



Köszönöm megtisztelő figyelmüket!



Hazai sikerek

Mértékelték a tejhozam
állományban?

- Nagy mennyiségű adat a rendelkezésre
- TEB - teljes programok
- Állományok teljes körűen átkalásztak
- Magasabb tejhozamok
- Állományok teljes körűen átkalásztak
- TEB programok - teljes körűen
- Genetikai információk
- Állományok teljes körűen átkalásztak



Interbull - nemzetközi megközelítés

A genomika alapjai

Lehetőségek: technikai és populációgenetikai ismeretek bővülése, költségek csökkenése
Kiterjedt kutatások és alkalmazott eredmények több gazdaságilag fontos faj és fajta esetében.



Genomika - lehetőségek

Emlősök genomjában ~ 2,2 millió SNP
Felgyorsítható a genetikai előrehaladás
Szármaszámenőrzés új módszere
"Pedigree searching": a származás felkutatása, meghatározása



Genetikai előrehaladás

szelekciós intenzitás x megbízhatóság x gen.variancia
generációs intervallum

A szelekció intenzitása: a populáció milyen hányada válik a következő generáció szüleité

Megebizhatóság: a tenyésztérbecslés eredményeinek pontossága: P.A.: 0, 25-35; GEN.: 0,70

Genetikai variancia: adott tulajdonságban a legjobb és a legrosszabb egyed közötti különbség
Külön - beltenyésztettség, populáció/állomány kül.

Generációs intervallum: a szülők életkorának átlaga az utód születésekor

Statistikák

Stat	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
2	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
3	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
4	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
5	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
6	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
7	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
8	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
9	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
10	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19

Technológia lehetőségek

A különböző chip-ek eltérő célt szolgálnak

- Több új, nehezen mérhető másodlagos érték mérő, pl. hőstressz tűrőse, takarmányértékesítés
- kísérleti állományok - nagyobb populációs összefüggések

High Density Chip

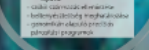
– nagy mennyiségű információk
– 50k, 100k, 200k, 500k, 1M SNP
– több információ a populáció genetikájáról
– 2 éves korú állományoknál



Low Density Chip

Nagy mennyiségű információk - kevesebb SNP
– 10k, 20k, 50k, 100k SNP
– kevesebb információ a populáció genetikájáról
– 2 éves korú állományoknál

Több információ
– 10k, 20k, 50k, 100k SNP
– kevesebb információ a populáció genetikájáról
– 2 éves korú állományoknál



Genomikus szelekció a szarvasmarha-tenyésztésben

Bognár László, ügyvezető igazgató, HFTE

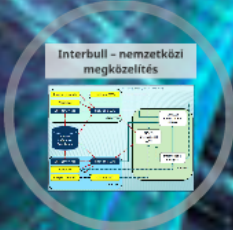


Köszönöm megtisztelő figyelmüket!



Hazai sikerek

Mértékelték a tejhozam
állományban?
Nagy mennyiségű adat a rendelkezésre
TBS - teljes programok
Állományok teljes körű genetikai
alkalmazás előrelép
Nagyszámú tenyésztési állomány
Állományok genetikai értékelése
ETV programok - referenci populáció
Genetikai értékelés állományonként
László László 2014.01.01.



Interbull - nemzetközi megközelítés

A genomika alapjai

Lehetőségek: technikai és populációgenetikai ismeretek bővülése, költségek csökkenése
Kiterjedt kutatások és alkalmazott eredmények több gazdaságilag fontos faj és fajta esetében.

Genomika - lehetőségek

Emlősök genomjában ~ 2,2 millió SNP
Felgyorsítható a genetikai előrehaladás
Szármaszámenőrzés új módszere
"Pedigree searching": a származás felkutatása, meghatározása

Genetikai előrehaladás

szelekciós intenzitás x megbízhatóság x gen.variancia generációs intervallum

A szelekció intenzitása: a populáció milyen hányada válik a következő generáció szüleité

Megebízhatóság: a tenyésztérbecslés eredményeinek pontossága: P.A.: 0, 25-35; GEN.: 0,70

Genetikai variancia: adott tulajdonságban a legjobb és a legrosszabb egyed közötti különbség
Külön - beltenyésztettség, populáció/állomány kül.

Generációs intervallum: a szülők életkorának átlaga az utód születésekor

Statistikák

Technológia lehetőségek

A különböző chip-ek eltérő célt szolgálnak

- Több új, nehezen mérhető másodlagos érték mérő, pl. hőstressz tűrése, takarmányértékesítés
- kísérleti állományok - nagyobb populációs összefüggések

High Density Chip

– nagy mennyiségű markerrel rendelkező
– 50k, 100k, 200k, 500k, 1M markerrel
– a teljes genom lefedését biztosítja

Előnyök: nagyobb pontosság a 2 éves korú állományoknál

Low Density Chip (LDC)

Nagy mennyiségű markerrel rendelkező de a teljes genom lefedését nem biztosítja

Előnyök: kevesebb adat, gyorsabb adatfeldolgozás, kevesebb költség

Előnyök: kevesebb adat, gyorsabb adatfeldolgozás, kevesebb költség

Genomikus szelekció a szarvasmarha-tenyésztésben

Bognár László, ügyvezető igazgató, HFTE

More Interesting Facts

- Human Genome:
 - Took 12 years to complete at a cost of US \$3 billion
- Mouse Genome:
 - Took 3 years to complete at a cost of US \$300 million
- Bovine Genome:
 - Took about 1 year at an estimated cost of US \$30 million

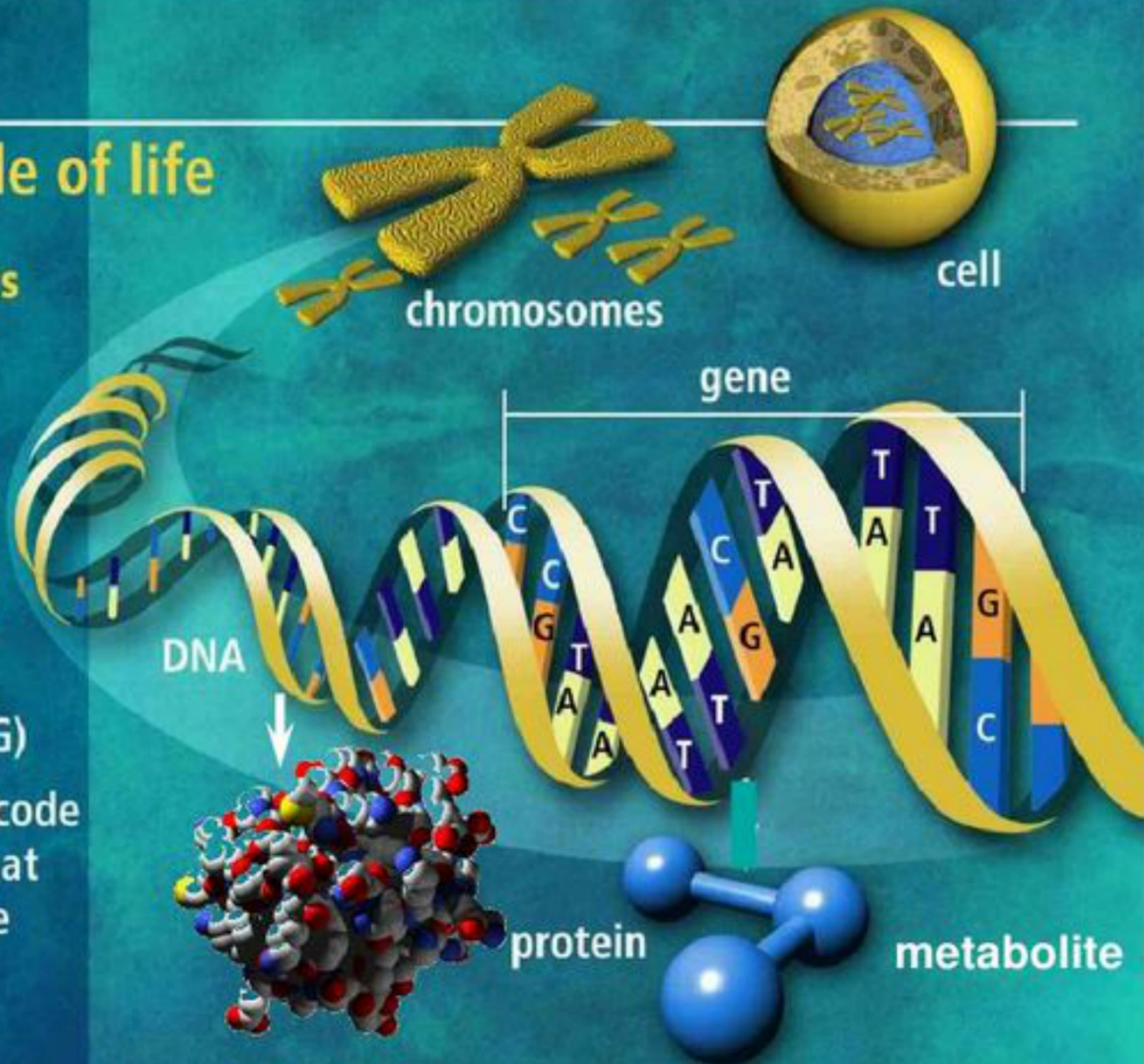
DNA

the molecule of life

Trillions of cells

Each cell:

- 46 human chromosomes
- 2 m of DNA
- 3 billion DNA subunits (the bases: A, T, C, G)
- 25,000 genes code for proteins that perform all life functions





* MAF > 0.

** Across a



Table 3: BovineSNP50 BeadChip Content Validation

Breed	Samples	Polymorphic Loci*	Mean MAF	Median MAF**
Angus	24	41,073	0.21	0.21
Beefmaster	23	43,114	0.22	0.22
Bos indicus Gir	21	23,567	0.11	0.02
Bos indicus Nelore	19	25,492	0.11	0.03
Brahman	22	29,444	0.13	0.07
Brown Swiss	21	35,971	0.19	0.17
Charolais	19	43,723	0.22	0.21
Guernsey	21	36,748	0.19	0.17
Hereford	24	42,132	0.22	0.23
Holstein	49	42,849	0.22	0.22
Jersey	23	35,346	0.18	0.15
Limousin	39	42,617	0.22	0.21
N'Dama	23	28,869	0.14	0.07
Norwegian Red	17	42,055	0.22	0.21
Piedmontese	21	41,912	0.22	0.21
Red Angus	10	42,388	0.21	0.20
Romagnola	21	38,524	0.20	0.19
Santa Gertrudis	21	41,783	0.22	0.21
Sheko	16	35,084	0.17	0.13
Overall	434	47,168	0.24	0.25

* MAF > 0.05

** Across all 54,609 loci

Table 2: Bead

Species

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus

Bos taurus taurus



Table 2: BeadChip Content Validation

Species	Breed	Samples	Polymorphic Loci*	Mean MAF	Median MAF
<i>Bos taurus taurus</i>	Angus	42	573,437	0.21	0.21
<i>Bos taurus taurus</i>	Blonde d'Aquitaine	5	556,296	0.20	0.20
<i>Bos taurus taurus</i>	Brown Swiss	22	531,212	0.19	0.18
<i>Bos taurus taurus</i>	Charolais	37	627,800	0.23	0.24
<i>Bos taurus taurus</i>	Guernsey	21	533,297	0.20	0.19
<i>Bos taurus taurus</i>	Hereford	35	632,414	0.25	0.27
<i>Bos taurus taurus</i>	Holstein	60	594,290	0.22	0.23
<i>Bos taurus taurus</i>	Jersey	38	587,081	0.21	0.20
<i>Bos taurus taurus</i>	Lagunaire	5	378,480	0.13	0.00
<i>Bos taurus taurus</i>	Limousin	50	610,524	0.23	0.23
<i>Bos taurus taurus</i>	Montbeliard	5	533,869	0.19	0.20
<i>Bos taurus taurus</i>	N'Dama	23	444,452	0.16	0.11
<i>Bos taurus taurus</i>	Normande	5	533,325	0.19	0.20
<i>Bos taurus taurus</i>	Norwegian Red	17	592,815	0.22	0.21
<i>Bos taurus taurus</i>	Piedmontese	21	603,865	0.23	0.24
<i>Bos taurus taurus</i>	Red Angus	10	589,836	0.21	0.20
<i>Bos taurus taurus</i>	Romagnola	21	580,950	0.21	0.21
<i>Bos taurus taurus</i>	Senepol	12	580,001	0.21	0.21
<i>Bos taurus taurus</i>	Simmental	10	624,820	0.22	0.20
<i>Bos taurus taurus</i>	Wagyu	13	527,210	0.19	0.15
<i>Bos taurus taurus</i>	All	452	651,994	0.25	0.27

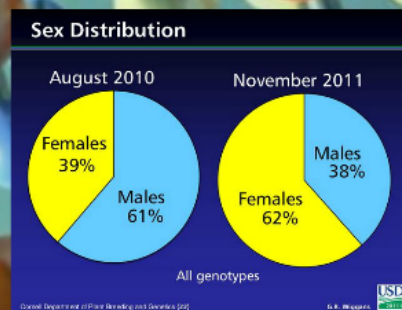
Genomika – lehetőségek

Emlősök genomjában ~ 2,2 millió SNP

Felgyorsítható a genetikai előrehaladás

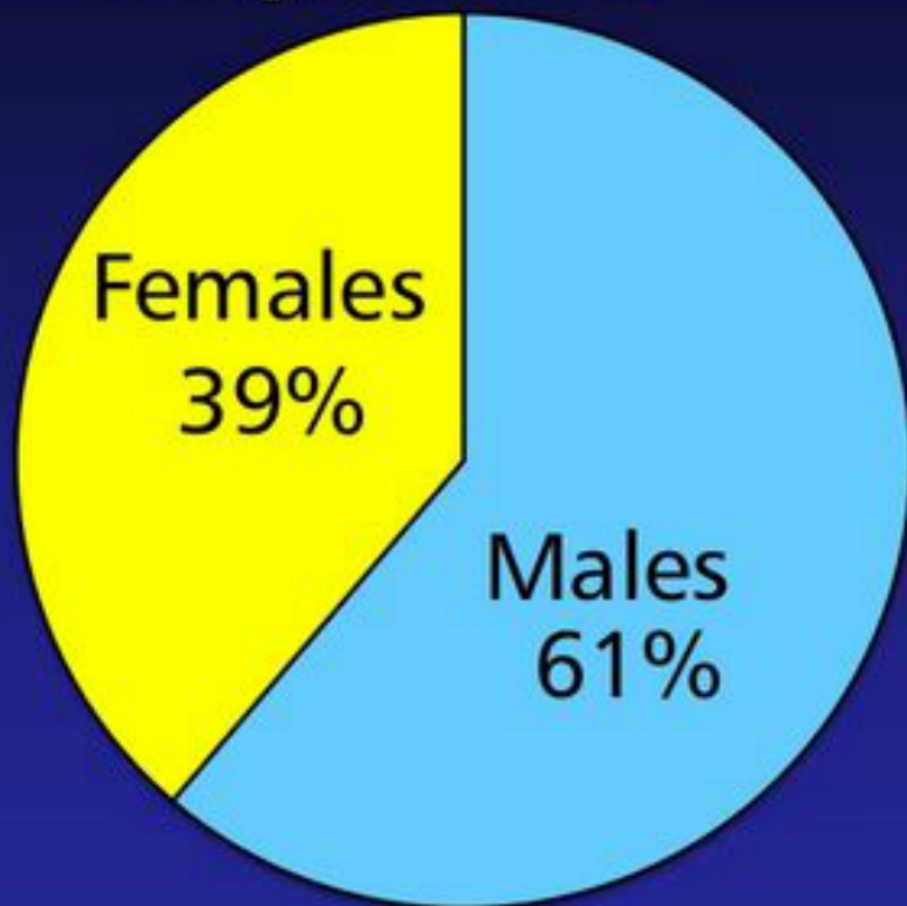
Származásellenőrzés új módszere

"Pedigree searching": a származás felkutatása, meghatározása

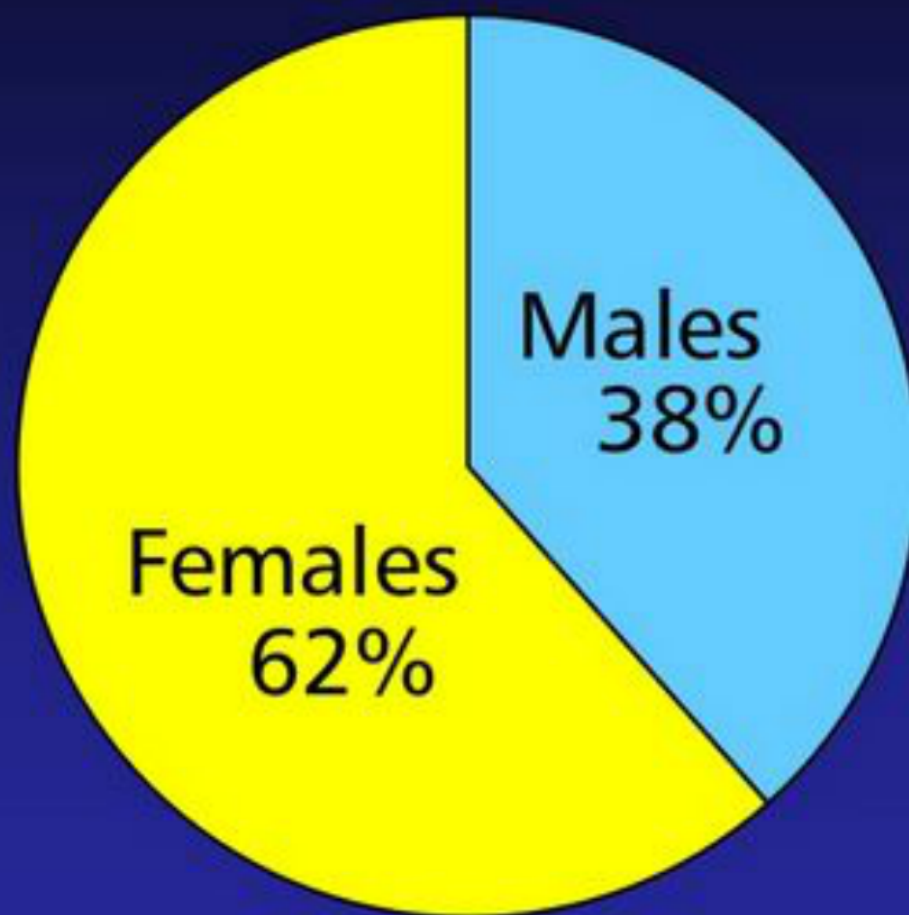


Sex Distribution

August 2010



November 2011



All genotypes



Prezi

Genetikai előrehalás

$$\frac{\text{szelekciós intenzitás} \times \text{megbízhatóság} \times \text{gen.variancia}}{\text{generációs intervallum}}$$

A szelekció intenzitása: a populáció milyen hányada válik a következő generáció szüleivé

Megbízhatóság: a tenyésztérbecslés eredményeinek pontossága; P.A.: 0, 25-35; GEN.: 0,70

Genetikai variancia: adott tulajdonságban a legjobb és a legrosszabb egyed közötti különbség
Klónok – beltenyésztettség, populáció/állomány kül.

Generációs intervallum: a szülők életkorának átlaga az utód születésekor

Genetikai előrehalás

$$\frac{\text{szelekciós intenzitás} \times \text{megbízhatóság} \times \text{gen.variancia}}{\text{generációs intervallum}}$$

A szelekció intenzitása: a populáció milyen hányada válik a következő generáció szüleivé

Megbízhatóság: a tenyésztértékbecslés eredményeinek pontossága; P.A.: 0, 25-35; GEN.: 0,70

Genetikai variancia: adott tulajdonságban a legjobb és a legrosszabb egyed közötti különbség
Klónok – beltenyésztettség, populáció/állomány kül.

Generációs intervallum: a szülők

Statisztikák

Table 1. Numbers of genotyped U.S. dairy cattle by breed, sex, and year.

Breed	Sex	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Brown Swiss	Female	0	3	58	42	508	416	632
	Male	0	62	762	150	112	238	170
Holstein	Female	77	2 740	4 445	14 212	37 091	81 382	125 314
	Male	2 389	8 810	7 083	6 786	9 668	11 699	17 417
Jersey	Female	0	90	532	3 201	7 427	12 640	20 206
	Male	1	1 123	1 290	757	1 287	1 598	2 829

Mean age of dairy bulls at entry into artificial insemination (AI) service¹ by year and mean age at bull's birth.

Mean age (months)	Mean ancestor age (years)					
	Sire	Dam	Paternal grandsire	Paternal granddam	Maternal grandsire	Maternal granddam
16.5	6.8	4.5	13.5	10.7	11.1	8.6
16.6	6.9	4.4	13.6	11.3	11.1	8.5
16.6	6.7	4.3	13.3	11.4	11.1	8.6
16.7	6.8	4.2	13.1	10.8	11.1	8.5
15.7	7.4	3.9	13.6	11.3	10.7	7.8
15.9	7.2	3.9	14.0	11.6	10.7	7.8
15.8	5.0	4.0	12.7	9.8	10.0	7.8

Table 3. Numbers of Holstein bulls and their mean predicted transmitting ability genetic-economic indexes in April 2014 by year of entry into artificial-insemination service.

Statistic ¹	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Bulls, no.	1 818	1 755	1 910	1 797	1 766	1 613	1 731
PTA milk, kg	144	175	180	233	249	286	335
PTA fat, kg	6	8	9	10	14	16	18
PTA fat, %	0.00	0.01	0.02	0.02	0.04	0.05	0.05
PTA protein, kg	5	7	7	8	9	10	13
PTA protein, %	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02	0.03
PTA SCS	2.99	2.94	2.91	2.92	2.88	2.85	2.81
PTA PL, months	-0.2	0.3	0.4	0.6	1.6	2.3	2.9
PTA DPR, %	-0.4	-0.4	-0.2	-0.1	0.2	0.2	0.5
PTA HCR, %	-0.2	-0.3	0.0	0.0	0.3	0.5	0.6

A validation study of the continuous system

- Monthly genomic evaluation April 2014
 - 113,910 genotyped animals & 338,761 animals in pedigree
 - 45,613 SNPs for DGV calculation
 - 27,175 Holstein bulls in genomic reference population
- The continuous just-in-time genomic evaluation system
 - 921 animals and 60 embryos genotyped with 50K chip
 - 1340 animals genotyped with EuroG10K
 - 134 animals with Illumina LD chip
- Full genotype imputation with findhap v2
 - 34,115 animals with 50K v1 chip
 - 62,486 animals with 50K v2 chip (including embryos)
 - 14,221 animals with EuroG10K chip
 - 3,081 animals with LD chip



Genetikai variancia: adott tulajdonságban a legegrosszabb egyed közötti különbségek – beltenyésztettség, populáció/állomány

Generációs intervallum: a szülők életkorának átlaga az utód születésekor

Table 2. Mean ages of dairy bulls at entry into artificial insemination (AI) service¹ by year and mean ages of their ancestors at bull's birth.

Year	Bulls		Mean ancestor age (years)					
	Number	Mean age (months)	Sire	Dam	Paternal grandsire	Paternal granddam	Maternal grandsire	Maternal granddam
2005	2 142	16.5	6.8	4.5	13.5	10.7	11.1	8.6
2006	2 076	16.6	6.9	4.4	13.6	11.3	11.1	8.5
2007	2 213	16.6	6.7	4.3	13.3	11.4	11.1	8.6
2008	2 095	16.7	6.8	4.2	13.1	10.8	11.1	8.5
2009	2 065	16.7	7.4	3.9	13.6	11.3	10.7	7.8
2010	1 917	15.9	7.2	3.9	14.0	11.6	10.7	7.8
2011	2 058	15.8	5.9	4.0	12.7	9.8	10.9	7.8
2012	2 130	16.4	4.8	3.7	11.4	8.6	10.8	7.3
2013	1 931	15.9	3.6	3.2	9.6	7.3	9.5	6.7

¹ Ayrshire, Browns Swiss, Guernsey, Holstein, Jersey, Milking Shorthorn, and Red and White bulls that entered AI service at <30 months of age.

Genetikai előrehalás

$\text{szелеkciós intenzitás} \times \text{megbízhatóság} \times \text{gen.variancia}$
generációs intervallum

A szelekció intenzitása: a populáció milyen hányada
válik a következő generáció szüleivé

Table 3. Numbers of Holstein bulls and their mean predicted transmitting abilities (PTAs), and genetic-economic indexes in April 2014 by year of entry into artificial-insemination service.

Statistic ¹	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Bulls, no.	1 818	1 755	1 910	1 797	1 766	1 613	1 731	1 811	1 593
PTA milk, kg	144	175	180	233	249	286	335	466	533
PTA fat, kg	6	8	9	10	14	16	18	21	27
PTA fat, %	0.00	0.01	0.02	0.02	0.04	0.05	0.05	0.04	0.06
PTA protein, kg	5	7	7	8	9	10	13	17	20
PTA protein, %	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02	0.03	0.03	0.03
PTA SCS	2.99	2.94	2.91	2.92	2.88	2.85	2.81	2.80	2.75
PTA PL, months	-0.2	0.3	0.4	0.6	1.6	2.3	2.9	3.6	4.2
PTA DPR, %	-0.4	-0.4	-0.2	-0.1	0.2	0.2	0.5	0.5	0.8
PTA HCR, %	-0.2	-0.3	0.0	0.0	0.3	0.5	0.6	0.7	1.0
PTA CCR, %	-1.3	-1.3	-1.1	-1.0	-0.4	-0.2	0.2	0.4	1.0
Net merit, \$	73	133	161	195	281	335	426	511	618
Fluid merit, \$	66	119	146	182	260	312	388	472	571
Cheese merit, \$	84	149	177	210	305	361	467	553	668

¹ SCS = somatic cell score, PL = productive life, DPR = daughter pregnancy rate, HCR = heifer conception rate, and CCR = cow conception rate.



- More Interesting Facts**
- Human Genome:
 - Took 12 years to complete at a cost of US \$3 billion
 - Mouse Genome:
 - Took 3 years to complete at a cost of US \$300 million
 - Bovine Genome:
 - Took about 1 year at an estimated cost of US \$30 million

A genomika alapjai

Lehetőségek: technikai és populációgenetikai ismeretek bővülése, költségek csökkenése

Kiterjedt kutatások és alkalmazott eredmények több gazdaságilag fontos faj és fajta esetében.

DNA
 the molecule of life

Trillions of cells

- 60 human chromosomes
- 2 m of DNA
- 3 billion DNA segments (the bases A, T, C, G)
- 30,000 genes code for proteins that perform all life functions

Table with 5 columns: Species, Genome Size (Mb), Genome Size (Gb), Genome Size (Tb), Genome Size (Pb)

Species	Genome Size (Mb)	Genome Size (Gb)	Genome Size (Tb)	Genome Size (Pb)
Human	2,850	2.85	0.00285	0.00000285
Mouse	2,700	2.7	0.0027	0.0000027
Chimpanzee	2,800	2.8	0.0028	0.0000028
Arabidopsis	113	0.113	0.000113	0.000000113
Yeast	12	0.012	0.000012	0.000000012
Parasit	100	0.1	0.0001	0.0000001
Plant	100,000	100	0.1	0.0001
Animal	100,000,000	100,000	100	0.1
Plant	100,000,000,000	100,000,000	100,000	100
Animal	100,000,000,000,000	100,000,000,000	100,000,000	100,000

Table with 6 columns: Species, Genome Size (Mb), Genome Size (Gb), Genome Size (Tb), Genome Size (Pb), Genome Size (Eb)

Species	Genome Size (Mb)	Genome Size (Gb)	Genome Size (Tb)	Genome Size (Pb)	Genome Size (Eb)
Human	2,850	2.85	0.00285	0.00000285	0.000000000285
Mouse	2,700	2.7	0.0027	0.0000027	0.00000000027
Chimpanzee	2,800	2.8	0.0028	0.0000028	0.00000000028
Arabidopsis	113	0.113	0.000113	0.000000113	0.000000000113
Yeast	12	0.012	0.000012	0.000000012	0.000000000012
Parasit	100	0.1	0.0001	0.0000001	0.0000000001
Plant	100,000	100	0.1	0.0001	0.0000000001
Animal	100,000,000	100,000	100	0.1	0.0000000001
Plant	100,000,000,000	100,000,000	100,000	100	0.0000000001
Animal	100,000,000,000,000	100,000,000,000	100,000,000	100,000	0.0000000001



Technológia lehetőségek

A különböző chip-ek eltérő célt szolgálnak

- Több új, nehezen mérhető másodlagos érték mérő, pl. hőstressz tűrése, takarmányértékesítés
- kísérleti állományok – nagyobb populációs összefüggések

Standard/High Density Chip



- tenyészbikajelöltek előszelekciója
- BN tehének kiválasztása
- bikaelőállító bikák kiválasztása

Szaporítóanyag hozzáférhető 2 éves korú **értékelt** bikáktól!



Low Density Chip 7k

Nagy volumenű használat – kedvező ár
Populációméretű szűrések, vizsgálatok

Telepi felhasználás

- üszőállomány elemzése
 - ET/MOET program
 - ivarspecifikus spermahasználat
 - termékenyítés húshasznú fajtával
- szülői származás ellenőrzése
- beltenyésztettség meghatározása
- genomán alapuló precíziós párosítási programok

Standard/High Density Chip



- tenyészbikajelöltek előszelekciója
- BN tehének kiválasztása
- bikaelőállító bikák kiválasztása

Szaporítóanyag hozzáférhető 2 éves korú **értékelt** bikáktól!

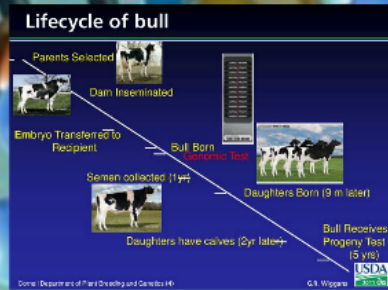
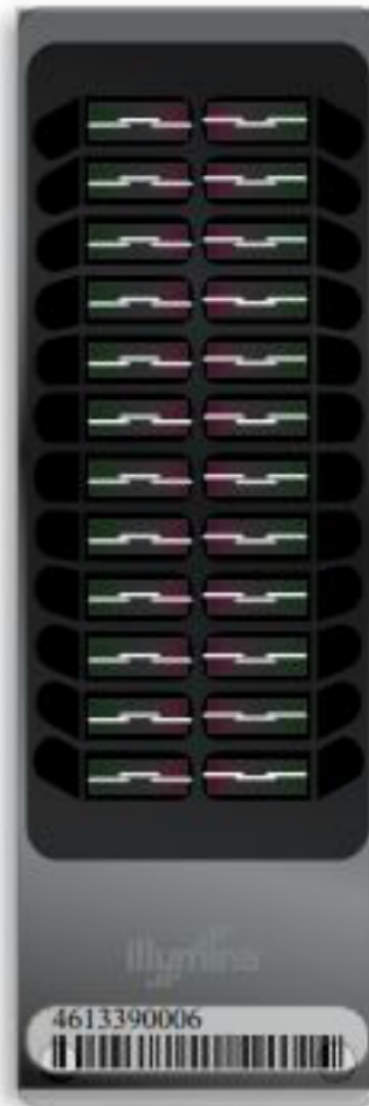


Figure 1: BovineSNP50 BeadChip

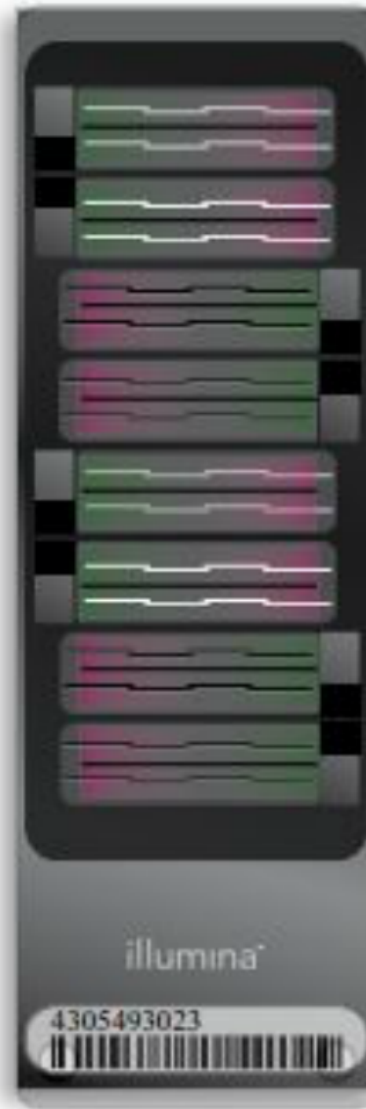


The BovineSNP50 BeadChip features more than 54,000 evenly spaced SNPs across the entire bovine genome.

Figure

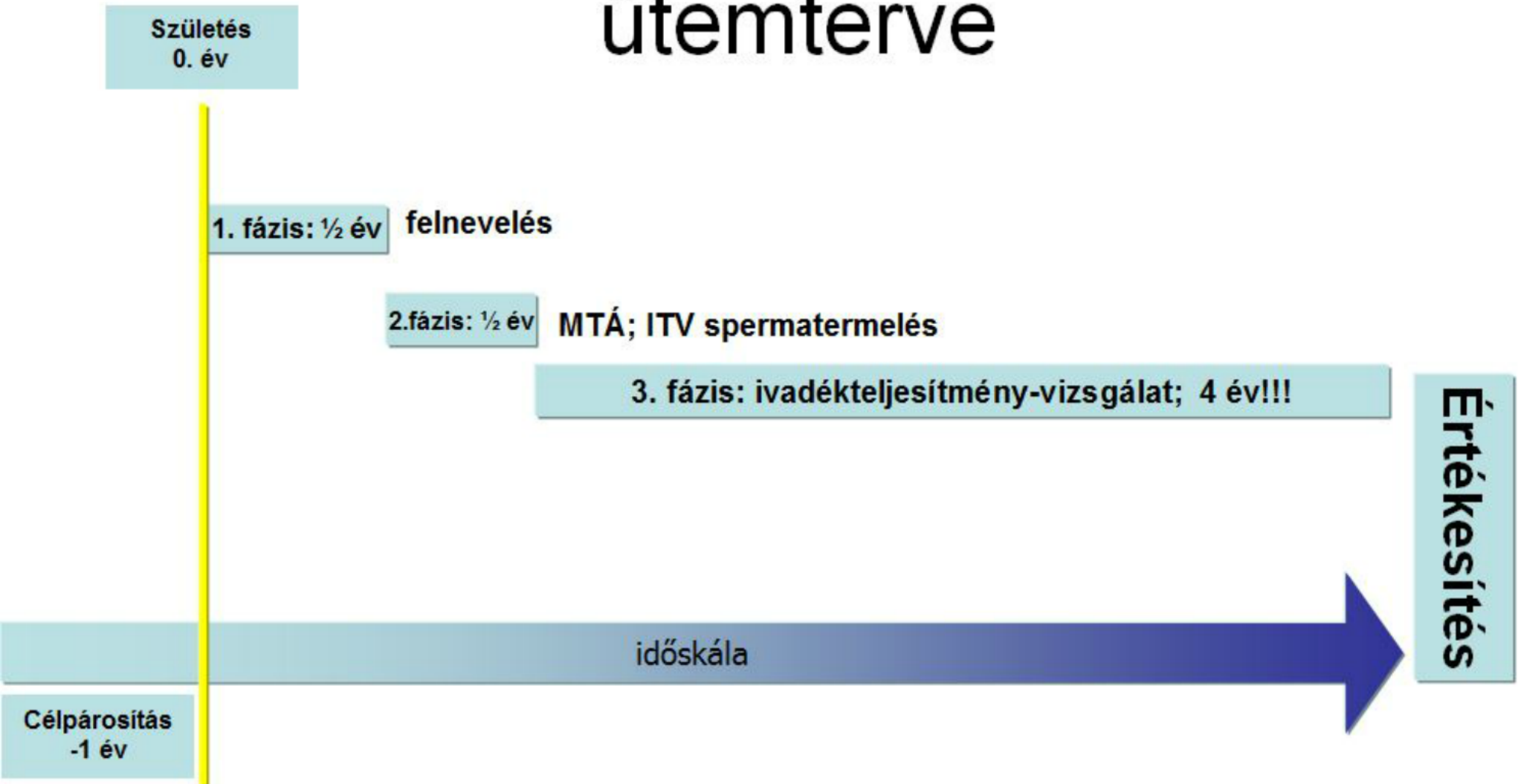
The Bov
across th

Figure 1: BovineHD BeadChip



The BovineHD BeadChip features more than 777,000 evenly spaced SNPs across the entire bovine genome.

Az ivadékteljesítmény-vizsgálat ütemterve



Lifecycle of bull

Parents Selected



Dam Inseminated



Embryo Transferred to Recipient

Bull Born
Genomic Test



Semen collected (1 yr)

Daughters Born (9 m later)



Daughters have calves (2yr later)

Bull Receives Progeny Test (5 yrs)

Low Density Chip 7k

Nagy volumenű használat – kedvező ár
Populációméretű szűrések, vizsgálatok

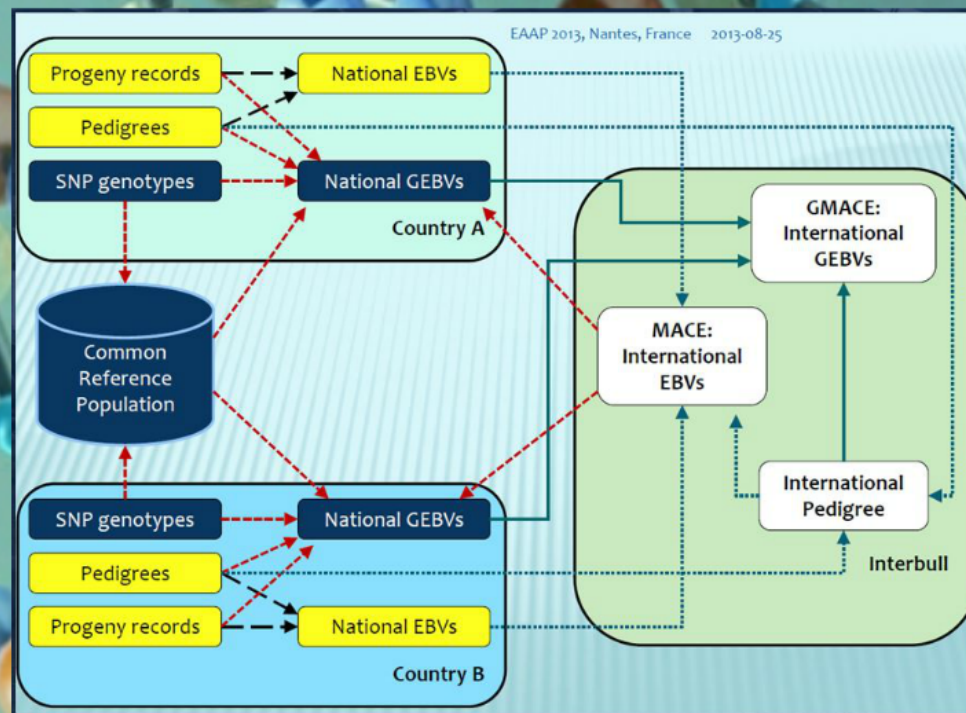
Telepi felhasználás

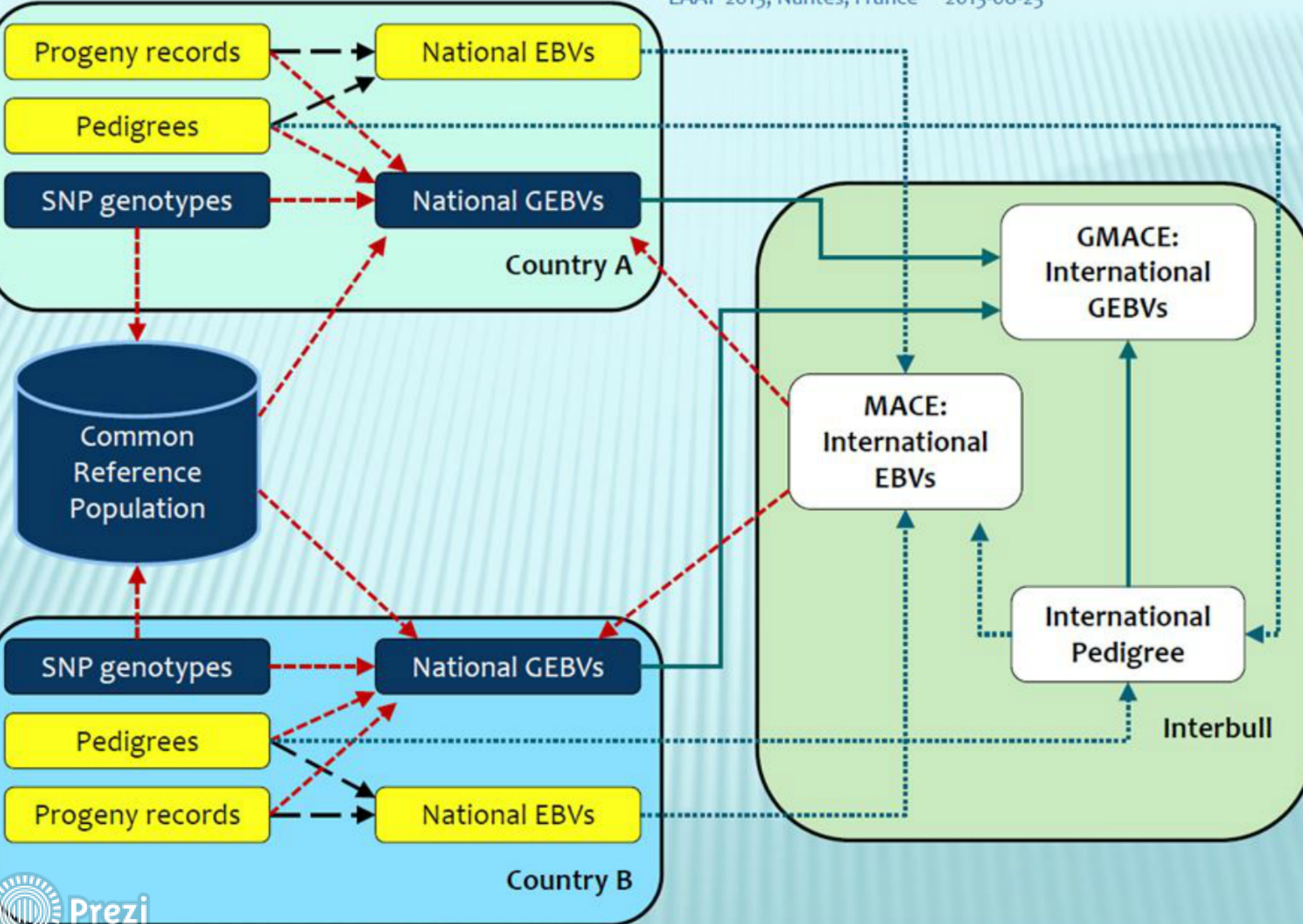
- üszőállomány elemzése
 - ET/MOET program
 - ivarspecifikus spermahasználat
 - termékenyítés húshasznú fajtával
- szülői származás ellenőrzése
- beltenyésztettség meghatározása
- genomikán alapuló precíziós párosítási programok

Miért működik a tejhasznú állányokban?

- Nagy mennyiségű adat áll rendelkezésre
- TÉB - fejlett programok
- Mesterséges termékenyítés általánosan elterjedt
- Nagyértékű tenyészállatok - érdemes áldozni a genetikai vizsgálatokra
- ITV programok - referencia populáció
- Generációs intervallum jelentősen csökkenthető
- Üsző + 2 éves bika = ET - utód

Interbull - nemzetközi megközelítés





A genomikus olasz csoda

Juhász Zoltán, kereskedelmi igazgató
Génbank-SEMEX Magyarország Kft.



Ki gondolta volna, hogy a genomikus érában, a gyorsan változó TOP listák időszakában hosszú időn keresztül a Pó-síkság aprócska településéről származó olasz bika, AMIGHETTI NUMERO UNO fogja uralni az amerikai genomikus listát. NUMERO UNO a holstein tenyésztés nemzetközi mivoltát megjelenítő élő példa, hiszen Olaszországban született, a kanadai Semex Alliance tulajdonában van, az amerikai toplista tagja és jelenleg is Magyarországon, a Génbank-Semex Magyarország Kft. mesterséges termékenyítő állomásán termel, Mezőhegyesen.

1. táblázat: AMIGHETTI NUMERO UNO tenyészérték profilja (2013. augusztus)

gTPI	2462	SCE	7,9
------	------	-----	-----

értéket mutatott (2. táblázat). A következő áprilisi és augusztusi értékelések alkalmával 2604, illetve 2587 gTPI értékkel továbbra is a genomikus lista élén szerepelt. 2012 decemberében 2497 gTPI értékkel a dobogó második helyét foglalta el. A 2013. áprilisi és augusztusi értékeléseket követően továbbra is a genomikus lista (NAAB kóddal rendelkező, „genomic” státuszú bikák) TOP-10 es csapatát erősíti a hatodik (2456 gTPI), illetve a 10. helyen (2462 gTPI). Ezzel együtt egy éven keresztül a világ legnagyobb gTPI indexű bikájaként szerepelt a holstein világ porondján, mely időszak nem tűnik el nyom nélkül, hiszen a célpárosításokból számtalan nagy genetikai értékű utód született.

A genomikus listákat és árverési eredményeket megnézve azt is mondhatnánk, hogy Numero Uno, teljesen megbabonázta a gTPI-világot. A 2012-es kanadai Royal Winter Fair alatt megrendezett Genetics by Design Sale árverésen, a legnagyobb értéken, 475.000 \$-ért cserélt gazdát OConnors Planet Lucia Numero Uno apaságú lánya. Két nappal később a Sale of Stars aukción, a legmagasabb értéken elkelt tenyészállat nem volt más, mint egy

2. táblázat. gTPI értékek 2011. december és 2013. április között (NAAB kóddal rendelkező bikák; AIPL-USDA)

Értékelés	#	Név	gTPI	Születési év	Term. Száma 2013. aug.*
2011. dec.	1.	Amighetti NUMERO UNO	2621	2010	989
	2.	MountfieldMOGUL	2552	2010	21197
	3.	De-Su MAYFIELD	2497	2010	10363
	4.	Roylane PUNCH	2497	2010	9263
	5.	Kellercrest LAYNE	2476	2010	7816

Top 25 GTPI Heifers Europe - (April 2013)

Heifers: 9 to 24 Months old on April the 7th 2013

Name	Sire stack	Family	GTPI	NM	PTAT	Owner
DIEPENHOEK ROZELLE 54	Iota x Jeeves x Shottle	Diepenhoek Rozelle	2436	812	2.62	Diamond Genetics & Hul-stein (NL)
ANDERSTRUP DG CALICO	Shamrock x Freddie x Lucky Star	Sher-Est Saturday	2431	886	2.45	Hul-stein (NL)
EDENORDINARY SHAMROCK PARADIS	Shamrock x Goldwyn x Dundee	Vandyk-K Integrity Paradise	2410	742	4.01	Wiltor- & Heavenly (UK)
KNS REALITY ET	Epic x Man-O-Man x Goldwyn	Radieuse	2395	816	2.13	W.N. Pon-Koepon (NL)
SHADY (1)	Número Uno x Sanchez x Goldwyn	Piroló Stupenda	2391	684	3.52	Hungarian Owned
NEERDUIST UNO CHERRY	Número Uno x Planet x Shottle	Larcrest Cosmopolitan	2389	843	2.24	Neerduist Holsteins & Diamond Genetics
ANDERSTRUP DG CAMERYN	Shamrock x Freddie x Lucky Star	Sher-Est Saturday	2389	794	2.47	Diamond Genetics & Anderstrup
VEKIS PAIGE	Número Uno x Xacobeo x Stol Joc	El-Dor Saber Pansy	2371	746	2.88	Vekis- & Diamond Genetics
PIROLO UNO	Número Uno x Goldwyn x Oman	Piroló Stupenda	2367	701	3.12	Piroló Holsteins (IT)
APINA ISABELLA	Freddie x Ramos x Shottle	Gold-N-Oaks Arabella	2360	754	2.83	Ven Dairy Holsteins (NL)
VENERIETE OBSERVER STAR 9	Observer x Goldwyn x Oman	Veneriete Sally	2358	782	3.00	Bouw Holsteins (NL)
WILLSBRO LAVAMAN S DORIS	Lavaman x Planet x Shottle	Wesswood-HC Rudy Missy	2354	710	3.26	Willsbro Holsteins (UK)
VELTHUIS AKIRA	Observer x Baxter x Goldwyn	MD-Delight Durham Atlee	2345	734	2.92	Velthuis (CAN) & Diamond Genetics
VENDAIRY BREESHIA	Aitalota x Mac x Shottle	Regancrest-PR Barbie	2342	715	2.80	W.N. Pon-Koepon (NL)
BELLA	Freddie x Toystory x Mr Sam	Hardwood R Blissful	2331	772	2.27	G. Bernardt (DE)
KOEPON MANO CLASSY 93	Man-O-Man x Jeeves x Shottle	Vir-Clar de Classy	2328	775	2.44	W.N. Pon-Koepon (NL)
BOUW SHAMROCK FELINE	Shamrock x Man-O-Man x Goldwyn	Ralma Juror Faith	2327	755	3.01	Bouw Holsteins (NL)
DROUNER AJDH COSMO	Freddie x Shottle x Outside	Larcrest Cosmopolitan	2326	669	2.87	Colonia Holsteins (DE)
BACCHUS ELION 2	Hunter x Super x BW Marshall	Broeks MBM Elsa	2325	637	3.24	Bouw Holsteins (NL)
KNS DREAM	Shamrock x Man-O-Man x Goldwyn	Dorfgirl	2316	745	2.81	KNS Holsteins (DE)
KOEPON EPIC CLAUDIA 27	Epic x Man-O-Man x Shottle	Vir-Clar de Classy	2315	701	2.61	W.N. Pon-Koepon (NL)
TERBEEK GLENDA 3819	Shamrock x Shottle x Adam	Eastland Golden	2314	702	3.07	Terbeek Holsteins (NL)
WILTOR DREAMGIRL-ET	Explode x Man-O-Man x Goldwyn	KNS Dreamday	2314	625	3.61	Wiltor Holsteins (UK)
BOUW SHAMROCK LIZETTE	Shamrock x Stol Joc x Titanic	Savage-Leigh Licorice	2309	729	3.07	RT Genetics (UK)
JK EDER SILVY 1	Shamrock x Baxter x Goldwyn	All.Nure Baxter Silvy	2309	684	3.22	Diamond Genetics & JK Eder



Diepenhoek Rozelle 54

Neerduist Uno Cherry

Velthuis Observer Akira

JK Eder Silvy 1

#6 GTPI Heifer, Gr. of Cosmopolitan

3rd dam is MD-Delight Durham Atlee



Prezi

Info Share

Table 2 – Ten top Shottle sons on the basis of TPI.

Source: Dairybulls.com.

NAME	COUNTRY	TPI
Lotta-Hill	US	2239
Yance	US	2090
Doberman	US	2086
Santa-Fe	US	2068
Showtime	DE	2063
Short Cut	DE	2058
BG-ET	HU	2044
Trigger	US	2042
Santana	US	2036
Neapol	IT	2026



**Köszönöm megtisztelő
figyelmüket!**

