalność liczby jagniąt urodzonych (0,130-0,149) i odchowanych (0,034-0,086) niż wykazana w badaniach własnych. Odziedziczalność oszacowana w odniesieniu do liczby jagniąt urodzonych była wyższa niż w odniesieniu do liczby jagniąt odchowanych, co jest zgodne z wynikami licznych badań [2, 23, 56, 57, 78, 93, 115, 116, 120, 122, 130, 147, 154, 162, 182]. Może to sugerować, że selekcja na plenność powinna być bardziej skuteczna.

Wielu autorów [1, 63, 94, 162, 186] zajmowało się porównaniem szacunków odziedziczalności uzyskanych za pomocą modeli liniowych i progowych. Wyniki badań własnych potwierdzają rezultaty badań cytowanych autorów, tj. wyższe wartości szacunków wyznaczonych modelem progowym niż liniowym [1, 63, 94, 121, 162]. W badaniach Abdel-Azima i Bergera [1], Jorgensena [63], Olesen i wsp. [121], Sousy i wsp. [162], Vatankhaha i wsp. [182] stwierdzono, że szacunki otrzymane za pomocą modeli progowych były około lub ponad dwukrotnie większe niż liniowych.

Decyzja o wyborze modelu liniowego bądź progowego w celu oszacowania komponentów wariancji może być podjęta w oparciu o miary jakości modeli. Kadamideen [65] stwierdził, że szacunki uzyskane za pomocą modelu progowego mają zazwyczaj wyższy błąd standardowy. Również Olesen i wsp. [121] dokonali analizy genetycznej liczby urodzonych jagniąt za pomocą modelu liniowego i progowego. Wykazali, że miary jakości modelu (MSE oraz współczynnik korelacji między rzeczywistymi a prognozowanymi wartościami) oraz zdolność prognozowania (*predictive ability*) były podobne w przypadku modelu liniowego i progowego (komponent ojcowski). Z kolei Abdel-Azim i Berger [1] oraz Matos i wsp. [95], porównując dokładność szacunków wykonanych z wykorzystaniem dwóch różnych modeli za pomocą miar takich jak MSE i *predictive ability*, stwierdzili, że były one zbliżone lub nieco bardziej korzystne w przypadku modelu progowego. Abdel-Azim i Berger [1] wykazali, że wzrost liczby kategorii wartości cechy poprawia dokładność szacunku.

Biorąc pod uwagę względne błędy standardowe oszacowanych komponentów genetycznych (σ_a^2 i σ_{pe}^2) w przypadku obydwu modeli, można wnioskować, że szacunki uzyskane za pomocą metody GS były obciążone mniejszym błędem niż REML (tab. 16). Spostrzeżenie to dotyczyło obydwu cech. Warto jest zwrócić uwagę na niższe wariancje błędu w przypadku modeli progowych w stosunku do liniowych (liczba jagniąt urodzonych: 0,180 i odchowanych: 0,181), co może sugerować, że modele progowe wyjaśniają większą część zmienności ogólnej niż liniowe [94, 121].

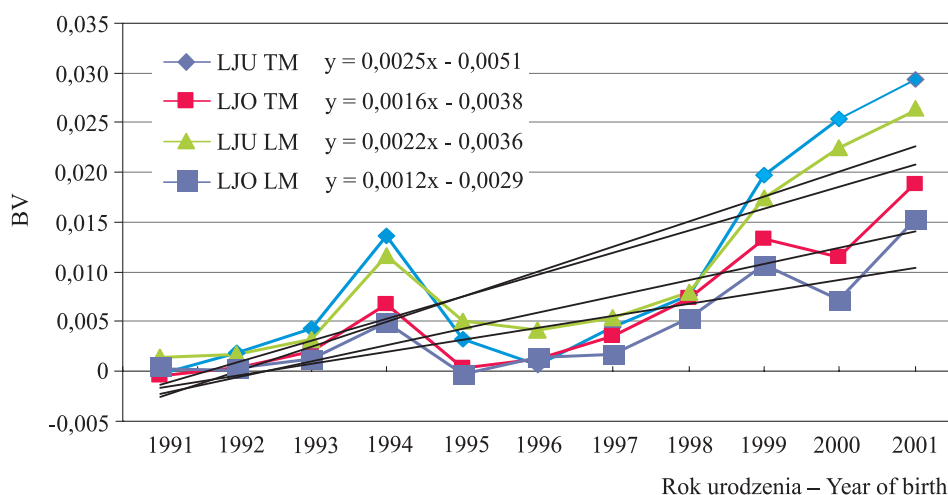
W literaturze przedmiotu wyraża się na ogół zgodne opinie co do tego, że uszeregowanie oszacowanych wartości hodowlanych za pomocą modeli liniowych i progowych jest bardzo do siebie zbliżone [46, 158], a czasami wręcz identyczne ($r_s = 1$) [63, 162]. W badaniach własnych stwierdzono bardzo wyso-

kie, istotne zależności ($p < 0,001$) pomiędzy uszeregowaniem zwierząt uzyskanym za pomocą modeli liniowych i modelu progowego w odniesieniu do liczby jagniąt urodzonych i liczby odchowanych (tab. 17). Współczynniki korelacji rang zbliżone były do 1. Nieznacznie wyższe wskaźniki korelacji uzyskano w przypadku liczby jagniąt odchowanych, co można tłumaczyć większą liczbą kategorii tej cechy (4) w porównaniu z liczbą jagniąt urodzonych (3). Uzyskane w badaniach wyniki korespondują z przedstawionymi przez innych autorów [46, 63, 158, 162] i pozwalają wnioskować, że w celu uszeregowania zwierząt w zakresie wartości hodowlanych omawianych cech mogą być wykorzystywane zarówno modele liniowe, jak i progowe. Istotne znaczenie ma natomiast rodzaj modelu zastosowany w odniesieniu do wartości szacowanych parametrów.

Tabela 17. Korelacje rangowe między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt oszacowanych za pomocą metody BLUP oraz modeli liniowych i progowych
Table 17. Rank correlations between ranking breeding values of animals estimated using BLUP method and linear and threshold models

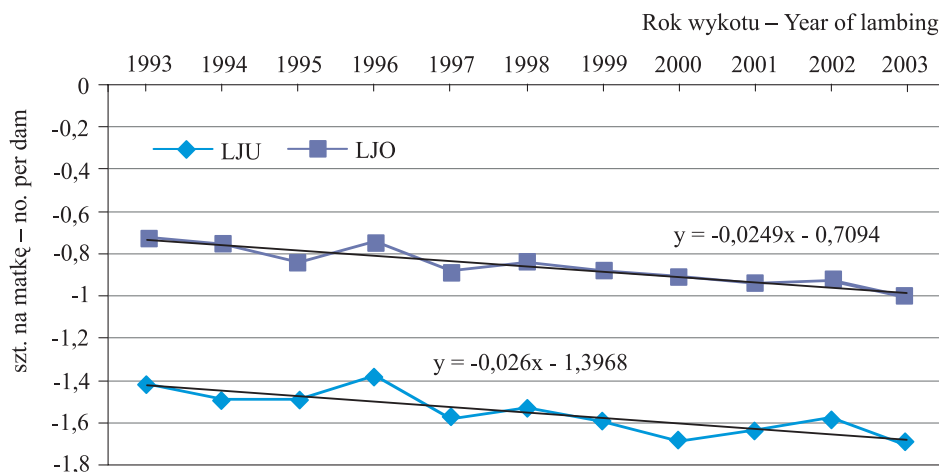
Metoda i model Method and model	LJU		LJO	
	GS LM	GS TM	GS LM	GS TM
REML LM	0,999	0,996	0,999	0,999
GS LM		0,996		0,999

Znajomość trendów genetycznych pozwala ocenić efektywność programu hodowlanego. Na rysunku 19 przedstawiono oszacowania wynikające zarówno z modelu liniowego (komponenty wariancji pochodzące z oszacowań metodą REML), jak i progowego.



Rys. 19. Trendy genetyczne w zakresie liczby jagniąt urodzonych i odchowanych
Fig. 19. Genetic trends for the number of lambs born and reared

Wartość hodowlana liczby jagniąt urodzonych i odchowanych wykazywała tendencję rosnącą, jednak współczynniki regresji okazały się wyjątkowo niskie. Nieznacznie wyższe współczynniki regresji zaobserwowano w przypadku szacunków za pomocą modelu progowego. Z kolei trendy środowiskowe obydwu cech były ujemne (rys. 20).



Rys. 20. Trendy środowiskowe w zakresie liczby jagniąt urodzonych i odchowanych
Fig. 20. Environmental trends for the number of lambs born and reared

3.5.5. Analiza eksploratywna masy miotu w wieku 56 dni

Na podstawie analizy wariancji stwierdzono, że istotne źródło zmienności masy miotu stanowią: stado, typ urodzenia maciorki i jej matki, wiek matki, rok wykotu, stado \times wiek matki i stado \times rok wykotu (tab. 5).

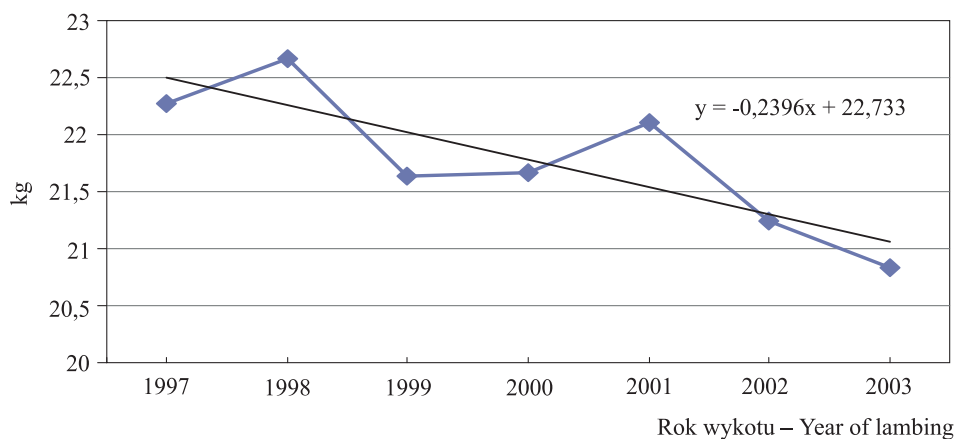
Rozpatrując wpływ stada na masę miotu wykazano, że mioty o najwyższej masie (> 23 kg) pochodziły ze stad B, J oraz F, a najlżejsze – ze stad C, K, A (< 21 kg) (tab. 18). Biorąc z kolei pod uwagę wiek matek stwierdzono, że najsłabsze rezultaty uzyskiwały przystępki. Masa miotu zwiększała się do szóstego roku życia, co jest zgodne z tendencją zaobserwowaną przez Rant i wsp. [143] w badaniach na owcach rasy żelaźnieńskiej.

W badaniach własnych wykazano, że mioty matek pochodzących z urodzeń bliźniaczych przewyższały pod względem masy mioty jedynaczek (tab. 18). Autor [135] we wcześniejszych badaniach na maciorkach merynosowych i mieszańcach z rasą suffolk oceniał wpływ typu urodzenia na masę miotu w wieku 28 dni, jednak wpływ ten nie został potwierdzony statystycznie.

W badaniach zaobserwowano niekorzystną tendencję do obniżania się masy miotu w kolejnych latach wykotów (rys. 21).

Tabela 18. Masa miotu w wieku 56 dni w zależności od badanych czynników
 Table 18. Litter weight at the age of 56 days according to investigated factors

Poziom – Level	n	LSM	SE
Stado – Flock			
A	905	20,74	0,29
B	712	25,10	0,29
C	397	19,75	0,38
D	481	21,56	0,35
E	501	21,38	0,34
F	474	23,14	0,34
G	1610	21,68	0,19
H	1297	20,67	0,21
I	491	21,84	0,37
J	1067	24,20	0,29
K	1013	20,45	0,24
L	1341	20,79	0,27
Typ urodzenia – Type of birth			
1	4613	21,60	0,12
2	5676	21,95	0,11
Wiek maciorki – Age of ewe			
2	1274	19,13	0,27
3	1798	20,93	0,19
4	1799	22,51	0,20
5	1766	22,70	0,20
6	1453	23,01	0,23
≥7	2199	22,36	0,20



Rys. 21. Masa miotu w wieku 56 dni w zależności od roku urodzenia
 Fig. 21. Litter weight at the age of 56 days according to the year of birth

3.5.6. Analiza genetyczna masy miotu w wieku 56 dni

W krajowej literaturze przedmiotu brakuje informacji na temat genetycznej zmienności masy miotu w wieku 56 dni, co skłoniło autora do podjęcia badań w tym kierunku. Oszacowane wskaźniki odziedziczalności znajdowały się na niskim poziomie, poniżej 0,06 (tab. 19).

Tabela 19. Estymatory komponentów wariancji, odziedziczalności i powtarzalności masy miotu

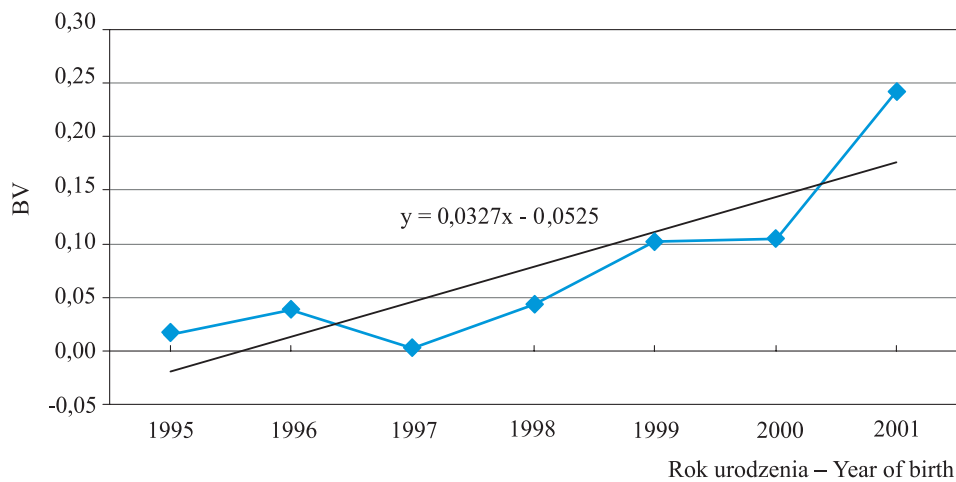
Table 19. Estimates of variance components, heritability and repeatability of litter weight

Estymator – Estimate	Metoda – Method	
	REML LM	GS LM
σ_a^2	2,857	2,792
SE σ_a^2	0,546	0,638
σ_{pe}^2	2,184	2,233
SE σ_{pe}^2	0,581	0,696
σ_e^2	45,350	46,393
SE σ_e^2	0,769	0,779
σ_p^2	50,391	51,418
h^2	0,057	0,054
r^2	0,100	0,098
r_s	0,999	

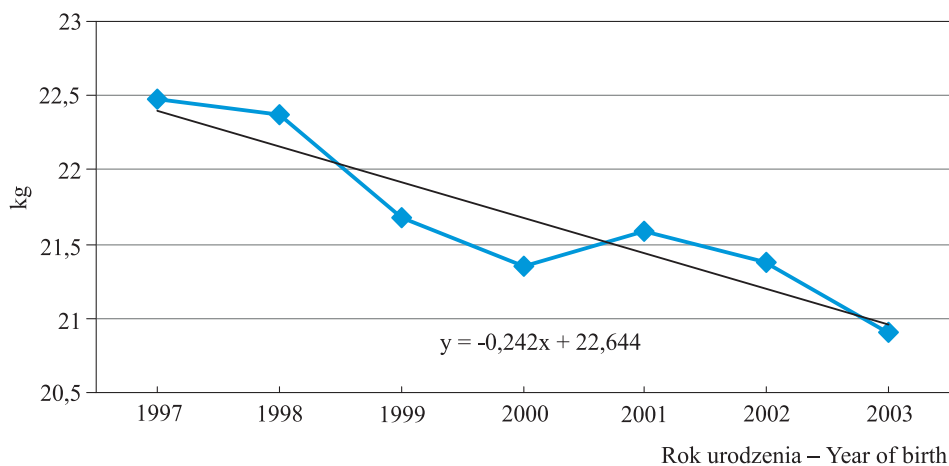
współczynnik korelacji rang między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt uzyskanych za pomocą metody BLUP wykonanej w oparciu o komponenty wariancji oszacowane metodami REML i GS

r_s – rank correlation coefficient between ranking of breeding values of animals obtained using the BLUP method based on variance components estimated with the REML and GS methods

Powtarzalność cechy osiągnęła wynik zbliżony do 0,1. Wyższe wartości szacowanych parametrów uzyskano za pomocą metody REML niż GS, a komponenty wariancji wykorzystane przy ich obliczeniu były obciążone mniejszym błędem standardowym. W badaniach stwierdzono pozytywny trend genetyczny, który wyniósł 0,033 kg na rok (rys. 22) i ujemny trend środowiskowy, równy – 0,242 kg na rok (rys. 23). Wykazano ponadto, że korelacja między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt, uzyskanych na podstawie oszacowań wariancji przeprowadzonych metodą REML i GS, była zbliżona do jedności (tab. 19).



Rys. 22. Trendy genetyczne masy miotu w wieku 56 dni
 Fig. 22. Genetic trends for litter weight at the age of 56 days



Rys. 23. Trendy środowiskowe masy miotu w wieku 56 dni
 Fig. 23. Environmental trends for litter weight at the age of 56 days

Wartości otrzymanych oszacowań odziedziczalności masy miotu były zbliżone ze stwierdzonymi przez Bromley i wsp. [23] (0,02-0,11), ustępowały zaś uzyskanym przez Matkę i wsp. [92] (0,12), w obydwu przypadkach badania dotyczyły masy miotu w wieku 120 dni. Wyższą odziedziczalność masy miotu przy odsadzeniu (0,11) stwierdzili również Rosati i wsp. [147]. Wyraźnie wyższe wartości odziedziczalności (0,013-0,25) i powtarzalności (0,11-0,22) w porównaniu z wykazanymi w badaniach własnych stwierdzili Abdulkhaliq i wsp. [2] w odniesieniu do masy miotu w wieku 90 dni dla owiec Targhee, Columbia i Suffolk. Trzeba jednak zauważyć, że szacunków dokonano za pomocą metody najmniejszych kwadratów z losowym efektem ojca [2].

3.5.7. Analiza genetyczna liczby jagniąt urodzonych i masy miotu za pomocą modeli dwucechowych

W tabeli 20 przedstawiono m.in. szacunki odziedziczalności oraz powtarzalności uzyskane za pomocą modeli jedno- i dwucechowych w zakresie liczby jagniąt urodzonych (model progowy) i masy miotu (model liniowy).

Tabela 20. Estymatory komponentów (ko)wariancji, odziedziczalności i powtarzalności liczby jagniąt urodzonych i masy miotu

Table 20. Estimates of (co)variance components, heritability and repeatability for number of lambs born and litter weight

Estymator Estimate	Model jednocechowy Univariate model		Dwucechowy model liniowo-liniowy Bivariate linear-linear model			Dwucechowy model progowo-liniowy Bivariate threshold-linear model		
	TM	LM	LJU	MIOT56	cov	LJU	MIOT56	cov
	LJU	MIOT56						
σ_a^2	0,133	2,811	0,014	2,790	0,151	0,116	2,925	
SE σ_a^2	0,027	0,804	0,005	0,692	0,041	0,030	0,670	
σ_{pe}^2	0,136	2,251	0,015	2,286	0,143	0,126	2,327	
SE σ_{pe}^2	0,031	0,698	0,005	0,730	0,044	0,035	0,733	
σ_e^2	1,000 (0,172)	45,85	0,199	45,840	1,970	1,000 (0,152)	45,790	
SE σ_e^2	0,034	0,785	0,006	0,796	0,052	0,038	0,751	
σ_p^2	1,269	50,912	0,228	50,916		1,242	51,042	
h^2	0,105	0,055	0,062	0,055		0,093	0,057	
r'	0,212	0,099	0,128	0,100		0,195	0,103	
r_g					0,757			0,723
r_p					0,664			0,674
r_s			0,991	1,000				

cov – kowariancja
covariance

(.) – wariancje błędu przed przeliczeniem
error variances before calculation

r_s – zależności między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt oszacowanych za pomocą modelu liniowo-liniowego i progowo-liniowego
correlations between ranking of breeding values of animals estimated using the linear-linear and threshold-linear model

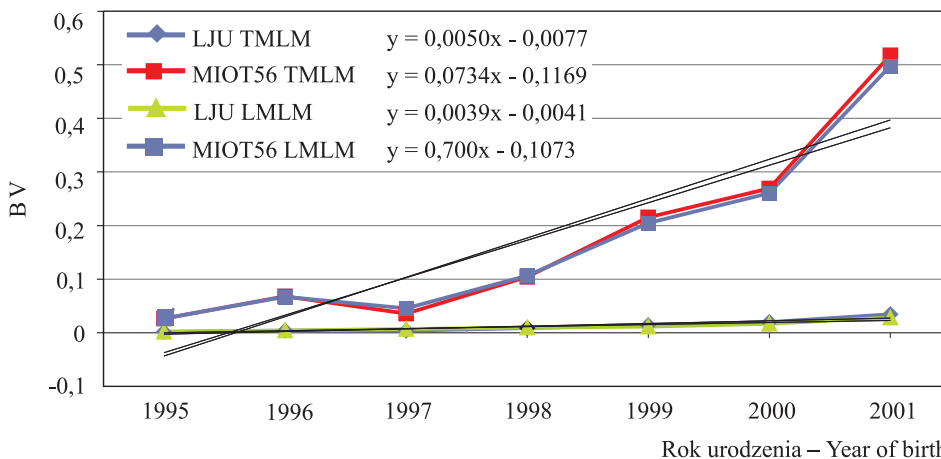
Stwierdzono, że wartości odziedziczalności i powtarzalności liczby urodzonych jagniąt, oszacowane za pomocą modeli liniowych, jedno- i dwucecho-

wych, były niższe w porównaniu z uzyskanymi za pomocą modelu progowo-liniowego (tab. 20). Odziedziczalność liczby jagniąt urodzonych – oszacowana dwucechowym modelem progowo-liniowym – była o 0,012, zaś powtarzalność o 0,017 niższa aniżeli stwierdzona za pomocą jednocechowego modelu progowego. Wskaźniki odziedziczalności i powtarzalności masy miotu oszacowane modelem progowo-liniowym były zbliżone do otrzymanej za pomocą jedno- i dwucechowego modelu liniowego.

Zaobserwowano, że błędy standardowe oszacowanych (ko)wariancji, podobnie jak wariancje błędów cech progowych, wyrażone w stosunku do oszacowanych komponentów genetycznych (σ_a^2 i σ_{pe}^2), były niższe w przypadku modelu jedno- i dwucechowego niż względne błędy oszacowań wykonanych za pomocą modelu liniowego (tab. 20).

Zastosowane modele dwucechowe pozwoliły na uzyskanie wysokich korelacji genetycznych oraz fenotypowych między liczbą urodzonych jagniąt a masą miotu. Wysokie i dodatnie korelacje genetyczne między badanymi cechami pozwalają wnioskować, że selekcja prowadzona na masę miotu może skutecznie poprawić wartość genetyczną populacji w zakresie liczby jagniąt urodzonych. Podobne genetyczne zależności między powyższymi cechami (0,42-0,65) stwierdzili Bromley i wsp. [23]. Wyraźnie niższą korelację genetyczną ($r_g = 0,12$) między liczbą jagniąt urodzonych a masą miotu przy odsadzeniu odnotowali Rosati i wsp. [147].

Tendencje zmian wartości genetycznej populacji, wyznaczone za pomocą modeli liniowo-liniowego i progowo-liniowego, zaprezentowano na rysunku 24.



Rys. 24. Trendy genetyczne w zakresie liczby urodzonych jagniąt oraz masy miotu w zależności od modelu szacowania: TMLM – model progowo-liniowy, LMLM – model liniowo-liniowy

Fig. 24. Genetic trends for number of lambs born and litter weight according to the estimation model: TMLM – threshold-linear model, LMLM – linear-linear model

Współczynniki regresji liczby jagniąt urodzonych ustalone za pomocą tych modeli były podobne w zakresie obydwu cech.

Obliczone współczynniki korelacji rangowych między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt w zakresie liczby jagniąt urodzonych oszacowane za pomocą różnych modeli dwucechowych były wysokie (0,991) (tab. 20). Uszeregowanie osobników pod względem masy miotu ustalone na podstawie analizowanych modeli – było praktycznie identyczne (tab. 20). Stwierdzono również bardzo silną zależność ($> 0,98$) między uszeregowaniem wartości hodowlanych oszacowanych z użyciem modelu dwucechowego progowo-liniowego w zakresie liczby jagniąt urodzonych i masy miotu a uszeregowaniem otrzymanym po zastosowaniu modeli jednocechowych (tab. 21).

Tabela 21. Zależności między uszeregowaniem wartości hodowlanych (BLUP) zwierząt oszacowanych za pomocą modeli jedno- i dwucechowych (r_s)

Table 21. Correlations between ranking of breeding values (BLUP) of animals estimated using univariate- and bivariate models (r_s)

Cecha/Model – Trait/Model		Dwucechowe – Bivariate	
		LJU / TMLM	MIOT56 / TMLM
Jednocechowe – Univariate	LJU / TM	0,986	
	MIOT56 / LM		0,988

TMLM – model progowo-liniowy
threshold-linear model

3.6. WSKAŹNIKI ŻYCIOWEJ UŻYTKOWOŚCI REPRODUKCYJNEJ MACIOREK

3.6.1. Analiza eksploratywna

Życiowe wskaźniki użytkowości reprodukcyjnej opracowano statystycznie na podstawie wieloczynnikowej analizy wariancji, podobnie jak Kałuża [67] oraz Pięta [125] i Piwczyński [129]. Wykazano statystyczny wpływ stada, grupy wiekowej (przystępki i wieloródki) oraz interakcji stado \times rok urodzenia na wszystkie badane cechy rozrodu (tab. 5). Typ urodzenia maciorki oraz jej matki wpłynął statystycznie istotnie na przeciętną życiową liczbę jagniąt urodzonych i odchowanych, zaś rok urodzenia na płodność, procent odchovu i liczbę jagniąt odchowanych. W tabeli 22 przedstawiono średnie najmniejszych kwadratów badanych cech rozrodu. Największą życiową płodność stwierdzono w stadzie A. W 3 stadach (B, E, F) wskaźnik ten zawierał się w przedziale 91,85-92,82%. W 7 stadach płodność była niższa aniżeli 90%. Największą liczbę jagniąt urodzonych odnotowano w stadach: D (1,44), następnie B, J, E (1,30-1,36). W jednym stadzie (C) liczba urodzonych jagniąt wyniosła tylko 1,11 szt. na matkę.

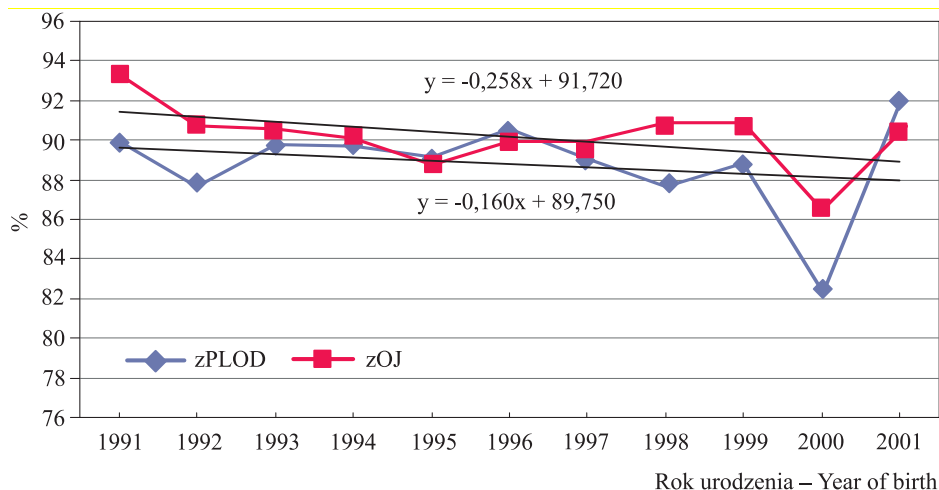
Tabela 22. Życiowe wskaźniki reprodukcji w zależności od badanych czynników (LSM±SE)

Table 22. Lifetime reproduction indices according to investigated factors (LSM±SE)

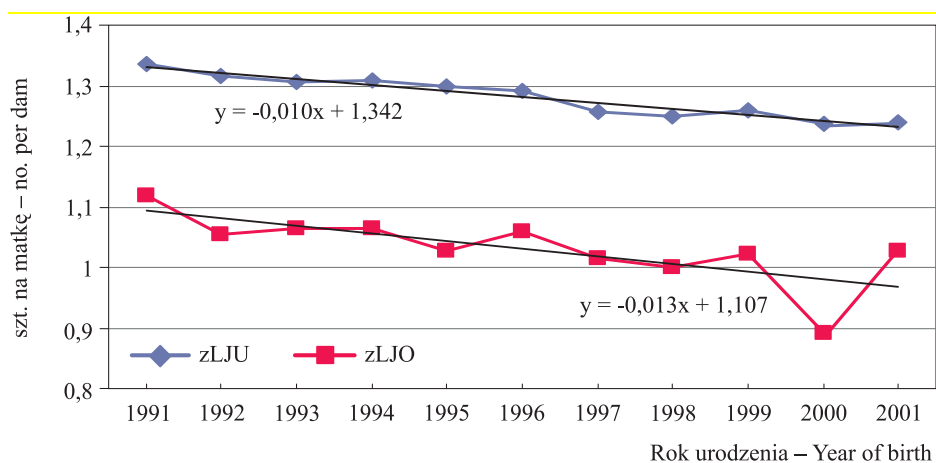
Czynnik – Factor	n	zPŁOD	zLJU	zOJ	zLJO
Stado – Flock					
A	358	94,02±1,20	1,276±0,018	95,83±1,08	1,156±0,023
B	246	92,49±1,41	1,360±0,021	89,90±1,27	1,141±0,027
C	167	87,91±1,69	1,111±0,025	90,47±1,53	0,884±0,033
D	260	87,85±1,35	1,439±0,021	81,33±1,23	1,019±0,026
E	224	92,82±1,45	1,337±0,022	90,66±1,31	1,130±0,028
F	177	91,85±1,64	1,295±0,025	92,76±1,48	1,106±0,032
G	1074	88,83±0,70	1,232±0,011	87,68±0,64	0,963±0,014
H	756	83,05±0,81	1,295±0,013	79,13±0,76	0,849±0,016
I	358	86,97±1,15	1,302±0,018	93,10±1,07	1,061±0,022
J	602	84,26±0,93	1,347±0,015	93,44±0,87	1,079±0,018
K	768	87,31±0,82	1,164±0,013	92,74±0,76	0,954±0,016
L	955	88,16±0,79	1,228±0,012	95,05±0,72	1,033±0,015
Liczba wykotów – Number of lambings					
1	986	84,93±0,74	1,238±0,012	88,62±0,72	0,936±0,014
>1	4959	93,65±0,38	1,326±0,006	91,73±0,34	1,126±0,007
Typ urodzenia maciorki – Type of ewe birth					
1	2658	88,93±0,53	1,273±0,008	90,27±0,49	1,026±0,011
2	3287	88,66±0,51	1,292±0,008	90,07±0,47	1,036±0,010
Typ urodzenia matki maciorki – Type of ewe's mother birth					
1	2459	92,34±0,50	1,310±0,010	91,55±0,46	1,110±0,009
2	3486	92,92±0,46	1,340±0,010	91,77±0,42	1,151±0,009

Liczba odchowanego potomstwa od matki pokrytej wahała się w badanych stadach w przedziale 0,85-1,16. Najlepsze rezultaty pod tym względem uzyskały maciorki ze stad A oraz L (około 5% upadków). W stadzie H procent upadków wyniósł blisko 20,87, zaś w stadzie D kształtował się na poziomie 18,67. Wykazano korzystny, statystycznie istotny wpływ bliźniaczego typu urodzenia maciorki oraz jej matki na życiową, przeciętną liczbę jagniąt urodzonych i odchowanych. Wpływ ten potwierdzono również wcześniej, analizując kolejne sezony produkcyjne (tab. 13, 15). Zaistniała sytuacja może być spowodowana segregacją pojedynczego genu w populacji. Konieczne więc wydaje się prowadzenie dalszych badań z tego zakresu. Płodność maciorek kolejnych roczników była na ogół do siebie zbliżona (rys. 25). Maciorki z roczników 1991-1994 rodziły w miocie przeciętnie powyżej 1,3 jagniąt w miocie (rys. 26). W kolejnych rocznikach wskaźnik ten wahał się w przedziale 1,228-1,299 szt. na miot. Najmniejszy odsetek upadków stwierdzono wśród jagniąt urodzonych przez matki z rocznika 1991, zaś największy – w przypadku rocznika 2000. Różnica między tymi dwoma rocznikami wyniosła 6,88%. Podobna tendencja dotyczyła przeciętnej

liczby jagniąt odchowanych w miocie: najwyższą charakteryzowały się maciorki z rocznika 1991, a najniższą – z rocznika 2000 (rys. 26).



Rys. 25. Płodność i odchów jagniąt w zależności od roku urodzenia
Fig. 25. Fertility and rearing of lambs according to the year of birth



Rys. 26. Liczba jagniąt urodzonych i odchowanych w zależności od roku urodzenia
Fig. 26. Number of lambs born and reared according to the year of birth

Dane przedstawione na rysunkach 25 i 26 wskazują na występowanie tendencji spadkowych wartości wszystkich badanych cech rozrodu. Prawdopodobnymi przyczynami pogarszania się wartości analizowanych cech w kolejnych latach były niekorzystne warunki utrzymania zwierząt i występujące nierzadko usterki w prowadzeniu dokumentacji hodowlanej. Faktycznym powodem tego

procesu może być zdecydowane ograniczenie liczebności populacji, z której nie zawsze usuwano najgorszy materiał hodowlany.

Analiza statystyczna oparta na wskaźnikach użytkowości życiowej pozwala w zasadzie formułować zbliżone wnioski jak w przypadku analizy dotyczącej użytkowości macierek z uwzględnieniem ich kolejnych wykotów (tab. 13-16). Pewna odmienność dotyczy roku urodzenia macierek, który został uwzględniony w miejsce roku badań. Rok urodzenia nie wpłynął statystycznie na plenność życiową macierek, tj. na przeciętną liczbę jagniąt urodzonych w miocie. Można jednak przypuszczać, że zmienność, jaką czynnik ten powodował, została wyjaśniona poprzez uwzględnioną interakcję stado \times rok urodzenia. W przypadku analizy odchowu jagniąt w miejsce płci i typu urodzenia (tab. 14) wprowadzono typ urodzenia maciorki i jej matki (tab. 22).

3.6.2. Analiza genetyczna

Odziedziczalność liczby jagniąt urodzonych były zbliżona do 0,1, a więc o około 0,02 wyższa od odziedziczalności liczby jagniąt odchowanych (tab. 23).

Oszacowane wskaźniki odziedziczalności liczby jagniąt odchowanych były w zasadzie podobne, niezależnie od metody i liczby cech w modelu. Pewną rozbieżność stwierdzono jedynie w przypadku odziedziczalności liczby jagniąt urodzonych, szacowanej za pomocą jednocechowego modelu liniowego metodą próbkowania Gibbsa. Była ona o około 0,01 niższa aniżeli szacunki uzyskane za pomocą metody REML czy też metody GS z wykorzystaniem modelu czterocechowego. Podkreślenia wymaga fakt, iż oszacowane komponenty wariancji były obciążone na ogół zbliżonym błędem standardowym bez względu na metodę szacowania czy liczbę cech ujętych w modelu.

Szacunki odziedziczalności przeciętnej liczby jagniąt urodzonych i odchowanych przedstawione w pracach Kowaliszyn i wsp. [78] (0,072 i 0,041) oraz Piwczyńskiego [130] (0,039 i 0,025) były niższe aniżeli uzyskane w badaniach własnych. Znacząco wyższą odziedziczalność plenności życiowej (0,23) stwierdziła natomiast Kałuża [67].

Wartość hodowlaną zwierząt oszacowano w badaniach na podstawie jedno- i czterocechowego modelu liniowego, biorąc pod uwagę komponenty wariancji i kowariancji wcześniej oszacowane metodami REML oraz GS. Zależność r_s między rankingiem wartości hodowlanych, jaki utworzono w oparciu o szacunki uzyskane za pomocą obydwu metod, wskazuje na bardzo wysokie podobieństwo uszeregowania (tab. 23). Można więc sądzić, że rodzaj metody, którą wykorzystano do pozyskania komponentów wariancji i kowariancji nie ma wpływu na uszeregowanie wartości hodowlanych zwierząt.

Tabela 23. Estymatory komponentów (ko)wariancji, odziedziczalności masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy, liczby jagniąt urodzonych, odchowanych i wieku przy brakowaniu

Table 23. Estimates of (co)variances components, heritability of body weight of animals at 12 months, number of born and reared lambs and age at culling

Estymator Estimate	MC12		WB		zLJU		zLJO	
	M1	M4	M1	M4	M1	M4	M1	M4
Metoda REML – REML method								
σ_a^2	7,569	7,513	26,308	26,750	0,009	0,011	0,013	0,014
SE σ_a^2	0,870	0,867	8,623	13,786	0,003	0,002	0,004	0,004
σ_e^2	14,300	14,340	424,080	485,300	0,091	0,096	0,153	0,153
SE σ_e^2	0,736	0,735	10,790	17,031	0,002	0,003	0,004	0,004
σ_p^2	21,869	21,853	450,388	512,050	0,100	0,107	0,166	0,167
h^2	0,346	0,344	0,058	0,052	0,109	0,102	0,078	0,082
Metoda GS – GS method								
σ_a^2	7,588	7,597	33,442	38,752	0,009	0,011	0,013	0,015
SE σ_a^2	0,891	0,919	5,893	13,837	0,002	0,003	0,004	0,004
σ_e^2	14,343	14,344	418,330	477,820	0,091	0,097	0,154	0,153
SE σ_e^2	0,740	0,772	9,352	16,634	0,003	0,003	0,004	0,004
σ_p^2	21,931	21,941	451,772	516,572	0,100	0,108	0,167	0,168
h^2	0,346	0,346	0,074	0,075	0,090	0,102	0,078	0,089
r_s	0,999	0,999	0,989	0,988	0,999	0,998	0,999	0,999

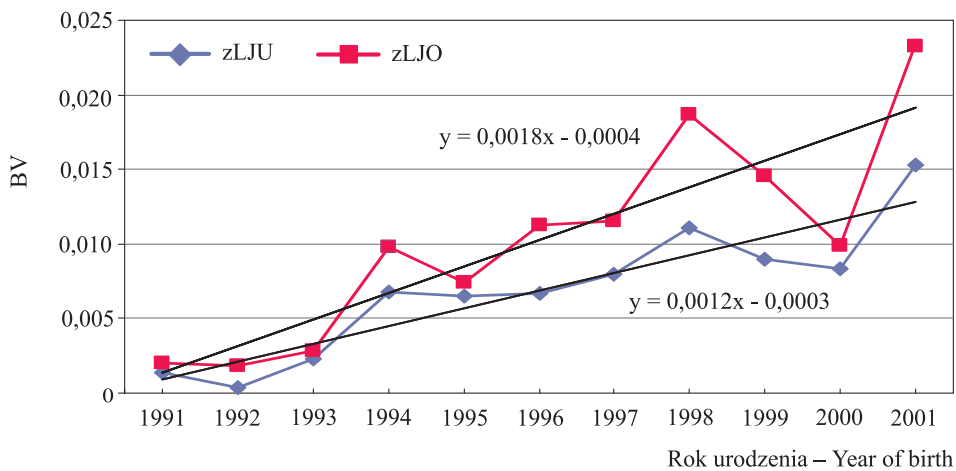
M1 – model jednocechowy
univariate model

M4 – model czterocechowy
four-trait model

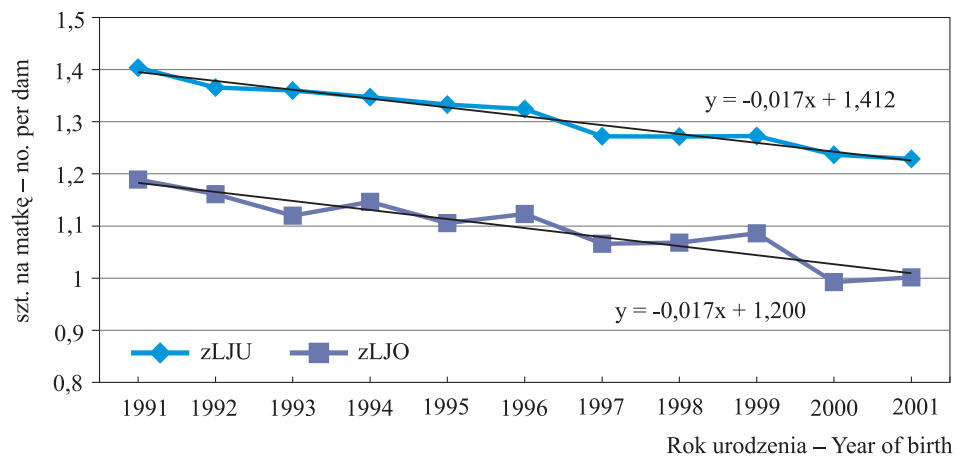
r_s – współczynnik korelacji rang między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt uzyskanych za pomocą metody BLUP wykonanej w oparciu o komponenty wariancji oszacowane metodami REML i GS
rank correlation coefficient between ranking of breeding values of animals obtained using the BLUP method based on variance components estimated with the REML and GS method

Na rysunku 27 przedstawiono tendencje zmian wartości genetycznej doskonałej populacji odnośnie liczby jagniąt urodzonych i odchowanych. Wartości tych cech wskazują na dodatni, lecz bardzo niski trend genetyczny – 0,001

szt. na rok. Te korzystne zmiany świadczą o tym, że praca hodowlana prowadzona w stadach matecznych merynosa polskiego daje mały, ale pozytywny efekt w zakresie cech rozrodu. Niestety, w populacji stwierdzono też negatywne trendy środowiskowe (rys. 28).



Rys. 27. Trendy genetyczne w zakresie liczby jagniąt urodzonych i odchowanych
Fig. 27. Genetic trends for number of lambs born and reared



Rys. 28. Trendy środowiskowe w zakresie liczby jagniąt urodzonych i odchowanych
Fig. 28. Environmental trends for number of lambs born and reared

3.7. KORELACJE GENETYCZNE I FENOTYPOWE OSZACOWANE ZA POMOCĄ MODELI CZTEROCHECHOWYCH

Zastosowanie w badaniach modelu czterocechowego umożliwiło oszacowanie komponentów wariancji i kowariancji (tab. 24), a w konsekwencji kore-

lacji genetycznych i fenotypowych pomiędzy masą ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy a wiekiem przy brakowaniu oraz liczbą jagniąt urodzonych i odchowanych (tab. 25).

Tabela 24. Komponenty kowariancji genetycznej (nad przekątną), resztowej (pod przekątną) oraz ich błędy standardowe (w nawiasie)

Table 24. Components of genetic covariance (above diagonal) and residual (below diagonal) and their standard errors (in parentheses)

Metoda REML – REML method				
Cecha Trait	MC12	zLJU	zLJO	WB
MC12		0,048 (±0,034)	0,065 (±0,041)	-0,099 (±2,715)
zLJU	0,060 (±0,033)		0,009 (±0,003)	0,316 (±0,139)
zLJO	0,075 (±0,041)	0,080 (±0,003)		0,320 (±0,166)
WB	2,140 (±2,740)	0,476 (±0,173)	1,169 (±0,214)	
Metoda GS – GS method				
Cecha Trait	MC12	zLJU	zLJO	WB
MC12		0,053 (±0,037)	0,066 (±0,043)	-0,874 (±3,337)
zLJU	0,056 (±0,036)		0,010 (±0,003)	0,389 (±0,153)
zLJO	0,074 (±0,042)	0,079 (±0,003)		0,350 (±0,152)
WB	2,774 (±3,131)	0,417 (±0,184)	1,149 (±0,211)	

Tabela 25. Korelacje genetyczne (nad przekątną) i fenotypowe (pod przekątną)

Table 25. The genetic (above diagonal) and phenotypic (below diagonal) correlation

Metoda REML – REML method				
Cecha – Trait	MC12	zLJU	zLJO	WB
MC12		0,167	0,202	-0,007
zLJU	0,070		0,725	0,583
zLJO	0,073	0,662		0,530
WB	0,019	0,107	0,161	
Metoda GS – GS method				
Cecha – Trait	MC12	zLJU	zLJO	WB
MC12		0,183	0,195	-0,051
zLJU	0,071		0,743	0,592
zLJO	0,073	0,662		0,458
WB	0,018	0,108	0,161	

Oszacowane wskaźniki korelacji genetycznej wskazują, że masa ciała maciurek w wieku 12 miesięcy była w słabym stopniu ($r_g \leq 0,202$) skorelowana z cechami użyteczności reprodukcyjnej (tab. 25). Ujemną, ale prawie nic nie znaczącą zależność stwierdzono między masą ciała a długością użytkowania.

Zaobserwowano natomiast dość wysokie, dodatnie zależności genetyczne między wiekiem przy brakowaniu a liczbą jagniąt urodzonych i odchowanych. Najsilniejszą zależność zanotowano między plennością życiową (zLJU) a użytkowością rozplodową (zLJO). Analizując oszacowane korelacje fenotypowe można wnioskować, że masa ciała macierek w wieku 12 miesięcy jest w bardzo nieznacznym stopniu ($r_p < 0,1$) związana z cechami rozrodu (tab. 25). Dodatkowo, ale niskie korelacje oszacowano między długością użytkowania rozplodowego a liczbą jagniąt urodzonych i odchowanych. Obydwie cechy rozrodu były ze sobą wysoko skorelowane.

Uzyskane wyniki pozwalają wnioskować, że selekcja w kierunku redukcji życiowej powinna wpłynąć na poprawę założeń genetycznych zwierząt w zakresie długości użytkowania. Można też stwierdzić, że troska hodowców o długie utrzymywanie macierek w stadzie winna wpłynąć na wzrost liczby urodzonych i odchowywanych jagniąt, który charakteryzuje matki starsze.

Genetyczne zależności między masą ciała macierek a późniejszymi wskaźnikami rozrodu były badane m.in. przez Lee i wsp. [82], Matikę i wsp. [92], Mroczkowskiego [101], Snyman i wp. [161], Steppę i Kozala [166]. Uzyskane przez nich wyniki potwierdzają rezultaty badań własnych, tj. dodatnie zależności między masą ciała macierek a ich wskaźnikami rozrodu. Conington i wsp. [29], badając zależności między długością użytkowania a liczbą i masą jagniąt odsadzonych, otrzymali następujące współczynniki korelacji genetycznych: 0,354 i 0,207 oraz fenotypowych: $-0,028$ i $0,100$. Wyniki te w sposób znaczący korespondują z uzyskanymi przez autora.

Oprócz dotychczas omawianych cech masy ciała, długości użytkowania i zdolności reprodukcyjnych doskonalenie genetyczne krajowej populacji merynosa polskiego winno uwzględniać również wytyczne Komisji Europejskiej, obligujące kraje członkowskie do prowadzenia kojarzeń ukierunkowanych na zwiększenie genetycznej odporności owiec na trzęsawkę (scrapie). Jest to wymóg, który ma dotyczyć wszystkich ras hodowanych w Polsce i skutkować zwiększeniem frekwencji genotypu najbardziej opornego na trzęsawkę, tj. ARR [188]. Ostatnie badania Wiśniewskiej [191] świadczą o tym, iż jest to tym bardziej zasadne, że frekwencja genotypu ARR wśród 6 krajowych ras owiec była najniższa w stosunku do owiec rasy merynos polski (21,63%). Autorka wykazała ponadto związek polimorfizmu w genie PRNP z liczbą urodzonych jagniąt łącznie podczas trzyletniego użytkowania wyłącznie w grupie rasowej merynosa polskiego.

3.8. INDEKSY SELEKCYJNE

3.8.1. Analiza eksploratywna

Stwierdzono statystyczny wpływ stada, typu urodzenia jagnięcia i jego matki, wieku matki, roku urodzenia oraz interakcji stado \times wiek matki oraz stado \times rok urodzenia na wartości indeksów (I_1 , I_u , I_o) (tab. 5). Wykazano ponadto, że źródłem zmienności indeksu lokalnego jest płeć jagniąt.

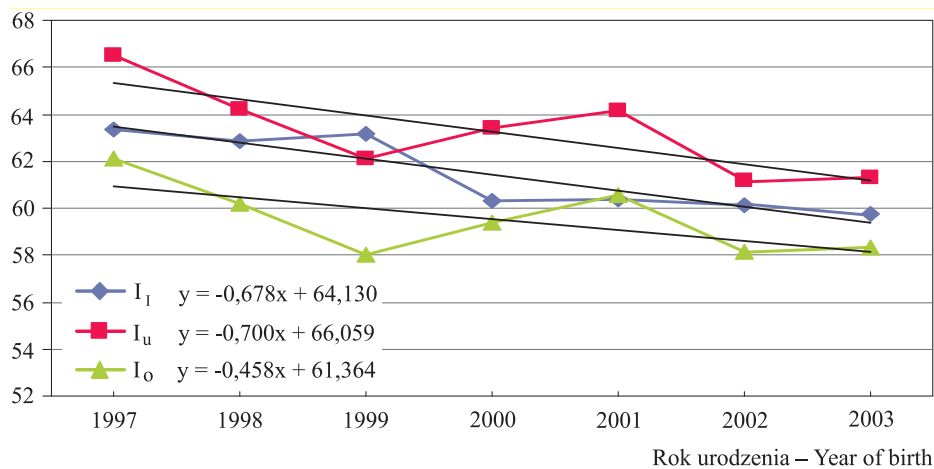
Ze względu na fakt, iż przy obliczaniu indeksu lokalnego (I_l) brane są pod uwagę przeciętne wskaźniki dla danego stada, nie ma uzasadnienia szczegółowe rozpatrywanie różnic między stadami w tym zakresie. Opisano natomiast różnice odnośnie indeksów I_o i I_u (tab. 26). Najwyższe ich wartości uzyskały jagnięta pochodzące ze stad B i J ($I_u > 66$; $I_o > 62$). Najniższe wartości indeksu I_u (< 62) charakteryzowały jagnięta pochodzące ze stad A, I, K, L. W przypadku indeksu I_o najslabsze rezultaty zanotowano w stadach C, D, H, K ($I_o < 58$).

Tabela 26. Indeksy selekcyjne w zależności od badanych czynników
Table 26. Selection indices according to investigated factors

Poziom Level	n	I_l		I_u		I_o	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
Stado – Flock							
A	1091	60,36	0,35	61,86	0,35	59,74	0,37
B	933	63,82	0,39	66,66	0,37	62,94	0,39
C	446	57,57	0,54	60,48	0,54	56,43	0,57
D	627	64,01	0,44	64,58	0,45	57,23	0,48
E	605	62,96	0,46	65,17	0,46	61,94	0,49
F	643	61,03	0,46	64,71	0,45	61,84	0,47
G	2041	59,07	0,26	62,78	0,25	58,51	0,26
H	1551	62,46	0,29	62,75	0,29	55,56	0,30
I	655	62,46	0,45	61,64	0,45	59,71	0,48
J	1515	62,86	0,33	66,31	0,30	63,93	0,32
K	1206	59,85	0,33	60,33	0,34	57,89	0,35
L	1533	60,59	0,30	61,86	0,30	58,65	0,31
Płeć – Sex							
♂	6282	61,92	0,15	63,22	0,15	59,55	0,16
♀	6564	60,92	0,16	63,30	0,15	59,51	0,16
Typ urodzenia jagnięcia – Type of lamb's birth							
1	6287	58,22	0,16	58,67	0,15	55,57	0,16
2	6559	64,62	0,16	67,85	0,15	63,49	0,16
Wiek matki – Age of dam							
2	1522	63,34	0,30	66,83	0,30	61,03	0,32
3	2269	61,14	0,25	64,96	0,24	63,32	0,26
4	2388	61,31	0,24	61,89	0,24	58,09	0,25
5	2371	61,40	0,24	61,99	0,24	58,36	0,25
6	1975	61,29	0,27	62,08	0,26	58,45	0,28
≥7	2321	60,03	0,26	61,81	0,25	57,94	0,27
Typ urodzenia matki – Type of dam's birth							
1	5662	61,16	0,16	63,00	0,16	59,20	0,17
2	7184	61,68	0,15	63,52	0,15	59,86	0,15

Statystycznie wysoko istotną różnicę między płciami – na korzyść tryczków – stwierdzono w zakresie indeksu lokalnego. Zaobserwowano, że jagnięta

urodzone jako bliźnięta przewyższały jedyński pod względem trzech indeksów. Najlepsze rezultaty pod względem wszystkich trzech indeksów uzyskały jagnięta urodzone przez przystępki, a najgorsze – pochodzące po matkach najstarszych. Wykazano również, że wartości indeksów jagniąt urodzonych przez matki z urodzeń bliźniaczych były statystycznie wyższe niż pochodzących od matek z urodzeń pojedynczych. Można przypuszczać, że było to spowodowane wyższą życiową liczbą jagniąt urodzonych i odchowanych niż matek jędnaczek (tab. 22). Kolejne roczniki jagniąt uzyskiwały coraz niższe wartości omawianych indeksów (rys. 29).



Rys. 29. Indeksy selekcyjne w zależności od roku urodzenia
Fig. 29. Selection indices according to the year of birth

W przypadku indeksów uwzględniających plenność życiową matki naj-słabsze wartości uzyskano wśród jagniąt urodzonych w latach 2002 i 2003. Pod względem indeksu I_o najniższe wartości stwierdzono w odniesieniu do roczników: 1999, 2002 i 2003. Przyczyną tej niekorzystnej sytuacji może być obniżająca się masa ciała jagniąt w wieku 56 dni (rys. 6) w kolejnych rocznikach oraz niekorzystna tendencja w zakresie plenności matek w kolejnych latach badań (rys. 17).

3.8.2. Analiza genetyczna

Szacunki komponentów (ko)wariancji indeksów selekcyjnych wyznaczono metodami REML i GS (tab. 27), wykorzystując model liniowy uwzględniający trzy efekty losowe: addytywny bezpośredni, matczyzny i trwałego środowiska matczynego. Potrzeba uwzględnienia efektów matczynych wynikała z faktu, iż obliczany indeks selekcyjny jest cechą złożoną, będącą efektem plenności życiowej matki oraz dynamiki wzrostu jagnięcia.

Tabela 27. Estymatory komponentów (ko)wariancji i odziedziczalności indeksów selekcyjnych

Table 27. Estimates of (co)variance components and heritability of selection indices

Estymator Estimate	Metoda REML – REML method			Metoda GS – GS method		
	I _l	I _u	I _o	I _l	I _u	I _o
σ_a^2	6,767	26,52	25,093	6,322	26,481	24,970
SE σ_a^2	1,719	3,699	3,586	1,875	3,934	3,767
σ_m^2	11,479	17,354	22,509	10,616	17,188	22,600
SE σ_m^2	2,945	3,821	4,423	4,641	3,531	4,099
σ_c^2	29,227	43,015	57,992	29,271	43,487	58,200
SE σ_c^2	2,425	2,815	3,344	2,645	2,854	3,292
σ_e^2	75,311	53,285	52,825	74,391	53,244	52,900
SE σ_e^2	1,581	2,156	2,099	1,669	2,269	2,175
σ_{am}	-0,714	-6,086	-7,989	-0,694	-5,966	-7,870
SE σ_{am}	1,913	2,990	3,231	3,453	2,836	3,221
σ_p^2	122,784	140,174	158,419	120,600	140,400	158,670
d_{am}	-0,006	-0,043	-0,050	-0,006	-0,042	-0,050
h_a^2	0,055	0,189	0,158	0,052	0,189	0,157
h_m^2	0,093	0,124	0,142	0,088	0,122	0,142
c^2	0,238	0,307	0,366	0,243	0,310	0,367
h_T^2	0,093	0,186	0,154	0,088	0,186	0,154
r_s	0,991	0,999	1,000			

współczynnik korelacji rang między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt uzyskanych za pomocą metody BLUP wykonanej w oparciu o komponenty wariancji oszacowane metodami REML i GS

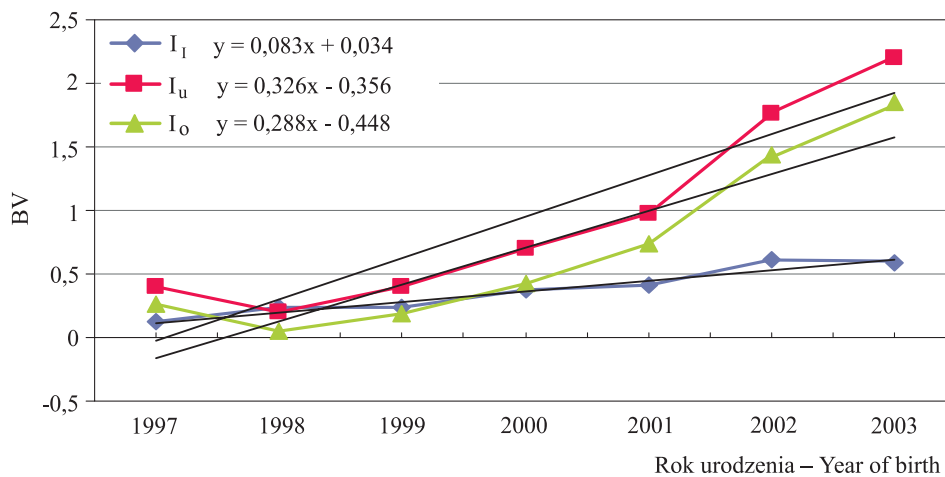
r_s – rank correlation coefficient between ranking of breeding values of animals obtained using the BLUP method based on variance components estimated with the REML and GS method

Oszacowane wskaźniki odziedziczalności bezpośredniej należy uznać za niskie, zwłaszcza indeksu lokalnego (tab. 27). Odziedziczalność tego indeksu była trzykrotnie niższa aniżeli indeksów krajowych. Można więc wnioskować, że selekcja zwierząt przeprowadzona na podstawie indeksów krajowych powinna być bardziej skuteczna niż za pomocą indeksu lokalnego. Biorąc pod uwagę indeksy krajowe, wyższą odziedziczalność oszacowano w odniesieniu do indeksu obliczonego w oparciu o plenność życiową matki oraz przeciętną masę ciała jag-

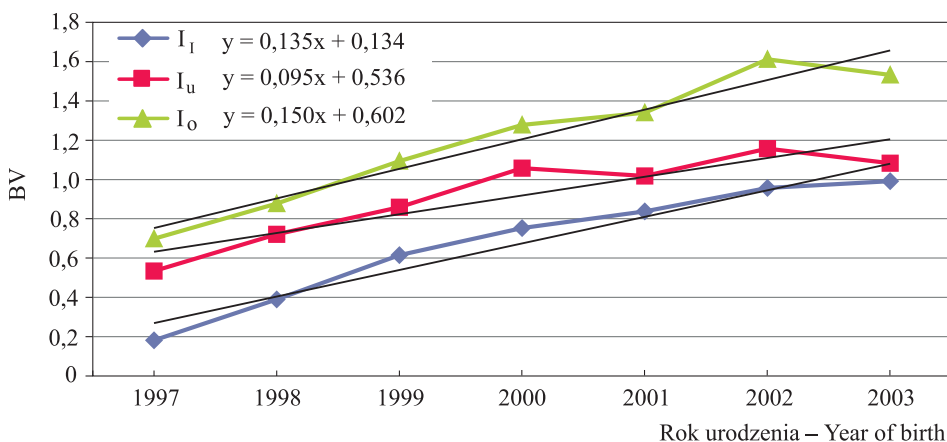
niąt dla całej populacji. Stwierdzono, że wskaźnik odziedziczalności matczynej wahał się od 0,088 do 0,142, zaś odziedziczalności całkowitej od 0,088 do 0,186. Również w przypadku tych odziedziczalności wyższe wartości wskaźników stwierdzono w zakresie indeksów krajowych. Porównując ze sobą metody szacowania zaobserwowano, że wskaźniki odziedziczalności oszacowane metodą REML były nieznacznie wyższe niż uzyskane metodą GS. Jednocześnie komponenty wariancji oszacowane metodą REML były obciążone mniejszym błędem standardowym.

Jednym z elementów analizy było obliczenie współczynników korelacji rangowej między uszeregowaniem wartości hodowlanych jagniąt uzyskanych przez użycie metody BLUP w oparciu o oszacowania wykonane metodami REML i GS. Otrzymane wskaźniki korelacji ($r_s > 0,99$) pozwalają stwierdzić, że metoda szacowania komponentów wariancji nie ma wpływu na uszeregowanie zwierząt (tab. 27).

W badaniach analizowano tendencje zmian wartości genetycznej (addytywnej bezpośredniej i addytywnej matczynej) w kolejnych rocznikach jagniąt, stanowiące rezultat prowadzonej pracy hodowlanej (rys. 30, 31). Obliczone wskaźniki regresji w przypadku efektu bezpośredniego wskazują na roczny wzrost wartości indeksów od 0,08 do 0,29 punktu (rys. 30). W przypadku efektu matczynego analogiczny trend wyniósł od 0,1 do 0,15 punktu (rys. 31). Dodatnim trendom genetycznym towarzyszyły niestety ujemne trendy środowiskowe (rys. 32).

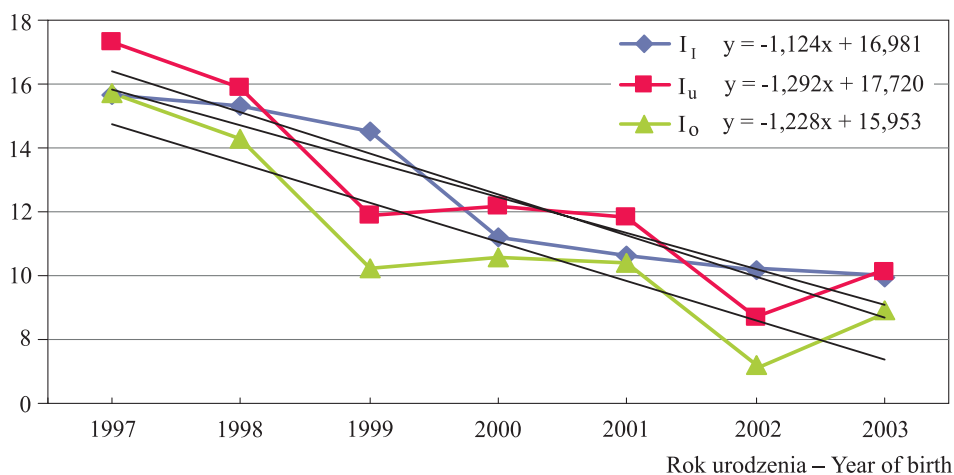


Rys. 30. Trendy genetyczne (bezpośrednie) w zakresie indeksów selekcyjnych
Fig. 30. Genetic trends (direct) for selection indices



Rys. 31. Trendy genetyczne (matczyne) w zakresie indeksów selekcyjnych

Fig. 31. Genetic trends (maternal) for selection indices



Rys. 32. Trendy środowiskowe w zakresie indeksów selekcyjnych

Fig. 32. Environmental trends for selection indices

3.8.3. Zależności między indeksami selekcyjnymi i cechami indeksowanymi oraz masą miotu

W tabeli 28 przedstawiono korelacje rangowe między indeksami I_I , I_u i I_o a cechami indeksowanymi. Współczynniki korelacji między indeksami przyjęły wysokie wartości: 0,758-0,880 ($p \leq 0,01$). Najsilniejszą zależność stwierdzono między indeksami I_u a I_o , a najsłabszą – między I_I a I_o . Współczynniki korelacji obliczane oddzielnie dla każdej płci przyjmowały wartości zbliżone. W porównaniu z rezultatami badań własnych, nieco niższe wskaźniki korelacji między indeksem lokalnym a fenotypowym uzyskał Szewczyk [170] w doświadcze-

niach obejmujących zwierzęta rasy suffolk. Zależność zmierzona współczynnikami korelacji rangowej i liniowej wyniosła odpowiednio: 0,570 i 0,618.

Tabela 28. Współczynniki korelacji rang między uszeregowaniem zwierząt sporządzonym za pomocą różnych indeksów selekcyjnych i indeksowanych cech
Table 28. Rank correlation coefficients between rankings of animals using different selection indices and indexed traits

Cecha – Trait	Płeć –Sex	I _l	I _u	I _o	zLJU	zLJO	MC56
I _l	♂		0,848	0,768	0,459	0,371	0,612
	♀		0,845	0,758	0,552	0,454	0,499
	♂+♀		0,845	0,762	0,503	0,411	0,549
I _u	♂			0,880	0,654	0,516	0,609
	♀			0,866	0,682	0,556	0,535
	♂+♀			0,873	0,667	0,535	0,572
I _o	♂				0,525	0,684	0,632
	♀				0,544	0,724	0,569
	♂+♀				0,534	0,704	0,599
zLJU	♂					0,775	-0,148
	♀					0,782	-0,192
	♂+♀					0,778	-0,167
zLJO	♂						-0,103
	♀						-0,123
	♂+♀						-0,111

Analizując współczynniki korelacji między indeksami fenotypowymi a przeciętną liczbą jagniąt urodzonych i odchowanych w sezonie produkcyjnym stwierdzono, że wskaźniki rozrodu były silniej skorelowane z indeksami krajowymi (I_u oraz I_o) niż z indeksem lokalnym (I_l). Jednak wszystkie badane współczynniki są dodatnie, statystycznie wysoce istotne i można je uznać za umiarkowane. Zaobserwowano również umiarkowane zależności między obliczonymi indeksami a masą ciała jagniąt w wieku 56 dni ($p \leq 0,01$). Podobnie jak w przypadku liczby jagniąt urodzonych i odchowanych, silniej skorelowane z masą ciała były indeksy krajowe niż indeks lokalny. Negatywne, ale niskie zależności stwierdzono pomiędzy życiową liczbą jagniąt urodzonych w miocie i odchowanych przez owcę matkę a masą ciała jej potomstwa w wieku 56 dni (tab. 28).

W tabeli 29 umieszczono współczynniki korelacji rang między uszeregowaniem jagniąt według indeksów fenotypowych a uzyskanymi na ich podstawie szacunkami wartości hodowlanych za pomocą metody BLUP. Stwierdzone zależności można uznać za umiarkowane, statystycznie wysoce istotne. Najsilniejsze zależności zaobserwowano w przypadku indeksu krajowego I_u, najslabsze – w przypadku indeksu lokalnego I_l. Umiarkowane zależności między łączną wartością hodowlaną zmierzoną za pomocą fenotypowego indeksu selekcyjnego a uzyskanymi na jej podstawie szacunkami wartości hodowlanej wykonanymi metodą BLUP stwierdził również Szewczyk [170]. W odniesieniu do in-

deksu lokalnego i krajowego obliczone współczynniki korelacji rangowej (liniowej) wyniosły odpowiednio: 0,453 (0,724) i 0,419 (0,698). Żak i Różycki [193] badali podobnie zależności pomiędzy indeksem oceny stacyjnej knurów a obliczoną łączną wartością hodowlaną wyrażoną w postaci indeksu BLUP. Autorzy otrzymali współczynnik korelacji rang $r_s = 0,363$ i korelacji liniowej $r = 0,402$, które świadczą raczej o niewielkiej zależności między uszeregowaniami zwierząt. Na możliwość wystąpienia wysokich zależności między uszeregowaniem zwierząt według indeksu fenotypowego a oszacowaną na jego podstawie wartością hodowlaną metodą BLUP sugerują badania na kurach nieśnych przeprowadzone przez Szwaczkowskiego i wsp. [172] (0,63-0,96).

Tabela 29. Współczynniki korelacji rang między indeksami fenotypowymi a oszacowaną na ich podstawie wartością hodowlaną

Table 29. Rank correlation coefficients between phenotypic selection indices and breeding values calculated based on them

Indeks – Index	Płeć – Sex	r_s
I_l	♂	0,468
	♀	0,446
	♂+♀	0,455
I_u	♂	0,612
	♀	0,559
	♂+♀	0,585
I_o	♂	0,591
	♀	0,517
	♂+♀	0,554

W badaniach własnych uzyskano dodatnie, statystycznie istotne korelacje między wartością hodowlaną zwierząt w zakresie masy miotu, oszacowaną metodą BLUP, a uwzględnionymi w indeksie selekcyjnym cechami, badanymi indeksami fenotypowymi oraz oszacowaną na ich podstawie wartością hodowlaną z użyciem metody BLUP (tab. 30). Obliczone współczynniki korelacji przyjmowały na ogół umiarkowane i niewielkie wartości. Wartość hodowlana masy miotu była najsilniej skorelowana (umiarkowane zależności) z wartością hodowlaną masy ciała jagniąt w wieku 56 dni oraz życiową liczbą jagniąt urodzonych ($r_s > 0,37$), a najsłabiej – z masą ciała ocenianych jagniąt w wieku 56 dni ($r_s < 0,1$). Współczynniki korelacji obliczone oddzielnie dla samców i samic były na ogół do siebie zbliżone. Podkreślenia wymaga fakt, że wszystkie obliczone współczynniki korelacji były dodatnie, dzięki temu można sądzić, że oszacowana metodą BLUP wartość hodowlana zwierząt w zakresie masy miotu może być dobrym kryterium selekcyjnym. Selekcja prowadzona na masę miotu powinna więc przyczynić się do poprawy wszystkich analizowanych cech.

Tabela 30. Korelacje liniowe między wartością hodowlaną masy miotu a selekcyjonowanymi cechami i możliwymi kryteriami selekcji

Table 30. Simple correlations between breeding values of litter weight and selected traits and possible selection criterion

Cecha/BV Trait/BV	Tryczki Rams	Maciorki Ewes	Łącznie dla populacji In total for the population
MC56	0,099	0,044	0,073
BV MC56	0,431	0,402	0,416
zLJU	0,232	0,233	0,233
BV zLJU	0,374	0,390	0,382
zLJO	0,251	0,228	0,239
BV zLJO	0,332	0,345	0,339
I _l	0,187	0,191	0,188
BV I _l	0,230	0,209	0,220
I _u	0,270	0,240	0,254
BV I _u	0,309	0,292	0,300
I _o	0,276	0,231	0,253
BV I _o	0,269	0,240	0,254
BV WB	0,293	0,320	0,308

3.8.4. Zależność między indeksami selekcyjnymi a intensywnością wykorzystania rozplodowego tryków

Zależność między obliczonymi indeksami fenotypowymi a intensywnością użytkowania tryków badano na populacji tryków urodzonych po 1996 roku (186 sztuk). W związku z tym dla wszystkich zwierząt obliczono indeks fenotypowy uwzględniający ich masę ciała w wieku 56 dni. Przeciętny okres użytkowania tryków wyniósł 2,02 roku, a średnia liczba krytych maciorek była zbliżona do 16 (tab. 31).

Tabela 31. Charakterystyka statystyczna tryków w zakresie intensywności użytkowania i indeksów selekcyjnych

Table 31. Statistical characteristic of rams's performance intensity and selection indices

Cecha – Trait (n = 186)	\bar{x}	SD
Długość użytkowania (lata) Reproduction duration (years)	2,028	1,003
Liczba krytych matek w sezonie Number of mated ewes per reproduction season	15,816	6,859

W tabeli 32 przedstawiono wyniki dotyczące zależności między wartością hodowlaną tryków a długością i intensywnością ich użytkowania. Obliczone współczynniki korelacji świadczą o braku zależności statystycznych między indeksami fenotypowymi (I_l, I_u, I_o) a liczbą krytych samic. Pozwala to wnioskować

wać, że utrzymywane tryki były w równej mierze wykorzystywane rozplodowo. Zaobserwowano natomiast dodatnią zależność między indeksem lokalnym a długością użytkowania ($p \leq 0,05$). Statystycznie istotne korelacje wystąpiły między długością użytkowania a obydwooma obliczonymi indeksami krajowymi. Należy jednak pamiętać, że indeksy te wyliczono wyłącznie na potrzeby niniejszej pracy i nie były one uwzględniane wcześniej w pracy hodowlanej w kontrolowanych stadach. Z tego też względu znajduje wyjaśnienie zależność statystyczna między długością użytkowania a indeksem lokalnym – lepiej ocenione tryki były dłużej użytkowane w stadzie.

Tabela 32. Korelacje liniowe między wartością hodowlaną tryków a intensywnością ich użytkowania

Table 32. Simple correlations between breeding values of rams and their performance intensity

Cecha – Trait	Indeks – Index		
	$I_l/BV I_l$	$I_u/BV I_u$	$I_o/BV I_o$
Długość użytkowania (lata) Reproduction duration (years)	0,185*/-0,095	0,019/-0,099	0,008/-0,084
Liczba krytych matek w sezonie Number of mated ewes per reproduction season	-0,067/0,017	0,034/0,174*	0,058/0,172*

W tabeli 32 umieszczono ponadto współczynniki korelacji między wartością hodowlaną tryków ($BV I_l$, $BV I_u$, $BV I_o$) uzyskaną metodą BLUP, w oszacowaniu której indeks fenotypowy stanowił cechę, a długością i intensywnością użytkowania. Analiza tych współczynników korelacji wykazała brak zależności między wartością hodowlaną tryków a długością użytkowania. Stwierdzono natomiast istotne, dodatnie zależności między uszeregowaniem wartości hodowlanych tryków w zakresie indeksów krajowych a intensywnością użytkowania. Można zatem przypuszczać, że zwiększenie liczby krytych matek, a tym samym liczby uzyskanego potomstwa przyczyniają się do wyższej oceny uzyskanej metodą BLUP przez tryki. We wcześniejszych badaniach autora [138] analizowano zależność między uszeregowaniem tryków na podstawie wyników oceny BLUP w zakresie masy ciała w wieku 56 dni a ich intensywnością użytkowania. Wyniki badań wykazały, że w niektórych stadach tryki o wyższych lokatach oceny BLUP były rzadziej wykorzystywane do krycia niż tryki z dolnej części rankingu. Zaskakujące okazały się wyniki uzyskane przez Snymana i wsp. [160], gdyż tryki, które uzyskały najlepsze lokaty w wyniku oceny BLUP, posiadały mniej potomstwa niż tryki z gorszymi lokatami.

3.8.5. Wyprowadzenie nowych współczynników regresji indeksowanych cech

Obowiązujące do tej pory wagi ekonomiczne zostały ustalone w 1996 roku [139]. Z kolei współczynniki regresji wykorzystywane przy obliczaniu indeksu selekcyjnego każdego osobnika są rzadko aktualizowane [148, 171]. Obecnie stosowany współczynnik regresji dla plenności życiowej matki wynosi 28,46, zaś dla masy ciała 2,66. Badania naukowe [54, 91, 112, 144, 178] dowodzą, że szacunki parametrów genetycznych mogą ulegać zmianie w zależności od wielu czynników genetycznych, jak i środowiskowych. Z tego też względu omawiane współczynniki regresji winny być okresowo weryfikowane. W przeprowadzonych badaniach wyznaczono współczynniki regresji indeksowanych cech w oparciu o oszacowane parametry genetyczne, przyjmując nie zmienione wagi ekonomiczne doskonalonych cech, tj. 270 (plenność) i 9 (masa ciała jagnięcia w wieku 56 dni) (tab. 33). Wcześniej jednak obliczono i zestawiono w tabeli 33 informacje niezbędne do wyznaczenia współczynników regresji. Dla plenności życiowej matki otrzymano współczynnik regresji wynoszący 34,837, natomiast w przypadku masy ciała – 2,943. Porównując wzajemne proporcje (28,46 : 2,66) pomiędzy aktualnie stosowanymi współczynnikami regresji a proporcjami uzyskanymi w badaniach własnych (34,88 : 2,94) należy stwierdzić, że zakładając dalsze prowadzenie selekcji za pomocą indeksu fenotypowego, przy jego obliczaniu jeszcze większy nacisk winien być położony na plenność życiową matki.

Tabela 33. Dane przyjęte przy konstrukcji zmodyfikowanych indeksów selekcyjnych
Table 33. Data used in constructing modified selection indices

Cecha Trait	\bar{x}	SD	h^2	r_g	r_p	v	b
zLJU	1,333	0,346	0,102	0,146	-0,167	270	34,837
MC56	16,690	3,700	0,207			9	2,943

- v – wagi ekonomiczne
economic weights
- b – współczynnik regresji
regression coefficient

3.9. WARTOŚĆ HODOWLANA WYSELEKCJONOWANYCH OSOBNIKÓW ORAZ OCZEKIWANY POSTĘP HODOWLANY W ZAKRESIE BADANYCH CECH

W tabeli 34 przedstawiono średnie arytmetyczne oraz odchylenia standardowe indeksowanych cech, indeksów selekcyjnych oraz oszacowanej na ich podstawie metodą BLUP wartości hodowlanej. Dane te dotyczyły 1754 zwierząt urodzonych w 2003 roku. W tabeli tej umieszczono również standaryzowane wartości średnich arytmetycznych powstałych z podzielenia średniej arytmetycz-

nej przez odchylenie standardowe. Wartości standaryzowane wykorzystane zostały do obliczenia przewidywanego postępu hodowlanego.

Tabela 34. Charakterystyka statystyczna indeksowanych cech, indeksów selekcyjnych i ich wartości hodowlanych BLUP

Table 34. Statistical characteristic of indexed traits, selection indices and their BLUP breeding values

Cecha / BV – Trait / BV	Miary statystyczne – Statistical measures		
	niestandaryzowane non-standardized		standaryzowane standardized
	\bar{x}	SD	\bar{x}
MC56	16,325	3,429	4,761
zLJU	1,301	0,314	4,143
I _l	59,265	9,945	5,959
I _u	60,892	11,775	5,171
I _o	56,118	12,321	4,555
BV MC56	0,807	1,019	0,792
BV MC12	0,428	0,977	0,438
BV WB	0,596	0,895	0,666
BV LJU	0,020	0,030	0,495
BV LJO	0,026	0,043	0,596
BV I _l	0,591	1,078	0,548
BV I _u	2,200	2,904	0,758
BV I _o	1,845	2,742	0,673
BV MIOT56	0,236	0,390	0,606

Zakładając, że podstawą selekcji jest jeden z indeksów fenotypowych (I_l, I_u i I_o), można wnioskować, że najlepsze efekty winna osiągnąć selekcja na podstawie indeksu I_u, gdyż wartość hodowlana pokolenia potomnego (obliczona jako średnia wartość genetyczna tryków i maciorek) jest najwyższa w zakresie masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy, wieku przy brakowaniu, liczby jagniąt urodzonych i odchowanych, masy miotu w wieku 56 dni oraz pośrednia w przypadku masy ciała jagniąt w wieku 56 dni (tab. 35). Biorąc pod uwagę kolejne kryterium, tj. wartość hodowlaną zwierząt, która została wyznaczona metodą BLUP na podstawie indeksów fenotypowych, można wnioskować, że wykorzystanie szacunków (BV I_u) wywierać może korzystny wpływ na doskonalenie masy ciała zwierząt w wieku 56 dni i 12 miesięcy, ich wieku przy brakowaniu oraz masy miotu. Szacunki wykonane na podstawie indeksu fenotypowego I_o (BV I_o) powinny korzystnie wpłynąć na liczbę jagniąt urodzonych (plenność) i odchowywanych przez matkę pokrytą (użytkowość rozplodową). Kryterium selekcji w postaci wartości hodowlanej masy miotu w wieku 56 dni może przynieść korzystne efekty w odniesieniu do wartości masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy oraz, co jest zrozumiałe, masy miotu.

Tabela 35. Wartość hodowlana (BV) wyselekcjonowanej populacji tryków i macierek w zakresie doskonalonych cech

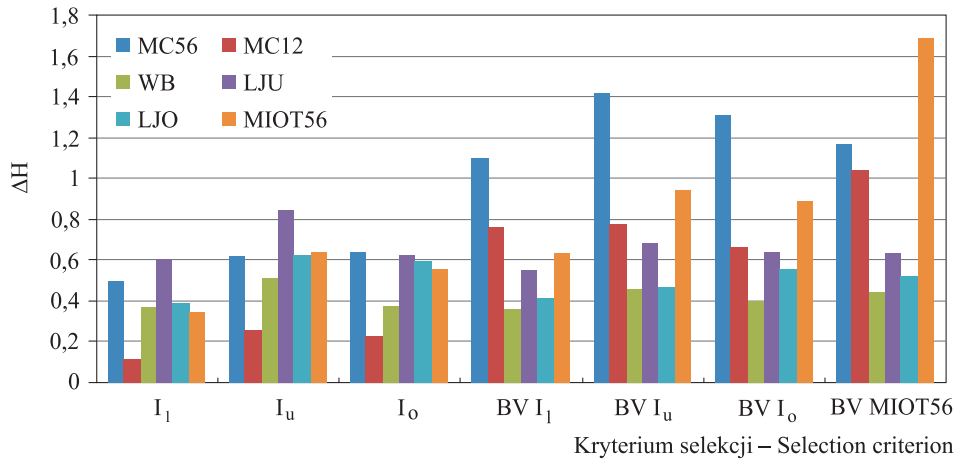
Table 35. Breeding value (BV) of selected population of rams and ewes in respect of traits being improved

Kryterium selekcji Selection criterion	MC56	MC12	WB	LJU	LJO	MIOT56
I _l	1,287	0,551	1,037	1,101	0,986	0,956
I _u	1,412	0,694	1,181	1,337	1,222	1,245
I _o	1,433	0,664	1,043	1,123	1,194	1,163
BV I _l	1,890	1,201	1,027	1,044	1,012	1,235
BV I _u	2,210	1,217	1,127	1,181	1,063	1,546
BV I _o	2,106	1,101	1,063	1,134	1,156	1,497
BV MIOT56	1,963	1,477	1,108	1,129	1,117	2,296
HT 10:1	1,345	1,105	1,419	1,983	1,772	1,396
HT 9:1	1,347	1,106	1,419	1,982	1,771	1,394
HT 8:1	1,356	1,111	1,419	1,981	1,767	1,396
HT 7:1	1,445	1,149	1,425	1,970	1,745	1,417
HT 6:1	1,490	1,185	1,398	1,963	1,752	1,452
HT 5:1	1,501	1,188	1,402	1,961	1,749	1,458
HT 4:1	1,640	1,273	1,406	1,929	1,729	1,516
HT 3:1	1,781	1,338	1,379	1,887	1,713	1,589
HT 2:1	1,960	1,458	1,319	1,807	1,691	1,755
HT 1:1	2,207	1,518	1,311	1,624	1,485	1,941
HT 1:2	2,346	1,462	1,215	1,422	1,302	1,898
HT 1:3	2,371	1,450	1,172	1,361	1,253	1,881
HT 1:4	2,390	1,444	1,131	1,296	1,201	1,852
HT 1:5	2,410	1,463	1,110	1,204	1,106	1,844
HT 1:6	2,418	1,434	1,094	1,161	1,076	1,806
HT 1:7	2,421	1,424	1,083	1,143	1,059	1,799
HT 1:8	2,423	1,411	1,062	1,128	1,061	1,799
HT 1:9	2,423	1,404	1,063	1,126	1,058	1,798
HT 1:10	2,429	1,399	1,057	1,070	1,000	1,786

Biorąc pod uwagę następne kryterium, tj. indeks BLUP (HT) obliczany przy różnych wagach ekonomicznych, można sądzić, że najbardziej optymalne jest wykorzystanie indeksu (HT), w którym waga ekonomiczna dla plenności wynosi 2, zaś masy ciała – 1 (tab. 35). Wartość genetyczna pokolenia potomnego reprezentować powinna wysoki poziom w przypadku wskaźników rozrodu i nieco słabszy w zakresie masy ciała. Drugim proponowanym indeksem może być ten, w którym wagi ekonomiczne doskonalonych cech są identyczne, co bardziej preferuje masę ciała, a mniejszy nacisk kładzie na zdolność rozrodczą macierek. Podsumowując, należy stwierdzić, że spośród potencjalnych kryteriów selekcji służących doskonaleniu omawianych cech użytkowych najlepsze efekty (poza masą miotu) uzyskać można za pomocą indeksów BLUP (HT). Ostateczna

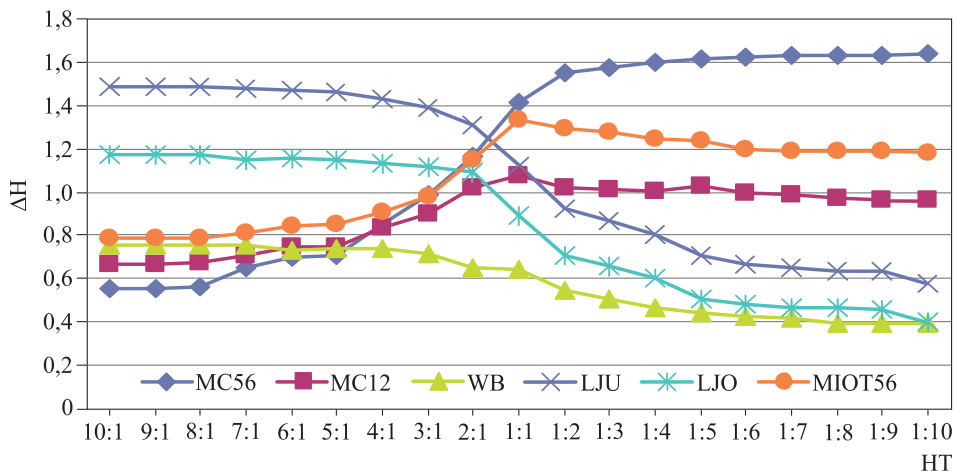
decyzja o akceptacji winna być poprzedzona wnikliwą analizą ekonomiczną, m.in. w celu wyznaczenia wag ekonomicznych doskonalonych cech.

Na rysunkach 33 oraz 34 przedstawiono oczekiwany postęp hodowlany możliwy do osiągnięcia przy założeniu prowadzenia selekcji na podstawie jednego z umieszczonych w tabeli 35 kryteriów.



Rys. 33. Oczekiwany postęp hodowlany w zakresie wybranych cech w zależności od kryteriów selekcji

Fig. 33. Predicted selection response for chosen traits according to selection criteria

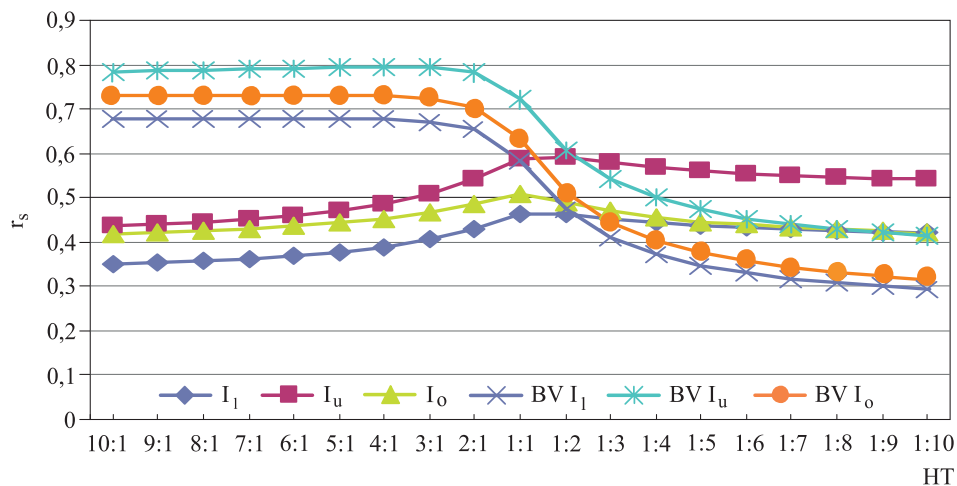


Rys. 34. Oczekiwany postęp hodowlany w zależności od różnych wag ekonomicznych płenności i masy ciała w wieku 56 dni

Fig. 34. Predicted selection response according to different economic weights for prolificacy and body weight at the age of 56 days

Osiągnięcie wysokiego postępu hodowlanego wiąże się bezpośrednio ze średnią wartością genetyczną wyselekcjonowanych tryków i maciorek (co omawiano w związku z tabelą 35). Najwyższego postępu hodowlanego można oczekiwać prowadząc selekcję na podstawie łącznej wartości hodowlanej BLUP (HT), przy ustalonych wagach ekonomicznych 2:1 lub 1:1 (plenność : masa ciała). Pierwszy indeks $HT_{2:1}$ prowadzi będzie do doskonalenia populacji owiec z większym naciskiem na wskaźniki rozrodu, drugi z kolei – ze wskazaniem na masę ciała. Efekty hodowlane uzyskiwane z użyciem obydwu indeksów powinny być podobne.

Na rysunku 35 przedstawiono współczynniki korelacji rangowych pomiędzy uszeregowaniem zwierząt na podstawie łącznej wartości hodowlanej (HT) szacowanej przy różnych wagach ekonomicznych a obliczonymi indeksami fenotypowymi oraz oszacowaną na ich podstawie wartością hodowlaną. Zestawienie pozwala wnioskować, że najsłabsze zależności mają miejsce między indeksem BLUP (HT) a obowiązującym obecnie indeksem lokalnym (I_l). Z kolei relatywnie najsilniejsze zależności wystąpiły między HT, a oszacowaną na podstawie indeksu krajowego (I_u) wartością hodowlaną metodą BLUP.



Rys. 35. Współczynniki korelacji rangowej między wartościami hodowlanymi wybranymi cech w zależności od kryterium selekcji (różne wagi ekonomiczne plenności i masy ciała jagniąt w wieku 56 dni)

Fig. 35. Rank correlation coefficients between values of selected traits according to selection criterion (different economic weights for prolificacy and body weight of lambs at the age of 56 days)

3.10. USZEREGOWANIE WARTOŚCI HODOWLANEJ TRYKÓW

W tabeli 36 przedstawiono szacunki wartości hodowlanych uzyskanych metodą BLUP dla 20 najlepszych tryków w zakresie ich masy ciała w wieku

56 dni, standaryzowane na średnią 100 i odchylenie standardowe wynoszące 20. Dla wyselekcjonowanej stawki zwierząt oszacowano wartość hodowlaną w zakresie: ich masy ciała w wieku 56 dni i 12 miesięcy, długości użytkowania, liczby jagniąt urodzonych i odchowanych, masy miotu i długości użytkowania. Wskaźnik wartości przekraczający 100 oznacza, że wartość hodowlana danego tryka jest wyższa niż przeciętna wartość hodowlana całej populacji. Z kolei wartość wskaźnika poniżej 100 wskazuje, że tryk charakteryzuje się wartością poniżej przeciętnego poziomu badanej populacji. W tabeli 36 wskazano także ułożenie (L) danego tryka wśród 20 zwierząt pod względem wartości hodowlanej.

Tabela 36. Wartości hodowlane 20 najlepszych tryków pod względem masy ich ciała w wieku 56 dni

Table 36. Breeding values of 20 best rams for of body weight at the age of 56 days

Nr No.	MC56	L	MC12	L	WB	L	LJU	L	LJO	L	MIOT56	L
1	55,56	1	104,86	13	105,41	12	108,12	13	130,76	19	100,21	13
2	61,15	2	91,70	8	107,34	13	89,40	6	90,44	8	88,54	7
3	70,37	3	96,43	12	111,99	15	122,32	19	123,02	18	75,01	2
4	86,58	4	119,45	16	79,44	4	90,58	7	90,16	7	87,29	6
5	88,05	5	130,18	19	139,01	20	119,21	18	115,90	16	120,94	17
6	93,20	6	87,31	5	76,96	3	93,81	10	107,10	14	98,06	11
7	95,92	7	77,30	4	88,28	8	96,88	11	101,82	12	91,73	9
8	97,79	8	91,03	7	127,01	18	86,61	4	86,24	3	81,13	4
9	97,96	9	112,86	14	84,38	6	58,53	1	53,22	1	92,31	10
10	102,14	10	114,59	15	100,42	11	108,52	14	99,58	11	114,91	15
11	103,09	11	93,04	10	132,74	19	115,79	17	110,46	15	119,79	16
12	106,23	12	72,88	2	113,15	16	110,48	15	118,42	17	126,73	19
13	109,63	13	90,29	6	72,10	1	150,91	20	141,52	20	147,56	20
14	109,80	14	92,51	9	92,56	9	114,45	16	92,18	9	126,64	18
15	112,16	15	68,82	1	111,03	14	88,93	5	92,74	10	99,50	12
16	119,78	16	124,46	18	80,51	5	92,23	8	89,66	6	88,56	8
17	120,55	17	94,03	11	118,42	17	81,34	3	86,69	4	79,84	3
18	122,23	18	124,10	17	73,26	2	93,38	9	89,38	5	86,95	5
19	123,20	19	76,67	3	98,23	10	73,75	2	76,54	2	72,67	1
20	124,62	20	137,49	20	87,78	7	104,74	12	104,18	13	101,63	14

L – lokata
rank

Spośród ocenianej stawki tryków najlepsze 25% osobników w zakresie badanych cech wyróżniono wytłuszczoną czcionką w szarych polach. Ze sporządzonego zestawienia wynika, że najlepszą wartością genetyczną w zakresie masy ciała w wieku 56 dni charakteryzują się tryki o numerach: 16, 17, 18, 19, 20. Biorąc pod uwagę masę ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy najlepsze lokaty uzyskały tryki o numerach: 20, 5, 16, 18 i 4. Najwyższą wartość hodowlaną

wieku przy brakowaniu reprezentowały osobniki o numerach: 5, 11, 8, 17, 12. Pod względem liczby jagniąt urodzonych (plenności) najlepsze były osobniki: 13, 3, 5, 11 i 14. Z kolei w zakresie liczby jagniąt odchowanych najlepsze były tryki: 13, 1, 3, 12, 5, natomiast pod względem masy miotu: 13, 12, 14, 5 i 11. Przedstawione w tabeli szacunki wartości hodowlanych wykonane metodą BLUP, a następnie poddane standaryzacji, mogą być wskazówką, iż opisane postępowanie stwarza możliwość prostego wyboru tryków o pożądanej wartości hodowlanej.

Rozprowadzenie materiału genetycznego najwyżej ocenionych tryków metodą BLUP-AM daje możliwość szybkiego przeniesienia postępu genetycznego z najlepszych do najgorszych stad. Ze względów praktycznych transfer ten winien odbywać się poprzez sztuczne unasienianie. Konieczne jest zatem podjęcie działań zmierzających do upowszechnienia tego sposobu krycia w populacji owiec. Inseminacja – oprócz korzystnego wpływu na postęp genetyczny – przyczynić się powinna do silniejszego powiązania genetycznego ocenianych stad, a tym samym do poprawy dokładności uzyskiwanych ocen. Jednocześnie Oddziały Regionalne Związku Hodowców Owiec i Kóz powinny publikować rankingi najlepiej ocenionych tryków, do których każdy hodowca musi mieć łatwy dostęp. Zważywszy na fakt, iż tryki pełną ocenę mogą otrzymać po śmierci, ze względu na dość krótki okres użytkowania, konieczne jest również zorganizowanie banków nasienia.

4. PODSUMOWANIE I WNIOSKI

1. W populacji aktywnej merynosa polskiego hodowanego w rejonie Bydgoskiego Okręgu Hodowlanego kontrolowane wartości cech dotyczących wzrostu, długości użytkowania oraz reprodukcji kształtowały się na poziomie zbliżonym do prezentowanego w stosunku do gospodarki całkowitej. W latach 1993-2003 liczba kocących się matek systematycznie malała, co było wynikiem ograniczenia przez hodowców ilości posiadanego materiału bądź też likwidacji niektórych stad. Stwierdzono, że bardziej korzystnymi wartościami cech użytkowych charakteryzował się materiał ze stad prywatnych niż pochodzący z sektora publicznego.
2. Wykazano na ogół potwierdzony statystycznie wpływ stada, roku urodzenia, wieku matki, typu urodzenia zwierząt oraz interakcji stado \times rok urodzenia (wykotu) na masę ciała, długość użytkowania i wskaźniki reprodukcyjne. Jednocześnie odnotowano, że korzystne wskaźniki rozrodu maciorek utrzymywały się do wieku 5-6 lat. Rezultaty te mogą być podstawą do odbudowy znacznie zredukowanego pogłowia, m.in. dzięki dłuższemu użytkowaniu samic w stadach.
3. Najbardziej korzystnymi cechami dotyczącymi rozrodu charakteryzowały się maciorki z urodzeń bliźniaczych, których matki pochodziły również z cięż bliźniaczych. Dlatego w trakcie prowadzonej selekcji maciorek należy brać pod uwagę nie tylko jej typ urodzenia, ale także typ urodzenia matki. Korzystne wskaźniki rozrodu maciorek pochodzących z urodzeń bliźniaczych mogą być wynikiem segregacji pojedynczego genu o dużym efekcie w badanej populacji, co może stanowić przedmiot dalszych badań.
4. Obniżający się poziom kontrolowanych cech był najprawdopodobniej skutkiem pogarszających się z roku na rok warunków środowiska. Ujemne trendy środowiskowe oraz statystycznie istotny, negatywny wpływ roku urodzenia wskazują na konieczność poprawy warunków utrzymania zwierząt.
5. Spośród różnych wariantów modeli użytych do szacowania odziedziczalności masy ciała jagniąt w wieku 56 dni najbardziej efektywnym okazał się ten, który zawiera losowe efekty: addytywny bezpośredni, matczyny i trwałego środowiska matczynego. Odziedziczalność bezpośrednia uzyskana za pomocą powyższego modelu i metody REML wyniosła 0,202, zaś całkowita – 0,182. Wykazano jednocześnie ujemną zależność między efektem addytywnym bezpośrednim a matczynym, co utrudniać może równoczesne doskonalenie masy ciała i zdolności macierzyńskich matek. Stwierdzone stosunkowo niskie wartości wskaźników odziedziczalności mogą świadczyć o niewielkiej zmienności genetycznej, a tym samym o dużej zmienności środowiskowej masy ciała jagniąt w wieku 56 dni.

6. Wskaźniki odziedziczalności uzyskane przy użyciu modeli jedno- i czterocechowych w zakresie masy ciała w wieku 12 miesięcy były bardzo zbliżone (0,344-0,346). Dodatkowo, niskie korelacje genetyczne i fenotypowe pomiędzy masą ciała maciurek w wieku 12 miesięcy a ich indywidualną życiową plennością i użytkowością rozplodową wskazują, że masa maciorki w wieku 12 miesięcy może stanowić podstawę do prognozowania jej dalszej użytkowości reprodukcyjnej.
7. Najmniej obciążone błędem wskaźniki odziedziczalności długości użytkowania rozplodowego maciurek uzyskano, posługując się metodą próbkowania Gibbisa. Odziedziczalność cechy była niewielka – 0,07. Stwierdzono jednak relatywnie wysokie wartości (około 0,5) korelacji genetycznych i fenotypowych między długością użytkowania a życiową plennością i użytkowością rozplodową maciurek, które sugerują zasadność wykorzystania tego źródła informacji przy doskonaleniu genetycznym populacji merynosa polskiego.
8. Odziedziczalność liczby jagniąt urodzonych (0,060-0,105) i odchowanych (0,039-0,055), uzyskana za pomocą różnych modeli klasyfikacyjnych, wskazuje na niski udział założeń genetycznych w kształtowaniu fenotypu cech. Spośród zastosowanych modeli, ze względu na najmniejsze obciążenie błędem komponentu genetycznego, najbardziej adekwatnym do tego celu okazał się model progowy. Stwierdzono podobne uszeregowanie wartości hodowlanych zwierząt uzyskanych metodą BLUP-AM za pomocą modeli liniowych i progowych (> 0,95%), i w związku z tym mogą być one stosowane zamiennie.
9. Badania wykazały niską odziedziczalność masy miotu w wieku 56 dni (0,054-0,057), ale jednocześnie wysoką korelację genetyczną tej cechy z liczbą urodzonych jagniąt w miocie, od 0,723 do 0,757, w zależności od modelu. Stwierdzono wysokie, dodatnie korelacje rangowe między uszeregowaniem wartości hodowlanych zwierząt w zakresie masy miotu a ich uszeregowaniem pod względem masy ciała w wieku 56 dni, liczby jagniąt rodzonych i odchowywanych przez matki.
10. Oszacowane wskaźniki odziedziczalności dotyczące przeciętnej życiowej liczby jagniąt urodzonych i odchowanych, uzyskane za pomocą różnych modeli i metod, były do siebie zbliżone i wyniosły odpowiednio: 0,090-0,109 i 0,078-0,089.
11. Stwierdzono statystycznie istotny wpływ stada, wieku maciurek, typu urodzenia maciorki, typu urodzenia jagnięcia i jego matki oraz roku urodzenia na obliczone indeksy selekcyjne (lokalny, krajowy uwzględniający plenność i krajowy uwzględniający użytkowość rozplodową matki). Odziedziczalność indeksu lokalnego oszacowana metodą REML była wyraźnie niższa (0,055) aniżeli odziedziczalność obydwu indeksów krajowych (0,189; 0,138), zaś szacunki (ko)wariancji użyte przy jej wyznaczeniu obciążone

były większym błędem. Stwierdzono ponadto pewne rozbieżności odnośnie uszeregowania zwierząt według wymienionych indeksów (wskaźniki korelacji rangowych 0,758-0,880).

12. Stwierdzono dodatkowo, chociaż niskie trendy genetyczne w zakresie doskonalonych cech, co pozwala wnioskować, że praca hodowlana w objętych badaniami stadach merynosa polskiego prowadzona jest w dobrym kierunku. Istnieją jednak dalsze możliwości jej udoskonalenia. Spośród różnych kryteriów selekcyjnych najbardziej zasadne jest wykorzystanie indeksu BLUP (HT), stanowiącego sumę standaryzowanych wartości hodowlanych zwierzęcia w zakresie indywidualnej plenności maciurek i masy ciała jagnięcia w wieku 56 dni przemnażanych przez wagi ekonomiczne, odpowiednio: 2:1 oraz 1:1. W ramach prowadzonych badań wykazano, że zastąpienie obowiązującego indeksu fenotypowego indeksem HT pozwala oczekiwać większego postępu w zakresie liczby urodzonych jagniąt i ich masy ciała w wieku 56 dni.
13. Wyrównanie poziomu kontrolowanych cech użytkowych w badanej populacji merynosa polskiego można uzyskać drogą transferu postępu genetycznego za pomocą tryków ocenionych metodą BLUP. Zastosowaniu metody BLUP w hodowli owiec winna towarzyszyć organizacja banków nasienia oraz inseminacji.
14. Wyniki badań dotyczące środowiskowych i genetycznych źródeł zmienności cech użytkowych owiec, pozwalające ustalić stopień odziedziczalności, genetyczne zależności między cechami oraz oszacowanie wartości hodowlanej zwierząt metodą BLUP-AM z użyciem różnych modeli liniowych i progowych, mogą być wykorzystane przy opracowaniu nowego programu hodowlanego dla merynosa polskiego.

PIŚMIENNICTWO

- [1] Abdel-Azim G.A., Berger P.J., 1999. Properties of threshold model predictions. *J. Anim. Sci.* 77, 582-590.
- [2] Abdulkhaliq A.M., Harvey W.R., Parker C.F., 1989. Genetic parameters for ewe productivity traits in the Columbia, Suffolk and Targhee breeds. *J. Anim. Sci.* 67(12), 3250-3257.
- [3] Abegaz S., Duguma G., Negussie E., Gelmesa U., Terefe F., Rege J.E.O., 2002. Factors affecting reproductive performance and estimates of genetic parameters of litter size in Horro sheep. *J. Agri. Sci.* 139, 79-85.
- [4] Abegaz S., Negussie E., Duguma G., Rege J.E.O., 2002. Genetic parameter estimates for growth traits in Horro sheep. *J. Anim. Breed. Genet.* 119(1), 35-45.
- [5] Al-Shorepy S.A., Notter D.R., 1997. Response to selection for fertility in a fall-lambing sheep flock. *J. Anim. Sci.* 75, 2033-2040.
- [6] Altarriba J., Varona L., Garcia-Cortés L.A., Moreno C., 1998. Bayesian inference of variance components for litter size in rasa Aragonesa sheep. *J. Anim. Sci.* 76, 23-28.
- [7] Analla M., Montilla J.M., Serradilla J.M., 1998. Analyses of lamb weight and ewe litter size in various lines of Spanish Merino sheep. *Small Rum. Res.* 29(3), 255-259.
- [8] Arango J., Misztal I., Tsuruta S., Culbertson M., Holl J.W., Herring W., 2006. Genetic study of individual preweaning mortality and birth weight in Large White piglets using threshold-linear models. *Livest. Sci.* 101, 208-218.
- [9] Atti N., Thiérez M., Abdennebi L., 2001. Relationships between ewe body condition at mating and reproductive performance in the fat-tailed Barbarine breed. *Anim. Res.* 50, 135-144.
- [10] Bagnicka E., 2006. Indeksy selekcyjne uwzględniające cechy mleczności kóz mlecznego typu użytkowego oraz propozycja indeksu selekcyjnego dla cech funkcjonalnych. *Pr. Mat. Zoot., Monogr. i Rozp.* 16.
- [11] Bagnicka E., Łukaszewicz M., 1999. Szacowanie wartości hodowlanej bydła mlecznego. *Pr. Mat. Zoot.* 55, 51-63.
- [12] Bagnicka E., Łukaszewicz M., 1999. Użytkowość mleczna i ocena wybranych modeli szacowania wartości hodowlanej kóz mlecznych w Polsce. *Pr. Mat. Zoot.* 54, 35-42.
- [13] Bagnicka E., Łukaszewicz M., Distl O., Hamann H., 2002. Genetic and environmental trends in Polish dairy goat. *Anim. Sci. Papers and Reports* 20(4), 195-202.
- [14] Bagnicka E., Łukaszewicz M., Słoniewski K., 2003. Propozycja indeksu selekcyjnego dla kóz mlecznych. *Symp. Nauk. Systemy identyfikacji zwierząt w hodowli i ochronie zdrowia kóz, SGGW, Warszawa*, 61-64.

- [15] Banos G., Arsenos G., Abas Z., Basdagianni Z., 2005. Population parameter estimation of daily milk yield of the Chios sheep using test-day random regression models and Gibbs sampling. *Anim. Sci.* 81, 233-238.
- [16] Bednarczyk M., Kiełczewski K., Szwaczkowski T., 2000. Porównanie wartości hodowlanej kur nieśnych, szacowanej na podstawie indeksu rodzinowego i modelu zwierzęcia. *Rocz. Nauk. Zoot.* 27(1), 99-114.
- [17] Bek-Kaczkowska I., Chudoba K., 2000. Wartość hodowlana ogierów półkrwi szacowana metodą BLUP Animal Model. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 50, 43-50.
- [18] Belhajyahia T., Blouin C., Langlois B., Harzalla H., 2003. Breeding evaluation of arab horses from their racing results in Tunisia by a BLUP with an animal model approach. *Anim. Res.* 52, 481-488.
- [19] Bernacka H., Dankowski A., Napieraj M., 2000. Poziom brakowania maciorek w wybranych stadach merynosa polskiego w okresie zmian kierunków użytkowania w owczarstwie. *Zesz. Nauk. ATR w Bydgoszczy, Zootechnika* 32, 25-38.
- [20] Binns S.H., Cox I.J., Rizvi S., Green L.E., 2002. Risk factors for lamb mortality on UK sheep farms. *Prev. Vet. Med.* 52(3-4), 287-303.
- [21] Boujenane I., Kansari J., 2002. Estimates of (co)variances due to direct and maternal effects for body weights in Timahdite sheep. *Anim. Sci.* 74, 409-414.
- [22] Bromley C.M., Snowden G.D., van Vleck L.D., 2000. Genetic parameters among weight, prolificacy and wool traits of Columbia, Polypay, Rambouillet and Targhee sheep. *J. Anim. Sci.* 78, 846-858.
- [23] Bromley C.M., van Vleck L.D., Snowden G.D., 2001. Genetic correlations for litter weight weaned with growth, prolificacy and wool traits in Columbia, Polypay, Rambouillet and Targhee sheep. *J. Anim. Sci.* 79(2), 339-346.
- [24] Burfening P.J., Carpio M.P., 1993. Genetic and environmental factors affecting growth rate and survival of Junin sheep in the central highlands of Peru. *Small. Rum. Res.* 11(3), 275-287.
- [25] Chudoba K., 1996. Szanse zastosowania BLUP – Animal Model w ocenie wartości hodowlanej owiec mlecznych w Polsce. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 30, 9-16.
- [26] Clément V., Bibé B., Verrier E., Elsen J.M., Manfredi E., Bouix J., Hanocq E., 2001. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. *Genet. Sel. Evol.* 33(4), 369-395.
- [27] Cloete S.W.P., Greeff J.C., Lewer R.P., 2001. Environmental and genetic aspects of survival and early liveweight in Western Australian Merino sheep. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 31(2), 123-130.
- [28] Cloete S.W.P., van Vyk J.B., Naser F.W.C., 2004. Estimates of genetic and environmental (co)variances for live weight and fleece traits in yearling South African Mutton Merino sheep. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 34(1), 37-43.

- [29] Conington J., Bishop S.C., Grundy B., Waterhouse A., Simm G., 2001. Multi-trait selection indexes for sustainable UK hill sheep production. *Anim. Sci.* 73, 413-423.
- [30] Dankowski A., Bernacka H., 1994. Termin wystąpienia rui w czasie stonówki owiec merynosowych oraz jego związek z płodnością i plennością. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 13, 97-102.
- [31] Dankowski A., Bernacka H., Musialik B., 1997. Próba oceny wpływu masy ciała w 70 dniu i 12 miesiącu życia na płodność i plenność maciorek merynosowych w pierwszym roku ich użytkowania. *Zesz. Nauk ATR w Bydgoszczy, Zootechnika* 29, 11-15.
- [32] Dankowski A., Bernacka H., Szczytniewska A., Janicki B., Ślubowska B., 1997. Wykorzystanie produkcyjne i hodowlane potomstwa owiec rasy merynos polski z urodzeń bliźniaczych i pojedynczych. *Zesz. Nauk ATR w Bydgoszczy, Zootechnika* 29, 5-10.
- [33] Dankowski A., Borys B., Miller M., Mandecka B., 2002. Obserwacje użytkowości rozplodowej owiec matek merynosa polskiego i mieszańców z rasami plennymi, w zależności od pochodzenia z miotów bliźniaczych o jednakowej lub różnej płci jagniąt. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 63, 43-49.
- [34] Davis G.H., 2005. Major genes affecting ovulation rate in sheep. *Genet. Sel. Evol.* 37 (Suppl. 1), 11-23.
- [35] Dempster E.R., Lerner I.M., 1950. Heritability of threshold characters. *Genetics* 35, 212-236.
- [36] Dixit S.P., Dhillon J.S., Singh G., 2001. Genetic and non-genetic parameter estimates for growth traits of Bharat Merino lambs. *Small Rum. Res.* 42(2), 101-104.
- [37] Dobek A., Wójtowski J., Szwaczkowski T., Moliński K., Gut A. 2004. Genetic variability for birth and fourth week weights in sheep. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 47, Special Issue, 64-72.
- [38] Drożdż A., 1986. Czynniki wpływające na plenność owiec. *Biul. Inf. IZ* 4, 39-54.
- [39] Duangjinda M., Misztal I., Bertrand J.K., Tsuruta S., 2001. The empirical bias of estimates by restricted maximum likelihood, Bayesian method and Method R under selection for additive, maternal, and dominance models. *J. Anim. Sci.* 79(12), 2991-2996.
- [40] Duguma G., Schoeman S.J., Cloete S.W.P., Jordaan G.F., 2002. Genetic and environmental parameters for ewe productivity in Merinos. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 32(3), 154-159.
- [41] Duguma G., Schoeman S.J., Cloete S.W.P., Jordaan G.F., 2002. Genetic parameter estimates of early growth traits in the Tygerhoek Merino flock. *J. Anim. Sci.* 32(2), 66-75.
- [42] Duniec H., Różycki M., Szewczyk A., 1995. Ocena w stadzie zamkniętym wartości hodowlanej świń pod względem przyrostów dziennych i grubości słoniny. *Rocz. Nauk. Zoot.* 22(2), 75-89.

- [43] Ercanbrack S.K., Knight A.D., 1998. Responses to various selection protocols for lamb production in Rambouillet, Targhee, Columbia and Polypay sheep. *J. Anim. Sci.* 76, 1311-1325.
- [44] Falańczyk K., Piwczyński D., Cegła B., Bartuzi Z., 2007. Wpływ alergenów zwierzęcych na występowanie chorób alergicznych układu oddechowego u ludzi. *Med. Wet.* 63(5), 549-553.
- [45] Fogarty N.M., 1995. Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: a review. *Anim. Breed. Abstr.* 63, 101-144.
- [46] Gates P.J., Urioste J.I., 1995. Heritability and sire genetic trend for litter size in Swedish sheep estimated with linear and threshold models. *Acta Agric. Scand., Sect. A, Anim. Sci.* 45(4), 228-235.
- [47] Gianola D., 1982. Theory and analysis of threshold characters. *J. Anim. Sci.* 54, 1079-1096.
- [48] Gibson J.P., Jeyaruban J.G., 1993. The effects of BLUP evaluations, population size and restrictions on selection of close relatives on response and inbreeding in egg-laying poultry. *Proc. Nat. Breeders Roundtable, St. Louis, Missouri*, 1-7.
- [49] Gruszecki T., Lipecka Cz., 2002. Ocena realizacji krajowego programu poprawy plenności owiec i zamierzenia na przyszłość. *Prz. Hod.* 6, 10-12.
- [50] Grużewska A., 1996. Efekty pracy hodowlanej na tle analizy genetycznej maciorek rasy leine. *Rocz. Nauk. Zoot.* 23(4), 39-51.
- [51] Guan F., Liu S.-R., Shi G.-Q., Yang L.-G., 2007. Polymorphism of FecB gene in nine sheep breeds or strains and its effects on litter size, lamb growth and development. *Anim. Reprod. Sci.* 99, 44-52.
- [52] Gut A., Ślósarz P., Szwaczkowski T., 2001. Genetic trends of some performance traits in Whiteheaded Mutton sheep. *Czech J. Anim. Sci.* 46(8), 363-369.
- [53] Gut A., Ślósarz P., Turczynowski Ł., 2002. Analiza efektów uszlachetniającego krzyżowania merynosa polskiego i owcy wielkopolskiej z owcą romanowską. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 63, 11-18.
- [54] Hagger C., 2002. Multitrait and repeatability estimates of random effects on litter size in sheep. *Anim. Sci.* 74, 209-216.
- [55] Hanford K.J., Snowden G.D., van Vleck L.D., 2003. Models with nuclear, cytoplasmic and environmental effects for production traits of Columbia sheep. *J. Anim. Sci.* 81, 1926-1932.
- [56] Hanford K.J., van Vleck L.D., Snowden G.D., 2002. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia sheep. *J. Anim. Sci.* 80(3), 3086-3098.
- [57] Hanford K.J., van Vleck L.D., Snowden G.D., 2003. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Targhee sheep. *J. Anim. Sci.* 81(3), 630-640.

- [58] Heller K., 1990. Typ urodzenia a wartość niektórych cech użytkowych i ich odziedziczalność u macierek merynosa polskiego. *Prz. Nauk. Lit. Zoot.* XXXV, 25-30.
- [59] Henderson C.R., 1949. Estimation of changes in herd environment. *J. Dairy Sci.* 32, 706.
- [60] Hodowla owiec i kóz w Polsce w 1985, 1995-2007. 1986, 1996-2008, PZO Warszawa.
- [61] Jamrozik J., 1992. Ocena wartości hodowlanej buhajów i krów w obrębie stada przy użyciu modelu zwierzęcia. *Zesz. Nauk. AR w Krakowie, Rozpr. habilitacyjna* 172.
- [62] 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 Sci.* 74, 1566-1576.
- [63] Jørgensen J.N., 1994. Estimation of genetic parameters for litter size in sheep using non-linear method. *Acta Agric. Scand., Sect. A, Anim. Sci.* 44(1), 8-11.
- [64] Jurado J.J., Alonso A., Alenda R., 1994. Selection response for growth in a Spanish Merino flock. *J. Anim. Sci.* 72, 1433-1440.
- [65] Kadarmideen H.N., Thompson R., Simm G., 2000. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. *Anim. Sci.* 71, 411-419.
- [66] Kałuża H., 1998. Wstępny przegląd metod oceny wartości hodowlanej owiec i ich doskonalenia w wybranych krajach świata i w Polsce. *Pr. Mat. Zoot.* 53, 21-34.
- [67] Kałuża H., 2000. Metody oceny wartości hodowlanej owiec stosowane w Polsce i możliwości ich doskonalenia. *Wyd. AP w Siedlcach, Rozpr. naukowa* 64.
- [68] Kamińska A., Lipecka Cz., 2005. Wstępna ocena wzrostu jagniąt linii krzyżowniczej w okresie odchowu. *Rocz. Nauk. Zoot., Supl.*, 21, 61-64.
- [69] Karaca O., Cemal I., Atay O., 2000. The performance and repeatability estimation of litter size and milk yield traits in regional synthetic Cine Type sheep. *Book of Abstracts of the EAAP 51th – Annual Meeting, Haga*, 312.
- [70] Kareta W., Cegła M., 2001. Ekonomiczne uwarunkowania inseminacji owiec. *Rocz. Nauk. Zoot., Supl.*, 11, 397-401.
- [71] Kennedy B.W., Trus D., 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under an Animal Model. *J. Anim. Sci.* 71, 2341-2352.
- [72] Klei B., Tsuruta S., 2008. Approximate variance for heritability estimates http://nce.ads.uga.edu/html/projects/AI_SE.pdf
- [73] Klewiec J., Martyniuk E., Gabryszuk M., 2001. Effect of different shares of the Booroola genotype on growth rate and reproduction performance of crosses with Polish Merino. *Anim. Sci. Papers and Reports* 19(2), 123-130.

- [74] Korman K., Osikowski M., 1998. Produkcyjność owiec kamienieckich i wielkopolskich oraz ich mieszańców z rasami plennymi w świetle badań ZZD Kołuda Wielka. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 37, 95-108.
- [75] Korman K., Osikowski M., 1999. Wstępne badania nad wpływem owcy fryzyjskiej na użytkowość rozplodową i mleczną mieszańców owiec krajowych i plennych. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 43, 143-149.
- [76] Kowaliszyn B., Mroczkowski S., 2005. Wpływ typu urodzenia maciorki i jej rodziców na wybrane cechy użytkowe owiec. *Rocz. Nauk. PTZ* 1, Supl. 2, 83-90.
- [77] Kowaliszyn B., Mroczkowski S., 2005. Wykorzystanie drzew klasyfikacyjnych w ocenie użytkowości rozplodowej owiec. *Pr. Kom. Nauk Rol. Biol. BTN B(55)*, 89-96.
- [78] Kowaliszyn B., Piwczyński D., Mroczkowski S., 2004. Heritability of reproductive traits in Polish Merino flock estimated using linear model (animal and sire). *Sborník příspěvků studentů DSP z konference s mezinárodní účastí, České Budějovice, I*, 163-165.
- [79] Krupiński J., 2005. Nowelizacja programu hodowli owiec. [w:] *Biologiczne i kulturowe aspekty gospodarki owczarskiej* pod red. Z. Mirek, A. Nikiel, W. Paul. Wyd. AR i Instytut Botaniki PAN w Krakowie, 95-104.
- [80] Kulisiewicz Z., 1998. BLUP – teoria, historia, zastosowanie. *Pr. Mat. Zoot.* 53, 7-20.
- [81] Lee D., Misztal I., Bertrand J.K., Rekaya R., 2002. National evaluation for calving ease, gestation length and birth weight by linear and threshold model methodologies. *J. Appl. Genet.* 43(2), 209-216.
- [82] Lee J.W., Waldron D.F., van Vleck L.D., 2000. Parameter estimates for number of lambs born at different ages for 18-month body weight of Rambouillet sheep. *J. Anim. Sci.* 78, 2086-2090.
- [83] Lewis R.M., Simm G., 2000. Selection strategies in sire referencing schemes in sheep. *Livest. Prod. Sci.* 67, 129-141.
- [84] Lipecka Cz., Gruszecki T., 1991. Wskaźniki rozrodu macierek polskich owiec nizinnych w zależności od terminu stanowienia w okresie roku. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 4, 146-152.
- [85] Lipecka Cz., Gruszecki T., Pięta M., Szymanowska A., Patkowski K., 1999. Ocena wskaźników rozrodu macierek mieszańców dwu- i trójrasowych. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 43, 159-165.
- [86] Liu Y.X., Zhang J., Schaeffer L.R., Yang R.Q., Zhang W.L., 2006. Optimal random regression models for milk production in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 89, 2233-2235.
- [87] Łukaszewicz M., 1992. Wykorzystanie współczesnych osiągnięć genetyki cech ilościowych w programach hodowlanych. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 6, 19-30.
- [88] McCarter R.J., Hempe J.M., Gomez R., Chalew S.A., 2004. Biological variation in HbA_{1c} predicts risk of retinopathy and nephropathy in type 1 diabetes. *Diabetes Care* 27(6), 1259-1264.

- [89] Maniatis N., Pollott G.E., 2003. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. *J. Anim. Sci.* 81(1), 101-108.
- [90] Mannen H., Kojima T., Oyama K., Mukai F., Ishida T., Tsuji S., 1998. Effect of mitochondrial DNA variation on carcass traits of Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.* 76, 36-41.
- [91] Maria G.A., Boldman K.G., van Vleck L.D., 1993. Estimates of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Romanov sheep. *J. Anim. Sci.* 71, 845-849.
- [92] Matika O., van Wyk J.B., Erasmus G.J., Baker R.L., 2001. Phenotypic and genetic relationships between lamb and ewe traits for the Sabi sheep of Zimbabwe. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 31(3), 215-222.
- [93] Matika O., van Wyk J.B., Erasmus G.J., Baker R.L., 2003. Genetic parameter estimates in Sabi sheep. *Livest. Prod. Sci.* 79(1), 17-28.
- [94] Matos C.A.P., Thomas D.L., Gianola D., Tempelman R.J., Young L.D., 1997. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. *J. Anim. Sci.* 75, 76-87.
- [95] Matos C.A.P., Thomas D.L., Gianola D., Perez-Enciso M., Young L.D., 1997. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: II. Goodness of fit and predictive ability. *J. Anim. Sci.* 75, 88-94.
- [96] Misztal I., 2007. BLUPF90 family of programs.
<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/programs.html>
- [97] Moczko J.A., 2003. Analiza czasów przeżycia w badaniach medycznych. *Neuroskop* 1(5), 121-126.
- [98] Molina A., Menéndez-Buxadera A., Valera M., Serradilla J.M., 2007. Random regression model of growth during the first three months of age in Spanish Merino sheep. *J. Anim. Sci.* 85, 2830-2839.
- [99] Mousa E., van Vleck L.D., Leymaster K.A., 1999. Genetic parameters for growth traits for a composite terminal sire breed of sheep. *J. Anim. Sci.* 77, 1696-1665.
- [100] Mroczkowski S., 1984. Porównanie niektórych cech użytkowości maciorek merynosa polskiego z urodzeń pojedynczych i bliźniaczych. *Zesz. Nauk. ATR w Bydgoszczy, Zootechnika* 9, 79-86.
- [101] Mroczkowski S., 1986. Korelacje genetyczne i fenotypowe między płodnością i plennością a niektórymi innymi cechami młodych maciorek merynosowych. *Zesz. Nauk. Rol.* 303, 159-168.
- [102] Mroczkowski S., 1991. Selekcja młodych maciorek merynosa polskiego a ich późniejsza produkcyjność. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 4, 92-99.
- [103] Mroczkowski S., Baranowski A., Piwczyński D., 1998. Analiza hodowli merynosa polskiego w woj. bydgoskim w latach 1975-1996. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 37, 45-55.

- [104] Mroczkowski S., Piwczyński D., Baranowski A., 1998. Aktualna sytuacja w chowie i hodowli owiec w województwie bydgoskim. *Nauka w Polskiej Zootechnice XXI wieku. Symp. Nauk.*, AR Lublin, 183-184.
- [105] Mulder Han A., Bijma P., Hill W.G., 2008. Selection for uniformity in livestock by exploiting genetic heterogeneity of residual variance. *Genet. Sel. Evol.* 40(1), 37-59.
- [106] Naazie A., Makarechian M., Berg R.T., 1991. Genetic, phenotypic, and environmental parameter estimates of calving difficulty, weight, and measures of pelvic size in beef heifers. *J. Anim. Sci.* 69, 4793-4800.
- [107] Nash M.L., Hungerford L.L., Nash T.G., Zinn G.M., 1996. Risk factors for perinatal and postnatal mortality in lambs. *Vet. Rec.* 139(3), 64-67.
- [108] Näsholm A., 1996. Application of an animal model in genetic evaluation of rams in the Swedish Sheep Recording Scheme. *Book of Abstracts of the EAAP 47th – Annual Meeting*, Lillehammer, 328.
- [109] Näsholm A., Danell Ö., 1996. Genetic relationships of lamb weight, maternal ability and mature ewe weight in Swedish Finewool Sheep. *J. Anim. Sci.* 74, 329-339.
- [110] Nawara W., Osikowski W., Kluz I., Modelska M., 1963. Wycena tryków na podstawie wartości potomstwa w stacjach oceny tryków Instytutu Zootechniki za rok 1962. *IZ Kraków*.
- [111] Neerhof H.J., Madsen P., Ducrocq V.P., Vollema A.R., Jensen J., Korsgaard I.R., 2000. Relationships between mastitis and functional longevity in Danish Black and White dairy cattle estimated using survival analysis. *J. Dairy Sci.* 83, 1064-1071.
- [112] Naser F.W.C., Erasmus G.J., van Wyk J.B., 2000. Genetic studies on the South African Mutton Merino: growth traits. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 30(3), 172-177.
- [113] Naser F.W.C., Erasmus G.J., van Wyk J.B., 1998. An investigation into possible genotype x environment interactions for weaning weight in South African Mutton Merino sheep. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 28(3/4), 179-184.
- [114] Niedziółka R., Pieniak-Lendzion K., 2005. Wpływ wieku i typu urodzenia na użytkowość rozplodową maciorek rasy Berrichonne du Cher. *Rocz. Nauk. Zoot., Supl.*, 21, 45-49.
- [115] Niżnikowski R., Rant W., 2003. Efekty pracy hodowlanej prowadzonej w kierunku doskonalenia cech rozrodu u polskich owiec nizinnych odmiany żelaźnieńskiej. *Rocz. Nauk. Zoot.* 30(2), 283-296.
- [116] Niżnikowski R., Rant W., Gliński M., Czarniak B., 1999. Poziom cech rozrodu u polskich owiec nizinnych odmiany żelaźnieńskiej, wrzosówek polskich i ich mieszańców. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 43, 175-182.
- [117] Niżnikowski R., Rant W., Popielarczyk D., 2007. Wpływ wybranych czynników na cechy rozrodu i masy ciała polskich owiec nizinnych odmiany żelaźnieńskiej. *Rocz. Nauk. PTZ* 3(2), 79-87.

- [118] Notter D.R., 1998. The U.S. national sheep improvement program: across-flock genetic evaluations and new trait development. *J. Anim. Sci.* 76, 2324-2330.
- [119] Notter D.R., Hough J.D., 1997. Genetic parameter estimates for growth and fleece characteristics in Targhee sheep. *J. Anim. Sci.* 75, 1729-1737.
- [120] Okut H., Bromley C.M., van Vleck L.D., Snowden G.D., 1999. Genotypic expression at different ages: I. Prolificacy traits of sheep. *J. Anim. Sci.* 77, 2357-2365.
- [121] Olesen I., Perez-Enciso M., Gianola D., Thomas D.L., 1994. A comparison of normal and nonnormal mixed models for number of lambs born in Norwegian sheep. *J. Anim. Sci.* 72(5), 1166-1173.
- [122] Olivier W.J., Snyman M.A., Olivier J.J., van Wyk J.B., Erasmus G.J., 2001. Direct and correlated responses to selection for total weight of lamb weaned in Merino sheep. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 31(2), 115-121.
- [123] Patkowska-Sokoła B., Barczyńska E., 1985. Wpływ wieku matek merynosowych na ich wskaźniki rozrodu. *Pr. Mat. Zoot.* 36, 45-51.
- [124] Piestrak T., Kosiek A., Ciuryk S., Kalinowska B., Kaczor U., 1992. Cechy budowy przystępek w centrum mięsnym merynosa polskiego. *Zesz. Nauk. AR w Krakowie, Zootechnika* 28, 171-182.
- [125] Pięta M., 1991. Narastanie inbrodu w owczarni Uhrusk oraz jego wpływ na produktyjność. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 4, 100-105.
- [126] Pięta M., 1993. Analiza genetyczna produktyjności w celu wyboru metod prowadzenia pracy hodowlanej nad polską owcą nizinna w rejonie środkowo-wschodniej Polski. *Wyd. AR w Lublinie, Rozpr. habilitacyjna* 149.
- [127] Pięta M., Patkowski K., 2002. Wyniki rozrodu maciorek owcy uhruskiej w zależności od masy ciała i kondycji przed stanówką. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 63, 19-25.
- [128] Piles M., Sánchez J.P., Orengo J., Rafel O., Ramon J., Baselga M., 2006. Crossbreeding parameters estimation for functional longevity in rabbits using survival analysis methodology. *J. Anim. Sci.* 84, 58-62.
- [129] Piwczyński D., 2003. Wybrane cechy użytkowości reprodukcyjnej owiec rasy merynos polski. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 70, 59-63.
- [130] Piwczyński D., 2004. Odziedziczalność oraz powtarzalność wybranych cech reprodukcyjnych owiec rasy merynos polski. *Zesz. Nauk. ATR w Bydgoszczy, Zootechnika* 34, 29-33.
- [131] Piwczyński D., 2004. Użytkowość reprodukcyjna matek merynosowych w zależności od kolejnego wykotu i typu urodzenia. *Pr. Kom. Nauk Rol. Biol. BTN B(53)*, 167-172.
- [132] Piwczyński D., 2007. Statystyczna analiza śmiertelności jagniąt za pomocą regresji logistycznej. *Rocz. Nauk. PTZ* 3(1), 19-26.
- [133] Piwczyński D., Kowalishyn B., Mroczkowski S., Włodarczak M., 2004. Parametry genetyczne cech reprodukcyjnych owiec rasy merynos polski oszacowane z wykorzystaniem różnych modeli liniowych. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 72(3), 15-21.

- [134] Piwczyński D., Mroczkowski S., 1999. Użytkowość matek mieszańców R1 i R2 pochodzących z krzyżowania wypierającego ras merynos polski i suffolk. Zesz. Nauk. ATR w Bydgoszczy, Zootechnika 30, 17-23.
- [135] Piwczyński D., Mroczkowski S., 2000. Ocena wzrostu mieszańców R₂ i R₃ pochodzących z krzyżowania owiec ras merynos polski i suffolk. Zesz. Nauk. ATR w Bydgoszczy, Zootechnika 32, 13-24.
- [136] Piwczyński D., Mroczkowski S., 2005. Wpływ płci i typu urodzenia na masę ciała jagniąt rasy merynos polski. Pr. Kom. Nauk Rol. Biol. BTN B(55), 137-141.
- [137] Piwczyński D., Mroczkowski S., 2005. Zastosowanie regresji logistycznej w analizie wybranych cech rozrodu owiec. Roczn. Nauk. PTZ 1, Supl. 2, 49-58.
- [138] Piwczyński D., Walda M., Mroczkowski S., 2006. Ocena wartości hodowlanej owiec rasy merynos polski z wykorzystaniem metody BLUP – Animal Model. Pr. Kom. Nauk Rol. Biol. BTN B(60), 51-56.
- [139] Program doskonalenia pogłowia owiec do roku 2010, 1996. Departament Produkcji Zwierzęcej Ministerstwa Rolnictwa i Gospodarki Żywnościowej.
- [140] Ptak E., 2004. Oszacowanie wartości genetycznej bydła mlecznego na podstawie udojów próbnych. Zesz. Nauk. AR w Krakowie, Rozprawy 298.
- [141] Quaas R.L., Pollak E.J., 1980. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. J. Anim. Sci. 51(6), 1277-1287.
- [142] Ramirez-Valverde R., Misztal I., Bertrand J.K., 2001. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. J. Anim. Sci. 79, 333-338.
- [143] Rant W., Niżnikowski R., Radzik-Rant A., 2005. Masa miotu urodzonego w stadzie owcy żelaźniejskiej selekcyonowanej w kierunku wysokiej plenności. Roczn. Nauk. Zoot., Supl., 21, 57-60.
- [144] Rao S., Notter D.R., 2000. Genetic analysis of litter size in Targhee, Suffolk and Polypay sheep. J. Anim. Sci. 78, 2113-2120.
- [145] 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. Can. J. Anim. Sci. 69, 315-322.
- [146] Röhe R., Savas T., Kalm E., 2000. Development of a genetic model to improve overall reproduction in sheep. Book of Abstracts of the 51th – Annual Meeting of the EAAP, Haga, 297.
- [147] Rosati A., Mousa E., van Vleck L.D., Young L.D., 2002. Genetic parameters of reproductive traits in sheep. Small Rum. Res. 43, 65-74.
- [148] 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 pod red. D. Dobrowolskiej. Wyd. IZ, Kraków, 36-44.

- [149] Różycki M., Żak G., 2000. Ocena wartości hodowlanej świń metodą BLUP Model Zwierzęcia. *Prz. Hod.* 68(6), 26-27.
- [150] Rychlik T., 2000. Badania wiarygodności rodowodów owiec w latach 1996-2000. *Biul. Inf. IZ* 38(4), 35-42.
- [151] Rzepecki R., 1993. Trzydzieści lat oceny wartości hodowlanej owiec w Instytucie Zootechniki i jej wpływ na owczarstwo krajowe. *Prz. Hod.* 10, 22-25.
- [152] Rzepecki R., Krupiński J., 1994. Poprawa wskaźników reprodukcji u owiec rasy merynos. *Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod.* 13, 111-116.
- [153] Saatci M., Ap Dewi I., Ulutas Z., 1999. Variance components due to direct and maternal effects and estimation of breeding values for 12-week weight of Welsh Mountain lambs. *Anim. Sci.* 69, 345-352.
- [154] Saboulard M., Russell W.C., Riley M.L., 1995. Selection for lambing rate and clean fleece weight in sheep. *J. Anim. Sci.* 73, 3195-3198.
- [155] SanCristobal-Gaudy M., Bodin L., Elsen J.-M., Chevalet C., 2001. Genetic components of litter size variability in sheep. *Genet. Sel. Evol.* 33(3), 249-271.
- [156] SanCristobal-Gaudy M., Elsen J.-M., Bodin L., Chevalet C., 1998. Prediction of the response to a selection for canalisation of a continuous trait in animal breeding. *Genet. Sel. Evol.* 30(5), 423-451.
- [157] SAS Institute Inc. 2003, SAS/STAT User's guide, Version 9.1, Cary, NC, SAS Institute Inc.
- [158] Schenkel F.S., Schaeffer L.R., Boettcher P.J., 2002. Comparison between estimation of breeding values and fixed effects using Bayesian and empirical BLUP estimation under selection on parents and missing pedigree information. *Genet. Sel. Evol.* 34, 41-59.
- [159] Shaat I., Galal S., Mansour H., 2004. Genetic trends for lamb weights in flocks of Egyptian Rahmani and Ossimi sheep. *Small Rum. Res.* 51, 23-28.
- [160] Snyman M.A., Erasmus G.J., van Wyk J.B., 1998. The possible genetic improvement of reproduction and survival rate in Afrino sheep using a threshold model. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 28(2), 120-124.
- [161] Snyman M.A., Erasmus G.J., van Wyk J.B., Olivier J.J., 1998. Genetic and phenotypic correlations among production and reproduction traits in Afrino sheep. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 28(2), 74-81.
- [162] Sousa W.H., Pereira C.S., Bergmann J.A.G., da Silva F.L.R., 2000. Estimates of components of variance and genetic parameters for reproductive traits by means of linear and threshold models. *Rev. Bras. Zoot. J. Anim. Sci.* 29(2), 2237-2247.
- [163] Southey B.R., Rodriguez-Zas S.L., Leymaster K.A., 2001. Survival analysis of lamb mortality in a terminal sire composite population. *J. Anim. Sci.* 79, 2298-2306.
- [164] Stanisz A., 2008. Regresja logistyczna. *Medycyna Praktyczna*.
<http://www.mp.pl/artykuly>

- [165] Stanisław A., 2008. Analiza przeżycia. Medycyna Praktyczna.
<http://www.mp.pl/artykuly>
- [166] Steppa R., Kozal E., 1991. Genetyczne parametry wybranych cech produkcyjnych owcy wielkopolskiej w stadzie Brody. Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod. 4, 37-43.
- [167] Stolbart R.H., Blackwell R.L., Cartwright T.C., Bassett J.W., 1987. Relationships between growth and productivity of range ewes. J. Anim. Sci. 65(4), 929-935.
- [168] Strabel T., Szyda J., Ptak E., Jamrozik J., 2005. Comparison of random regression test-day models for polish black and white cattle. J. Dairy Sci. 88, 3688-3699.
- [169] Szczepański W., Milewski S., Czarniawska-Zajac A., 2005. Wskaźniki rozrodu owcy kamienieckiej i charollaise w trzech latach użytkowania. Roczn. Nauk. Zoot., Supl., 21, 29-32.
- [170] Szewczyk A., 2004. Próba zastosowania modelu wielozmiennego do oceny wartości hodowlanej owiec rasy suffolk metodą BLUP-model zwierzęcia. Roczn. Nauk. Zoot. 31(2), 201-208.
- [171] Szewczyk A., 2005. Ocena wartości hodowlanej owiec w Polsce. [w:] Biologiczne i kulturowe aspekty gospodarki owczarskiej pod red. Z. Mirek, A. Nikiel, W. Paul. Wyd. AR i Instytut Botaniki PAN w Krakowie, 89-94.
- [172] Szwaczkowski T., Wężyk S., Cywa-Benko K., 1997. Animal model vs classical selection index in the breeding value estimation of laying hans. Anim. Sci. Papers and Reports 15(1), 47-53.
- [173] Szwaczkowski T., Wójtowski J., Stanisławska E., Gut A., 2006. Estimates of maternal and permanent environmental effects in sheep. Arch. Tierz., Dummerstorf 49, Special Issue, 186-192.
- [174] Szyda J., 2001. Application of the covariance function approach with an iterative two-stage algorithm to the estimation of parameters of a random regression test day model for dairy production traits. J. App. Genet. 44(2), 177-191.
- [175] Szymanowska A., 1998. Straty jagniąt w okresie odchowu w zależności od niektórych czynników genetycznych. Ann. Univ. Mariae Curie-Skłodowska, Sect. EE, Zootechnica XVI(22), 161-166.
- [176] Ślósarz P., Gut A., Stanisław M., 1995. Wstępne wyniki oceny wartości hodowlanej tryków syntetycznej linii matecznej na podstawie stopnia owulacji ich półrodzeństwa. Zesz. Nauk. PTZ Prz. Hod. 19, 115-117.
- [177] Torzyński G., Sosnowski J., Szwaczkowski T., 1998. Wpływy mateczne u zwierząt gospodarskich. Prz. Hod. 4, 1-3.
- [178] Tosh J.J., Kemp R.A., 1994. Estimation of variance components for lamb weights in three sheep populations. J. Anim. Sci. 72(5), 1184-1190.
- [179] Tsuruta S., Misztal I., 2006. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. J. Dairy Sci. 89, Supl., 1, 15.

- [180] Turner H.N., Young S.S.Y., 1968. Quantitative genetics in sheep breeding. Macmillan Co. of Australia, Melbourne.
- [181] Varona L., Misztal I., Bertrand J.K., 1999. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: II. Comparison of models. *J. Anim. Sci.* 77, 2003-2007.
- [182] Vatankhah M., Poortahmasb A., Merzaei H.R., 2006. Estimation of performance and genetic parameters of reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep using linear and threshold models. Book of Abstracts of the EAAP -57th Annual Meeting, Antyla, 64.
- [183] Vleck van L.D., Snowden G.D., Hanford K.J., 2003. Models with cytoplasmic effects for birth, weaning, and fleece weights, and litter size at birth for a population of Targhee sheep. *J. Anim. Sci.* 81, 61-67.
- [184] Vollema A.R., Groen A.F., 1998. A comparison of breeding value predictors for longevity using a linear model and survival analysis. *J. Dairy Sci.* 81, 3315-3320.
- [185] Vollema A.R., van der Beek S., Harbers A.G.F., de Jong G., 2000. Genetic evaluation for longevity of Dutch dairy bulls. *J. Dairy Sci.* 83, 2629-2639.
- [186] Vries de M.J., van der Waaij E.H., van Arendonk J.A.M., 1998. Estimation of genetic parameters for litter size in sheep: a comparison of a repeatability and multivariate model. *Anim. Sci.* 66, 685-688.
- [187] Warren J.T., Mysterud I., 1995. Mortality of domestic sheep in free-ranging flocks in Southeastern Norway. *J. Anim. Sci.* 73, 1012-1018.
- [188] WE, 2003. 2003/100/EC Commission Decision of 13 February 2003 laying down minimum requirements for the establishment of breeding programmes for resistance to transmissible spongiform encephalopathies in sheep. Official Journal of the European Communities 041, 0041-0045.
- [189] Wężyk S., Szwaczkowski T., 1993. Zastosowanie modelu zwierzęcia w ocenie wartości hodowlanej kur nieśnych w Polsce – aktualne możliwości i perspektywy. *Biul. Inf. IZ* 1-2, 3-14.
- [190] Willham R.L., 1972. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *J. Anim. Sci.* 35(6), 1288-1293.
- [191] Wiśniewska E., 2008. Polimorfizm genu białka prionowego owiec i jego związek z wybranymi cechami produkcyjnymi. UTP w Bydgoszczy, rozprawa doktorska.
- [192] Yazdi M.H., Johansson K., Gates P., Näsholm A., Jorjani H., Liljedahl L.E., 1999. Bayesian analysis of birth weight and litter size in Baluchi sheep using gibbs sampling. *J. Anim. Sci.* 77, 533-540.
- [193] Żak G., Różycki M., 2002. Relationships between breeding values of polish landrace expressed as the selection index and the BLUP index. *Ann. Anim. Sci.* 2(2), 31-38.
- [194] Żak G., Różycki M., 2004. BLUP estimation of boar breeding value based on data of relatives related to different degree. *Anim. Sci. Papers and Reports* 22, Suppl. 3, 243-249.

- [195] Żarnecki A., 1994. Model zwierzęcia w programie hodowlanym. Zesz. Nauk. AR we Wrocławiu, Konferencje II, 245, 37-47.
- [196] Żuk B., 1989. Biometria stosowana. PWN Warszawa.

DOSKONALENIE CECH UŻYTKOWYCH MERYNOSA POLSKIEGO

Streszczenie

Celem podjętych badań było poznanie genetycznych oraz środowiskowych uwarunkowań masy ciała zwierząt w wieku 56 dni i 12 miesięcy, wieku maciorek przy brakowaniu, użytkowości reprodukcyjnej oraz indeksów selekcyjnych w populacji owiec rasy merynos polski w celu oceny oraz modyfikacji obowiązujących zasad pracy hodowlanej. Badaniami objęto materiał zwierzęcy liczący 8719 owiec matek rasy merynos polski, 624 tryków oraz 39442 sztuk ich potomstwa urodzonego w latach 1986-2003, które utrzymywano w 12 stadach z rejonu Pomorza i Kujaw.

Średnia masa ciała osobników męskich i żeńskich w wieku 56 dni i 12 miesięcy wyniosła odpowiednio: 17,11 i 76,54 kg oraz 16,24 i 52,67 kg. Średnia masa miotu w wieku 56 dni wyniosła 21,8 kg. Maciorki brakowano przeciętnie w wieku 6,25 roku, zaś tryki – 4,7 roku. Obliczone wskaźniki użytkowości reprodukcyjnej w zakresie badanych cech kształtowały się następująco: płodności – 93,4%, plenności – 1,35 sztuki na matkę, odchowu jagniąt – 90,81% i użytkowości rozplodowej – 1,16 sztuki na matkę.

Analizę eksploratywną masy ciała, liczby jagniąt odchowanych w sezonie rozplodowym, masy miotu, wskaźników życiowej użytkowości reprodukcyjnej maciorek, indeksów selekcyjnych oraz również częściowo wieku przy brakowaniu wykonano na podstawie wieloczynnikowej analizy wariancji. Statystyczną analizę wieku przy brakowaniu pogłębiono dodatkowo wykorzystując metodę Kaplana-Meiera. Wskaźniki użytkowości reprodukcyjnej maciorek w kolejnych sezonach rozplodowych analizowano za pomocą wielokrotnej regresji logistycznej (płodność, liczbę jagniąt urodzonych oraz upadki jagniąt). Wykazano statystyczny wpływ stada, typu urodzenia i płci jagniąt, wieku matek, a także roku urodzenia na masę ciała jagniąt w wieku 56 dni. Źródło zmienności masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy oraz wieku przy brakowaniu stanowiły: stado oraz rok urodzenia. Wskaźniki reprodukcji maciorek były różnicowane statystycznie czynnikiem stada, roku urodzenia lub wykotu, typu urodzenia, a ponadto częściowo także typem urodzenia ich matek. Najbardziej korzystnymi cechami rozrodu charakteryzowały się maciorki z urodzeń bliźniaczych, których matki pochodziły z ciąż mnogich; może to sugerować segregację pojedynczego genu w badanej populacji. W związku z tym zasadne będzie podjęcie dalszych badań z tego zakresu. Zaobserwowano, że korzystne wskaźniki rozrodu maciorek utrzymywały się do wieku 5-6 lat. Rezultaty te mogą stanowić podstawy do odbudowy znacznie zredukowanego pogłowia m.in. dzięki dłuższemu użytkowaniu samic w stadach. Stwierdzono potwierdzony statystycznie wpływ stada, wieku matek, typu urodzenia jagnięcia, typu urodzenia jego matki i roku urodzenia na obliczone indeksy selekcyjne (lokalny, krajowy – uwzględniający plenność i krajowy – uwzględniający użytkowość rozplodową matki). Na szcze-

gólną uwagę zasługuje czynnik roku urodzenia (wykotu) ze względu na fakt, iż poziom kontrolowanych cech na ogół pogarszał się w kolejnych rocznikach.

W celu oszacowania parametrów genetycznych populacji zastosowano metodę największej wiarygodności z ograniczeniami (AI-REML) oraz metodę próbkowania Gibbsa (GS), posługując się jedno- i wielocechowymi modelami zwierzęcia – zarówno liniowymi, jak i progowymi. Stwierdzono, że najbardziej optymalną metodą szacowania odziedziczalności masy ciała, masy miotu, indeksów selekcyjnych jest metoda REML, zaś w przypadku cech progowych, tj. liczby jagniąt urodzonych i odchowanych, pożądana jest metoda GS i model progowy. Przy szacowaniu parametrów genetycznych wieku przy brakowaniu i wskaźników życiowej użytkowości reprodukcyjnej uzasadnione jest wykorzystanie metody GS i modelu liniowego. Należy jednak zaznaczyć, że różnice między szacunkami uzyskanymi metodami REML i GS za pomocą modelu liniowego, podobnie jak wykonywane modelami jedno- i wielocechowymi, były niewielkie. Wskaźniki odziedziczalności addytywnej bezpośredniej i matczynej masy ciała jagniąt w wieku 56 dni oszacowane metodami REML i GS z zastosowaniem modelu uwzględniającego efekty losowe: addytywny bezpośredni, matczyzny i trwałego środowiska, wyniosły odpowiednio: 0,202-0,211 i 0,032-0,044. Szacunki odziedziczalności masy ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy – w zależności od metody i modelu – wyniosły od 0,344 do 0,346, zaś wieku brakowania wahały się od 0,052 do 0,075. Wskaźniki odziedziczalności liczby jagniąt urodzonych i odchowanych wyznaczone na podstawie modeli liniowych wyniosły odpowiednio: 0,060-0,063 i 0,039. Były one jednocześnie wyraźnie niższe niż analogiczne szacunki uzyskane za pomocą modeli progowych: 0,093-0,105 i 0,054. Badania wykazały niską odziedziczalność masy miotu w wieku 56 dni, która wahała się w przedziale 0,054-0,057. Oszacowane wartości odziedziczalności przeciętnej życiowej liczby jagniąt urodzonych i odchowanych, uzyskane za pomocą różnych modeli, wyniosły odpowiednio: 0,090-0,109 i 0,078-0,089. Stwierdzono, że całkowita odziedziczalność indeksu lokalnego (0,088-0,093) była wyraźnie niższa aniżeli indeksów krajowych (0,154-0,186). Z uwagi na najwyższą odziedziczalność indeksu krajowego, uwzględniającego plenność życiową matki, można wnioskować, że indeks ten spośród indeksów fenotypowych jest najlepszy do prowadzenia selekcji. W badaniach wykazano, że masa ciała zwierząt w wieku 12 miesięcy była niska (0,167-0,202), zaś wiek przy brakowaniu relatywnie wysoki (0,458-0,592) skorelowane genetycznie z życiową liczbą jagniąt urodzonych i odchowanych.

Uzyskane parametry genetyczne wykorzystano następnie do oszacowania wartości hodowlanych zwierząt w zakresie kontrolowanych cech oraz indeksów przy użyciu modeli liniowych i progowych. Otrzymane za pomocą różnych metod i modeli rankingi zwierząt w zakresie tych samych cech były ze sobą silnie skorelowane. Stwierdzono dodatnie, aczkolwiek niskie trendy genetyczne pod względem doskonalonych cech, co pozwala wnioskować o dobrym kierunku pracy hodowlanej. Istnieją jednak dalsze możliwości jej udoskonalenia, np.: zastąpienie stosowanego indeksu lokalnego – krajowym, w tym modyfikacja wy-

korzystywanych współczynników regresji indeksowanych cech, a także większe wykorzystanie do reprodukcji maciorek z wykotów mnogich. Przeprowadzone badania upoważniają do stwierdzenia, że konieczne jest wprowadzenie do oceny wartości hodowlanej owiec rasy merynos polski metody BLUP-AM, dzięki czemu można będzie liczyć na większy postęp hodowlany w zakresie badanych cech niż osiągnięty za pomocą dotychczasowego indeksu selekcyjnego. Zastosowanie metody BLUP w hodowli owiec winno wiązać się z organizacją banków nasienia oraz z wprowadzeniem na szeroką skalę inseminacji.

Spśród analizowanych kryteriów selekcyjnych, na podstawie których szacowano oczekiwany postęp hodowlany, najbardziej zasadne jest wykorzystanie indeksu BLUP, stanowiącego łączną, standaryzowaną wartość hodowlaną zwierząt przemnożoną przez wagi ekonomiczne plenności (2 lub 1) i masy ciała jagnięcia (1). Przeprowadzone badania pozwalają jednocześnie sądzić, że zasadniczej poprawie winny ulec warunki utrzymania doskonałych zwierząt, gdyż w populacji występują negatywne trendy środowiskowe ograniczające fenotypową ekspresję doskonałych cech. Wyniki badań dotyczące środowiskowych i genetycznych źródeł zmienności cech użytkowych owiec, pozwalające ustalić stopień odziedziczalności, genetyczne zależności między cechami oraz oszacowanie wartości hodowlanej zwierząt metodą BLUP-AM z użyciem różnych modeli liniowych i progowych mogą być wykorzystane przy opracowaniu nowego programu hodowlanego dla regionu bydgoskiego.

IMPROVEMENT OF PERFORMANCE TRAITS IN POLISH MERINO

Summary

The objective of the research was to discover the genetic and environmental determinants of the body weight of animals at the age of 56 days and 12 months, age of ewes at culling, reproduction performance and selection indices in the Polish Merino sheep population, in order to assess and modify the principles used in the current breeding work. The research was carried out on 8719 Polish Merino ewes, 624 rams, and 39442 of their offspring born over 1986-2003, kept in 12 flocks from the Pomorze and Kujawy region.

The average body weight at the age of 56 days and 12 months of male and female specimens was, respectively: 17.11 kg, 76.54 kg and 16.24 kg, 52.67 kg. The average weight in a litter at the age of 56 days was 21.8 kg. Ewes were culled on average at the age of 6.25 years, whereas rams at the age of 4.7 years. The calculated reproduction performance indices of examined traits were as follows: fertility – 93.4%, prolificacy – 1.35 no./ewe, lamb rearing – 90.81% and reproduction performance – 1,16 no./ewe.

The explorative analysis of the body weight, the number of lambs reared in a reproduction season, litter weight, lifetime reproduction performance indices of ewes, selection indices, as well as in part of the age at culling, was carried out using multifactor analysis of variance. The statistical analysis of the age at culling was supplemented with the Kaplan-Meier method. Reproduction performance indices of ewes in subsequent reproduction seasons were analysed with the use of multiple logistic regression (fertility, number of lambs born and lambs collapsing). The research showed that there is a statistical influence of the flock, ewe age, type of birth and sex of lambs and year of birth on their weight at the age of 56 days. The source of change in body weight of animals at the age of 12 months and the age at culling was the flock as well as the year of birth. Reproduction indices of ewes were statistically differentiated by the flock effect, year of birth or lambing, type of birth, and furthermore partly by the type of birth of their mothers. The most favourable reproduction traits were displayed by twin born ewes whose mothers came from multiple pregnancies, which may suggest segregation of a single gene in the examined population. Therefore, further investigation in this area would be required. It was observed that favourable reproduction indices of ewes were maintained until the age of 5-6 years, which provides a realistic chance that the considerably reduced head-age will be regenerated thanks, among other things, to increased longevity of females in flocks. It was found that there is a statistical influence of the flock, ewe age, type of lamb birth, type of birth of ewe and year of birth on the calculated selection indices (local, national taking prolificacy into consideration, and national taking ewe's reproduction performance into consideration). Of the examined factors, the one worth paying special attention to is the year of birth

(lambing) factor, due to the fact that the level of controlled traits was typically worse in each subsequent year.

In order to estimate the genetic parameters of the population, the Restricted Maximum Likelihood Method (AI-REML) was applied in combination with the Gibbs sampling method (GS), using the single- and multi-trait models of the animal, both linear and threshold. It was found that the REML method is the most optimal method for estimating heritability of body weight, litter weight, and selection indices, whereas in the case of threshold traits, i.e. the number of lambs born and reared, the Gibbs sampling method and the threshold model should be used. As to the age at culling and lifetime reproduction performance, it is justified to use the Gibbs sampling method and the linear model. However, it has to be pointed out that the differences between estimates obtained by applying the REML and GS methods with the use of the linear model, similarly to those obtained with the use of single- and multi-trait models, were small. Direct and maternal additive heritability of the body weight at the age of 56 days was estimated by means of the REML and GS methods, using the model which takes into consideration the random effects: additive direct, maternal and permanent environment, and it equalled respectively 0.202-0.211 and 0.032-0.044. Estimates of body weight heritability at the age of 12 months, depending on the method and model, equalled between 0.344 and 0.346, whereas the estimates of the age at culling ranged from 0.052 to 0.075. The heritability indices for the number of lambs born and reared, determined with the use of linear models, equalled, respectively, 0.060-0.063 and 0.039. They were at the same time clearly lower than corresponding estimates obtained by means of the threshold models: 0.093-0.105 and 0.054. The research showed that the litter weight heritability at the age of 56 days is low, its value was between 0.054 and 0.057. Heritability estimates concerning average lifetime number of lambs born and reared, obtained with the use of various models, equalled, respectively, 0.090-0.109 and 0.078-0.089. It was found that the total heritability of the local index (0.088-0.093) was clearly lower than that of the national indices (0.154-0.186). Considering the highest heritability of the national index, taking into account the ewe's lifetime prolificacy, one may conclude that of the phenotypic indices this one is the best to be used for selection. The research showed that the body weight at the age of 12 months was lowly correlated (0.167-0.202), whereas the age at culling was relatively highly correlated (0.458-0.592) genetically with the lifetime number of lambs born and reared.

The obtained genetic parameters were then used to estimate the breeding values of the animals in terms of controlled traits and indices with the use of linear and threshold models. The obtained animal rankings in respect of the same traits with the use of various methods and models were strongly correlated with each other. Positive although low genetic trends in terms of traits being improved were found, which allows a conclusion that the breeding work is going in the right direction. Nevertheless, there are further possibilities of improvement, e.g.: replacing the used local index with a national one, including modifi-

cation of the used regression coefficients of the indexed traits, and more widespread use of ewes from multiple lambings in reproduction. The research allows one to conclude that it is necessary to introduce the BLUP-AM method to the assessment of the breeding value of the Polish Merino sheep, thanks to which we may hope for better breeding improvements in terms of examined traits compared to those obtained with the use of the current selection index. Application of the BLUP method in sheep breeding must be accompanied by the creation of semen banks and introduction of artificial insemination on a wide scale.

Of various analysed selection criteria, based on which the anticipated breeding improvement was estimated, the use of the BLUP index appears to be the most justified, since it constitutes a total, standardised breeding value of animals multiplied by economic weights of prolificacy (2 or 1) and lamb body weight (1). Furthermore, the conducted research enables us to believe that the conditions of maintaining the animals being improved should improve considerably, since negative environmental trends take place in the population and they restrict the phenotypic expression of traits being improved. The examination results regarding environmental and genetic sources of performance trait variability in sheep, which enable researchers to establish the degree of heritability, genetic relations between the traits, and to estimate the breeding value of animals by means of the BLUP-AM method and with the use of various linear and threshold models, might be applied in creating the new breeding programme for the Bydgoszcz area.