DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS

NAGYNÉ KISZLINGER HENRIETTA

KAPOSVÁRI EGYETEM

AGRÁR- ÉS KÖRNYEZETTUDOMÁNYI KAR

2014

KAPOSVÁRI EGYETEM
AGRÁR- ÉS KÖRNYEZETTUDOMÁNYI KAR
Állatgenetikai és Biotechnológiai Tanszék

A doktori iskola vezetője
KOVÁCS MELINDA
az MTA levelező tagja

Témavezető
NAGY ISTVÁN
tudományos főmunkatárs

A GAZDASÁGILAG JELENTŐS SERTÉSFAJTÁK FAJTATISZTA ÉS KERESZTEZETT TENYÉSZÉRTÉKE NÉHÁNY ÉRTÉKMÉRŐ TULAJDONSÁGBAN

Készítette
NAGYNÉ KISZLINGER HENRIETTA

Kaposvár

2014

DOI: 10.17166/KE.2015.002

TARTALOMJEGYZÉK

1. BEVEZETÉS 4

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS 6

2.1. Az indexszelekciótól a BLUP-ig 6

2.1.1. Az indexre alapozott szelekció 6

2.1.2. A BLUP 8

2.1.3. A BLUP előnye a hagyományos indexmódszerrel szemben 10

2.1.4. Változások az utóbbi évek BLUP tenyészértékbecslési rendszerében 14

2.2. Fajtatiszta és keresztezett tenyészérték 16

2.3. A jelenlegi tenyészértékbecslési rendszerünk fejlesztési lehetősége 22

3. A DISSZERTÁCIÓ CÉLKITŰZÉSEI 24

4. ANYAG ÉS MÓDSZER 25

4.1 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése apai sertésfajtákban hízékonysági tulajdonságokra 25

4.2 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban hízékonysági tulajdonságokra 27

4.3 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra 28

4.4 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hízékonysági tulajdonságokra apai sertésfajtákban 30

4.5 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hízékonysági tulajdonságokra anyai sertésfajtákban 32

4.6 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra 32

5. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK 33

5.1 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése apai sertésfajtákban hízékonysági tulajdonságokra 33
5.1.1 Leíró statisztika 33
5.1.2 Öröklődhetőségek 35
5.1.3 Alomhatások 36
5.1.4 Genetikai korrelációk 37
5.2 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban hízékonysági tulajdonságokra 38
5.2.1 Leíró statisztika 38
5.2.2 Öröklődhetőségek 40
5.2.3 Alomhatások 42
5.2.4 Genetikai korrelációk 43
5.3 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra 44
5.3.1 Leíró statisztika 44
5.3.2 Öröklődhetőségek és tartós környezeti hatás 46
5.3.3 Genetikai korrelációk 49
5.4 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hízékonysági tulajdonságokra apai sertésfajtákban 51
5.4.1 Leíró statisztika 51
5.4.2 Genetikai trendek 52
5.4.3 Tenyészérték stabilitás 54
5.5 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hízékonysági tulajdonságokra anyai sertésfajtákban 57
5.5.1 Leíró statisztika 57
5.5.2 Genetikai trendek 59
5.5.3 Tenyészérték stabilitás 61
5.6 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra 63

5.6.1 Leíró statisztika 63
5.6.2 Genetikai trendek 64
5.6.3 Tenyészérték stabilitás 66
6. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK 68
7. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK 70
8. ÖSSZEFOGLALÁS 72
9. SUMMARY 77
10. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS 82
11. IRODALOMJEGYZÉK 83
12. A DISSZERTÁCIÓ TÉMAKÖRÉBŐL MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK 102
13. A DISSZERTÁCIÓ TÉMAKÖRÉN KÍVÜL MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK 104
14. SZAKMAI ÉLETRAJZ 106

1. BEVEZETÉS

Valamennyi gazdasági állatfaj folyamatos teljesítménybeli fejlődésének kulcsa a genetikai képességek lehető legpontosabb becslése, az értékes genetikát hordozó egyedek kiválogatása, tervszerű párosítása és a további szelekciós bázist képező utódpopuláció létrehozása.

Magyarország sertésállományának létszáma a múlt század ’80-as éveinek közepén elérte a 10 milliót, majd a ’90-es évektől kezdődően drasztikus csökkenés figyelhető meg. 1995-re a sertéslétszám majdnem felére esett vissza (BALOGH és mtsai, 2009), az elmúlt években folyamatosan csökkent, és mostanra már alig haladja meg a 3 milliót (KSH, 2014). Ilyen alacsony létszám mellett kézenfekvő, hogy a tenyészállatok kiválasztására a legprecízebb eljárás alkalmazása szükséges. A hazai sertés tenyészérték becslést több mint 50 éven keresztül a Hazel indexre (HAZEL, 1943) alapozták, melynek legnagyobb hátránya, hogy csak nagyon korlátozottan képes a környezeti hatásokat figyelembe venni, a becslések pedig a fenotípusos teljesítményre épülnek. Ebből következik, hogy a kapott eredmény torzított lesz, és a sertés értékszáma csak abban a tenyészetben helytálló, ahol az indexképzés alapjául szolgáló méréseket elvégezték. Az indexmódszer így a tenyészállatok tenyészetek közti korrekt rangsorolását sem teszi lehetővé. Míg a magyar sertéstenyésztők a ’90-es évek közepéig kizárólag a fokozatosan korszerűtlenné váló Hazel-féle indexet alkalmazták, a környező országok eredményesen bevezették a HENDERSON (1975) által kidolgozott és az indexszelekció hátrányait kiküszöbölő BLUP módszert. A ’90-es évek közepétől hazánkban a Hazel indexpontszám mellett minden tenyészállat és tenyészállat jelölt BLUP indexet is kapott, de a BLUP módszer csak 2008 óta képezi hivatalosan a tenyészérték becslés alapját.

A jelenleg alkalmazott eljárás a fajtát fix hatásként kezeli, így csak fajtahatást képes becsülni. A modellben szereplő összes fajta tehát azonos genetikai paramétereket kap, ami a tenyészértéket torzítja. A hazai sertéstenyésztésben ráadásul a tenyészállatok jelentős része, mintegy 60 %-a keresztezett (NÉBIH 2013), ezzel szemben a BLUP módszerrel a fajtatiszta szülőknek eddig kizárólag fajtatiszta tenyészértéket becsültek a tenyésztők, holott lehetőség volna a rokoni kapcsolatok révén keresztezett tenyészértéket is becsülni, aminek hatása lehet a szelekciós döntésre.

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1 Az indexszelekciótól a BLUP-ig

2.1.1 Az indexre alapozott szelekció

A magyar sertéstenyésztésben évtizedeken keresztül alkalmazták a HAZEL (1943) által kidolgozott indexszelekciót, mely az üzemi teljesítményvizsgálati index (ÜSTV), a hízékonysági és vágási teljesítményvizsgálati index (HVT), valamint a szaporasági és felnevelési teljesítményvizsgálati index (SZFTV) alapjául szolgált. Magyarországon a 60-as évek végén, a 70-es évek elején vezették be a kétlépcsős tenyészértékbecslési rendszert (CSATÓ és BALTAY, 1990). A süldők első lépcsőben az ÜSTV mint előszelekció eredményeik alapján egy indexpontszámot kaptak, amely a későbbiekben már csak tájékoztató jellegű adatként maradt meg. A megállapított indexhatárt elérve a süldőt tenyésztésbe vehették. (CSATÓ, 1992). 1997-ben vezették be az EUROP ÜSTV vizsgálati módszert, amely az EUROP vágóhídi minősítési és osztályozási rendszer adaptálását jelenti élő állatokra ultrahangos méretfelvétellel (OMMI, 1997). A hagyományos ÜSTV 2001-ben megszűnt, és felváltotta az EUROP ÜSTV. Az ÜSTV index alapját képező tulajdonságok 2002-ig a 100 kg-ra vetített, egy életnapra jutó súlygyarapodás és az egyed átlagos hátszalonna vastagsága volt (OMMI, 2000), ezt követően az átlagos hátszalonna vastagságot felváltotta a becsült színhús százalék, melyet az állat két szalonnavastagság és egy karajvastagsági adatából egy meghatározott képlettel számítunk ki (OMMI, 2002). Ha a tenyészállat jelölt törzstenyésztésbe került, az utószelekció keretén belül meghatározott számú ivadékát HVT-re küldték. A vizsgálat eredményeképpen kapott HVT index az anyai fajták, tehát a

magyar nagyfehér, a magyar lapály, valamint a kettő keresztezésével létrehozott fajtakonstrukció kanjainál és az apai fajtacsoport, vagyis a pietrain, duroc, hampshire fajták és az ezekből létrehozott keresztezett konstrukciók kanjainál és kocáinál végleges tenyészértéket jelentett. A tenyészkocák a szaporasági és felnevelési teljesítményük alapján SZFTV indexpontszámot kapnak, amely az apai fajtacsoport kocáinál csak tájékoztató jellegű, míg az anyai fajtacsoport, tehát a magyar nagyfehér, magyar lapály és a két fajta keresztezésével előállított fajtakonstrukciók kocáinál a HVT indexpontszámmal fele-fele arányban beszámítva végleges tenyészértéket jelentett (CSATÓ, 1992). Ez a három lépés a lényege az egységes tenyészérték megállapítási rendszernek, amelynek az a célja, hogy egységes elbírálást biztosítson mind a tenyészállatoknak, mind a tenyészeteknek.

A hagyományos index módszer hátrányaként említi meg CSATÓ és RADNÓCZI (1994) azt, hogy a tenyészértékbecslés során nyert teljesítmény adatok csak önmagukban értelmezhetők, az egyes vizsgálati lépcsők közt nincs összeköttetés. Ugyancsak CSATÓ (1999) veti fel azt a problémát, hogy az akkor használatos rendszer a tenyészállatnak illetve a tenyészállat jelöltnek csak a saját (ÜSTV, SZFTV) és ivadékai (HVT) eredményeit veszi figyelembe, és azt a fajtastandardhoz viszonyítja. A sertéstartó telepeken esetenként igen nagy technológiai különbségekkel találkozunk, ami a vizsgált egyedek fenotípusos teljesítményében visszatükröződik. Ez is részét képezi annak a környezethatásnak, amit az indexre alapozott szelekció csak korlátozott mértékben képes kiszűrni (CSATÓ, 1999). A sertés teljesítményvizsgálati kódexekben nyomon követhető, hogy korrekció csak az ÜSTV-ben, 100 kg-os testsúlyra, valamint az ivarra történik egy regressziós együttható segítségével. A környezeti hatások ilyen mértékű figyelmen kívül hagyása maga után

vonja azt is, hogy az indexpontszámok alapján felállított tenyészállat rangsor csak abban a tenyészetben érvényes, ahol a vizsgálatot elvégezték (NAGY és CSATÓ, 2004). Az indexszelekció, ahogy XIE és XU (1996) is megfogalmazta, feltételezi, hogy a tenyészállat populáció egyedei között nem áll fenn rokoni kapcsolat. Egy véges populáció egyedei a valóságban azonban mindig rokoni kapcsolatban állnak egymással (FRANKHAM és mtsai, 2007). Az indexmódszer viszont nem képes figyelembe venni a rokoni kapcsolatokat sem (FARKAS és mtsai, 1999). Az indexre alapozott szelekció további hátrányaként kell megemlíteni azt is, hogy a teljesítményvizsgálat során figyelembe vett tulajdonságokra nem becsül külön-külön tenyészértéket (FARKAS és mtsai, 1999), hanem azokat súlyozottan figyelembe véve egyetlen pontszámba sűríti bele a tenyészállat adott tulajdonság csoportra vonatkozó teljesítményét. Már DOHY (1979) is leírta az indexszelekciónak azt a hátrányos tulajdonságát, hogy nem teszi lehetővé egy-egy tulajdonság időnként változó kiemelését a szelekcióban.

2.1.2 A BLUP

A fent felsorolt hibákat hivatott kiküszöbölni egy olyan módszer, amelyet hazánkon kívül már a 90-es években standard eljárásként alkalmaztak a sertéstenyésztésben (FALKENBERG és HAMMER, 2009), amikor Magyarországon a tenyésztők még mindig az indexszelekcióra alapozták a tenyészállatok kiválasztását. Ez a Best Linear Unbiased Prediction, röviden BLUP. Észak- és Nyugat-Európa egyes országaiban már a 70-es években terjedni kezdett a tejelő és húshasznosítású növendék bikák saját teljesítményvizsgálatában (DOHY, 1979). A hazai szarvasmarha tenyésztésben a 80-as évek óta alkalmazzák sikeresen (ZSILINSZKY, 1984, 1987). Emellett a lótenyésztésben is szerepet

kapott, a világon elsőként Svédországban vezették be (MITCHELL és mtsai, 2004), valamint a juhtenyésztésben is szintén a BLUP módszerre alapozzák a tenyészértékbecslést (DOHY, 1999). A sertéstenyésztésben az első nemzetközi alkalmazásról HUDSON és KENNEDY (1985) számol be.

A magyarul „legjobb lineáris torzítatlan előrejelzés” elnevezés magyarázata a következőképpen foglalható össze. A legjobb attól, hogy a tenyészállat genetikai képességét a lehető legpontosabban közelíti meg, vagyis az előre jelezni kívánt érték és a számított érték közötti átlagos négyzetes eltérés minimális. Lineáris, mivel a random változók lineáris kapcsolatban állnak a mért vagy számított adatokkal. Torzítatlan, mivel a számítás nem tartalmaz szisztematikus hibát, a fix (nem genetikai) hatások nem torzulnak. Az ismeretlen, valós tenyészértékek a becsült tenyészértékek körül szóródnak, így az eredményeket nem terheli sem fölé- sem alábecslés. És végül előrejelzés attól, hogy várható teljesítményt jelzünk előre a teljesítményvizsgálatokban kapott eredmények alapján (ROBINSON, 1991; CSATÓ és RADNÓCZI, 1994). ROBINSON (1991) megjegyzi, hogy különbséget teszünk a fix és a random hatásokra a BLUP módszerrel kapott értékek elnevezése között, e szerint a fix hatások esetében becsült (BLUE), míg a random hatásoknál előrejelzett értékekről beszélünk.

A BLUP lényegében egy több ismeretlenes egyenletrendszer, amely tehát képes fix (ilyen például az ivar, a telep vagy az év-hónap hatás) és random (alomhatás, egyed) hatásokat együttesen becsülni, miközben a teljes rokoni kapcsolatrendszert is figyelembe veszi. Minden új egyed teljesítménye egy újabb egyenletet jelent az egyenletrendszerben, ami így folyamatosan bővül. A BLUP kidolgozása HENDERSON (1975) nevéhez fűződik.

A BLUP előfeltétele a vizsgált tulajdonságokra végzett variancia-kovariancia komponens, az öröklődhetőség, valamint a tulajdonságok közötti genetikai korreláció becslése, amelyhez a szükséges szoftvert, az általam is használt VCE5 programcsomagot KOVAC és GROENEVELD (2003), valamint a VCE6 programcsomagot GROENEVELD és mtsai (2008) fejlesztették ki. E módszerhez jelenleg alkalmazott PEST programcsomag kidolgozása GROENEVELD (1990) nevéhez fűződik.

2.1.3 A BLUP előnye a hagyományos indexmódszerrel szemben

Az indexszelekció talán legnagyobb hátrányaként említett problémát, a környezeti hatások figyelmen kívül hagyását oldja meg a BLUP azáltal, hogy számszerűsíti a modellbe bevett hatásokat, így korrigálja a becsült tenyészértéket. Ebből következik, hogy minél több hatást tudunk figyelembe venni, annál pontosabb becslést kapunk (CSATÓ és NAGY, 2003). Az indexmódszerhez képest a becslés pontosságán túl, azáltal, hogy a valós és a becsült tenyészérték közti korreláció maximális (CSATÓ és RADNÓCZI, 1994), gyorsabb tenyésztési előrehaladással is számolhatunk, mivel a program képes figyelembe venni a tenyészállat rokonainak termelési eredményeit. Ebből következik, hogy már akkor tenyészértéket tudunk becsülni a sertésnek, amikor még termelésbe se állítottuk (CSATÓ, 1992; CSATÓ és RADNÓCZI, 1994).

BRUNS (1983) a mesterséges termékenyítés rutinszerű alkalmazását megelőzően megkérdőjelezte a BLUP alkalmasságát a sertéstenyésztésben, és CSATÓ (1999), valamint RADNÓCZI és mtsai (1999) is beszámolnak a tenyészetek egymástól való genetikai elszigeteltségéről, a mesterséges termékenyítés alkalmazásának alacsony

arányáról. A tenyészetek zártsága az ezredfordulót követően sem javult számottevően, CSATÓ és mtsai (2004) továbbra is a BLUP módszer bevezetésének gátjaként említik a telepek közötti genetikai kapcsolat hiányát, aminek következtében a becsült tenyészértékek és a telephatás összekeverednek („confounding” jelenség). NAGY és mtsai (2004a) néhány hazánkban tenyésztett sertésfajta és keresztezéseik 1994 és 1999 közötti adatai alapján vizsgálták a tenyészeten belüli és a tenyészetek közötti kanhasználatot. A vizsgált kilenc (fajtatiszta és keresztezett) fajtából, illetve fajtakonstrukcióból két esetben, a belga lapály tenyészetekben és a Ka-Hyb D vonalban a genetikai kapcsolat teljes hiányát állapították meg. A többi fajta esetében a kapcsolat 5-14 % között változott. Mára a mesterséges termékenyítés aránya eléri a 80 %-ot, ami FLINK (2011) szerint nemzetközi viszonylatban is megállja a helyét. Minél több a rokon egyed, annál nagyobb a valószínűsége annak, hogy eltérő környezetben termelnek, mint a vizsgált egyed, ami megint csak a becslés pontosságát növeli (CSATÓ és RADNÓCZI, 1994.).

RADNÓCZI és mtsai (1999) azt is kiemelik, hogy a becslés pontosságában akkor jelentkezik a legnagyobb előny a BLUP javára, ha a kannak nincs vagy csak kevés utódja van. Jelen teljesítményvizsgálati rendszerben legalább havonta minden törzskönyvben nyilvántartott egyedre tenyészértéket kell becsülni (MgSZH, 2009), így kiküszöbölhető az a hiba, hogy adott tenyészállat akár a termelésben tartás teljes ideje alatt ugyanazt a tenyészértéket vigye magával. A BLUP módszer sajátosságából adódik, hogy a becsült tenyészértéket nem egy fajtastandardhoz, hanem az adatbázisból számított átlaghoz viszonyítva adja meg, így az adatbázisba bekerülő minden egyes új rekord módosítja a viszonyítási alapot, és vele együtt a már bent lévő egyedek tenyészértékét (CSATÓ, 1999). A rendszerben bent lévő egyedek teljesítménye pedig

helytől és időtől függetlenül összehasonlítható (RADNÓCZI és mtsai, 1999).

A BLUP tenyészérték becslésnek mindezeket az előnyeit figyelembe véve adott volt egy olyan módszer, amely lehetővé és szükségessé is tette a hazai nemesítőmunka színvonalának javítását. CSATÓ és mtsai (1997, 1999) már a 90-es évek végén felhívták a figyelmet arra, hogy e módszer alkalmazása nélkül a hazai sertéstenyésztés elveszítheti versenyképességét a nemzetközi piacon. A tenyésztők részéről érezhető kedvezőtlen fogadtatáson igyekezett CSATÓ és NAGY (2002, 2003) egy olyan módszerrel változtatni, amely lehetővé teszi a környezeti tényezők kiszűrésének szemléletes megjelenítését. Kimutatták, hogy magyar lapály, illetve magyar nagyfehér setéseken mért színhús százalék és a tenyészethatás között statisztikailag igazolható összefüggés áll fenn, vagyis a környezeti tényezőkkel befolyásolható a tenyészállat eredménye. A BLUP módszerrel becsült tenyészérték és a tenyészethatás között azonban nem jelentkezett szignifikáns korreláció, tehát sikerült igazolniuk a BLUP tenyészérték becslésnek a környezeti hatásokat elimináló hatását. Ezt erősítették meg NAGY és mtsai (2002a), amikor nagyfehér hússertéseken az előbbi szerzőkével azonos vizsgálatot végeztek el, és az eredményeik összhangban állnak CSATÓ és NAGY (2002, 2003) eredményeivel.

A gyakorlati szakemberek számára is könnyen értelmezhető módon hasonlította össze a BLUP rangsort és az ÜSTV-re alapozott rangsort, és hívta fel a figyelmet a kettő közötti esetenként óriási különbségre NAGY és CSATÓ (2004). Az ÜSTV indexek és a BLUP tenyészértékek közt nem találtak statisztikailag igazolható összefüggést, tehát a kétfajta értékelési mód gyakorlatilag független egymástól.

Szélsőséges esetben az ÜSTV index alapján legjobb helyre rangsorolt sertés a BLUP rangsorban akár lényegesen hátrébb is kerülhet.

Hogy a BLUP módszer hazánkban csak igen lassan tudott érvényt szerezni magának, annak is köszönhető, hogy a tenyésztők felfogása szerint az igen jó vagy hátrányos tartási és takarmányozási körülmények miatt a BLUP adott esetben túlságosan alá- vagy fölébecsülné a tenyészértékeket, lényegében szisztematikus hibát okozna a számításban. Ennek jártak utána VÍGH és mtsai (2005) HVT keretében gyűjtött adatok elemzése során, és megállapították, hogy a sertések fenotípusos eredménye és a tenyészet között szignifikáns összefüggés áll fenn, azonban a BLUP képes volt korrigálni ezt a hatást. Ugyancsak ezt a problémát vizsgálták NAGY és mtsai (2002b) magyar nagyfehér, magyar lapály és Ka-Hyb sertések adatainak felhasználásával, és arra a következtetésre jutottak, hogy ha az állatok eloszlása a telepek között a teljesítményüket tekintve nem véletlenszerű, a telepet fix hatásként kezelve a BLUP képes az említett hibát kiküszöbölni. Ennek folytatásaként NAGY és mtsai (2004b) a BLUP modellek pontosságát a keresztvalidáció módszerével vizsgálták. A központi vizsgálat adatbázisából a szerzők véletlenszerűen zártak ki rekordokat, majd a kizárt egyedek teljesítményét az adatbázis fennmaradó részének segítségével becsülték meg. A telep-év hatás modelltől függően fix vagy random hatásként szerepelt. Nem mutattak ki környezeti tényezőnek köszönhető szisztematikus alá- vagy fölébecslést, így a BLUP módszert alkalmasnak találták a tenyészértékbecslésre.

Sok év termelési eredményei alapján vizsgáljuk a szelekciós haladást, tehát adott tulajdonságban az időegység, célszerűen egy év alatt elért javulást. VÍGH és mtsai (2006) megállapították, hogy a korábbi, fenotípusra alapozott trenddel szemben a BLUP tenyészérték alapján

becsült trend megbízhatóbb éppen az előbb említett tulajdonságai miatt, vagyis hogy figyelembe veszi a környezeti hatásokat is. A BLUP módszerrel különösen a kis öröklődhetőséggel rendelkező tulajdonságokban érhetünk el gyorsabb előrehaladást (CSATÓ és mtsai, 2006). Ugyanakkor CSATÓ és mtsai (2006) megemlítik azt is, hogy igen nagy jelentőséggel bír a BLUP modell helyes megválasztása. HVT adatbázisra alapozva különböző tulajdonságokon vizsgálták a környezeti hatások mértékét úgy, hogy a modellből először kihagyták, majd beleillesztették a kovariáló tulajdonságot. Előbbi esetben a szoftver fölébecsülte a tenyészethatás mértékét, míg az utóbbi esetben, a kovariáló tényező szerepeltetésével lényegesen csökkent a tenyészetek befolyásoló hatása. A szerzők rávilágítanak arra a problémára, hogy ha a BLUP modell helytelen megválasztása ilyen mértékben torzítja a kapott eredményeket, akkor a hagyományos indexszámításnál legalább ekkora hibával szembesülhetünk.

2.1.4 Változások az utóbbi évek BLUP tenyészértékbecslési rendszerében

A mai napig használatban lévő BLUP-ra alapozott tenyészértékbecslési rendszerben a szaporaságra egy-, majd kétváltozós modell készült, melyben a tenyészértéket az élve született malacok számára, és 2013 óta a 28 napra korrigált felnevelési alomsúlyra is becsülik. Az üzemi sajátteljesítmény vizsgálatra, a hízékonyság és vágóérték vizsgálatra, valamint az üzemi ivadékvizsgálatra többváltozós modellt dolgoztak ki. Az ÜSTV illetve az ÜITV (utóbbi 2013 óta már nem része az egységes tenyészértékbecslésnek) esetében a modellben szerepeltetett tulajdonságok az életnapok száma a születéstől a vizsgálatig és a színhús százalék, míg a HVT-nél a 80. naptól a 105 kg-os testsúlyig

eltelt hizlalási napok számát, az elfogyasztott takarmány mennyiségét, az értékes húsrész százalékot, valamint a húsminőségi pontszámot vették figyelembe. A modellekben a tenyésztő üzem, a vágóhíd, a teljesítményvizsgáló állomás, a vizsgálati időszak, valamint a fajta mint fix hatás szerepelt. Külön genetikai csoportot képezett a magyar nagyfehér, a magyar lapály és a kettő reciprok keresztezésével előállított fajtakonstrukció, valamint a pietrain, a duroc, a hampshire és ezek keresztezéseivel előállított pietrain x duroc és a pietrain x hampshire fajtakonstrukció. A fajta mint hatás szerepeltetésével így a keresztezett állatok is bevonhatók az értékelésbe. A modellekbe bevett kovariálók a következők voltak: a szaporaság vizsgálatára készített modellben a koca kora fialáskor, a HVT-ben a vágási súly, az ÜSTV-ben pedig az élősúly. Az ÜITV-ben mért hasított súly korrigálása már előzetesen megtörtént az élősúlyra.

A tulajdonságonként becsült tenyészértékből teljes tenyészérték indexet számítottak külön az anyai és az apai fajtacsoportra, lehetőséget adva az indexben szereplő tulajdonságok egyedi súlyozására. Az indexszámítás alapját a hizlalási nap (HVT), az értékes húsrészek aránya (HVT), az életnap (ÜSTV, ÜITV) és a színhús százalék (ÜSTV, ÜITV) képezték. Az anyai fajtacsoportra alkalmazott index: I = 100 – 1,22 x hizlalási napok száma + 5,53 x értékes húsrészek aránya – 1,11 x életkor + 10,45 x színhús %. Az apai fajtacsoportra alkalmazott index: I = 100 – 1,20 x hízlalási napok száma + 4,85 x értékes húsrészek aránya – 1,15 x életkor + 15,54 x színhús %.

Minden törzskönyves egyedre legalább havonta BLUP tenyészértéket becsültek és TT indexet számítottak. A végső tenyészértékszint meghatározásához az anyai fajtacsoportok kocáinál a szaporasági tenyészértékkel kombinálták a TT indexet, az apai fajtacsoport kocáinál a TT-indexet, míg a kanoknál a BLUP minősítést

vették figyelembe. A kanok BLUP minősítésének feltétele a kódexben (MgSZH, 2009) meghatározott számú ivadékokon elvégzett HVT, ÜITV, illetve ÜSTV vizsgálat.

A legutolsó változás, ahogy korábban már utaltam rá, 2013-ban történt, s bár az új kódex hivatalosan még nem jelent meg, Eicher J. személyes közlése alapján a következőkben foglalom össze. A szaporasági teljesítményvizsgálati modell kétváltozósra bővült a felnevelési alomsúllyal. A hízékonysági teljesítményvizsgálati modellben szereplő tulajdonságok a hizlalási napok száma a 80. naptól a vizsgálat napjáig (HVT), az értékes húsrészek aránya (HVT), az életnapok száma (ÜSTV) és a színhús százalék (ÜSTV). A megadott tulajdonságokból szaporasági és hízékonysági BLUP indexet számítanak. Az I. és a II. fajtacsoport kocáinál és kanjainál egyaránt a fenti két index átlaga adja a BLUP TT indexet, míg a III. és IV. fajtacsoport tenyészállatainál a csak a BLUP hízékonysági indexet veszik figyelembe a minősítés során. A BLUP minősítés mindkét ivarban azonos a TT indexszel.

2.2 Fajtatiszta és keresztezett teljesítmény

A sertéstenyésztés vertikális szerkezetében a keresztezett egyedek aránya a nukleusz állományoktól lefelé haladva egyre nő, ami elengedhetetlenné tette a keresztezett sertések teljesítményének figyelembe vételét is a tenyészértékbecslésben. A nukleusz szinten történő szelekció hatása a szaporító telepeken termelő sertésekre nagyban függ a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény genetikai kapcsolatának szorosságától (BRANDT és TÄUBERT, 1998; NEWMAN és mtsai, 2010). WONG és mtsai (1971) már a múlt század második felében felvetették azt a kérdést, hogy a fajtatiszta szülők szelekcióját a fajtatiszta vagy a velük rokon keresztezett egyedek teljesítményére célszerű-e

alapozni. Vizsgálatukban a fajtatiszta szelekció és a speciális kombinálódó képességre alapozott szelekció relatív hatékonyságát hasonlították össze egy három vonalas keresztezett sertéspopuláció teljesítményének javítása céljából. A fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti kapcsolatot (r_{pc}) az azonos apától származó fajtatiszta és keresztezett féltestvérek teljesítménye közti kovarianciával határozták meg. A fajtatiszta és keresztezett teljesítmény közötti korrelációt a kovariancia apai komponensének és a fajtatiszta illetve keresztezett variancia apai komponens szorzatából vont négyzetgyök hányadosaként számították ki. A vizsgált tulajdonságok az alomnagyság, a választás utáni átlagos napi tömeggyarapodás, a takarmányértékesítés, a hátszalonna vastagság és a nevezett tulajdonságokból képzett index volt. Tulajdonságonként két különböző szelekciós differenciállal számoltak. A hatékonyságot egy viszonylag egyszerű képlet segítségével számították ki, melynek számlálójában a speciális kombinálódó képességre alapozott szelekciónak köszönhető genetikai változás, nevezőjében pedig a fajtatiszta szelekción alapuló genetikai változás áll. Az eredményeik alapján arra a következtetésre jutottak, hogy három eset kivételével a fajtatiszta szelekcióra alapozva érhető el jelentősebb javulás a keresztezett sertések teljesítményében.

Ugyanebben az időben vizsgálták BISWAS és mtsai (1971) a fajtatiszta szelekcióra és a rekurrens reciprok szelekcióra alapozott teljesítménynövelés lehetőségét keresztezett sertésállományban. A sertések ugyanabból a kiinduló állományból származtak. A kétvonalas illetve három vonalas keresztezésből származó adatokat külön értékelték. A fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti összefüggést a keresztezett utódoknak a fajtatiszta utódokra számított regressziója alapján határozták meg. Szignifikáns különbséget találtak a fajtatiszta és a rekurrens reciprok szelekció között a kétvonalas keresztezett sertések

esetében a születéskori alomnagyság, a születéskori és a 21 napos átlagos tömeg tulajdonságokban. A három vonalas keresztezett sertéseknél szignifikáns különbséget a 21 és 154 napos átlagos tömegben mutattak ki. A reciprok rekurrens szelekció fölényét igazolták az alomnagyságban, míg az átlagos testtömeg tulajdonságban a fajtatiszta szelekció bizonyult eredményesebbnek. A szerzők arra a következtetésre jutottak, hogy a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti gyenge kapcsolat miatt a fajtatiszta szelekciós módszerek nem valószínű, hogy javítják a keresztezett utódok teljesítményét.

WEI és mtsai (1991a) hasonló statisztikai módszerrel, de elméleti síkon vizsgálták a fajtatiszta és a keresztezett utódok közötti teljesítménybeli kapcsolatot. Az eredményeikből kiderül, hogy a fajtatiszta teljesítményre vetített keresztezett teljesítmény közötti regressziós együtthatót a szülői vonalak allélgyakorisága és a dominancia mértéke is befolyásolja. Egy lókuszos modellt alapul véve azonban megállapították, hogy mivel mindössze három genotípus áll rendelkezésre kiszámítani a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény átlagokat, és az apai tenyészérték az allélgyakorisággal együtt szélsőségesen változik, ez a modell nem alkalmas a korreláció tanulmányozására – amely így vagy +1 vagy -1 értéket vesz fel –, ahhoz több lókuszt szükséges figyelembe venni. Így a vizsgálataikat kiterjesztették egy két lókuszos modellre (WEI és mtsai, 1991b) az allélgyakoriság és a dominancia fokának függvényében. A fajtatiszta és keresztezett teljesítmény közötti korrelációt hasonlóképpen számították, ahogy azt WONG és mtsai (1971). Úgy találták, hogy az allélgyakoriságtól és a dominancia mértékétől függően a korreláció értéke -1 és 1 között változik. Az r_{pc} értéke mindig 1, ha nincs dominancia, vagy ha a szülőpopulációkban egyenlő az allélgyakoriság. A korreláció a részleges dominancia minden esetében pozitív, míg overdominancia esetén negatív értéket vesz fel. A dominancia és a korreláció egymással

ellentétes irányban változik. Az allélgyakorisággal kapcsolatban pedig megállapították, hogy minél nagyobb e tekintetben a különbség a két szülőpopuláció között, annál kisebb értéket vesz fel a genetikai korreláció. Ha megfordítjuk a logikai menetet, az r_{pc} értékéből következtetni tudunk a szülőpopulációk közötti allélgyakoriság különbségre is (BESBES és GIBSON, 1999).

A dolgozatom szempontjából fontos kérdésre, hogy a keresztezett teljesítményt hogyan befolyásolja, ha a szülőállomány szelekcióját a fajtatiszta vagy a keresztezett utódok teljesítményre alapozzuk, WEI és mtsai (1991b) a következő választ kapták. A fajtatiszta és a keresztezett teljesítményre alapozott szelekció ugyanabba az irányba változtatja meg a keresztezett teljesítményt, amennyiben az r_{pc} pozitív. Ezzel szemben, ha az r_{pc} negatív, akkor a keresztezett teljesítmény a keresztezett utódok alapján szelektálva pozitív, míg a fajtatiszta utódok alapján szelektálva negatív irányba változik.

WEI és van der WERF (1994) annak a lehetőségét is felvetette, hogy a keresztezett teljesítmény növeléséhez érdemes mérlegelni mind a fajtatiszta, mind a keresztezett teljesítményt. Ezt a módszert elsők között vizsgálták úgy, hogy a fajtatiszta és a keresztezett teljesítményt külön tulajdonságként kezelték, melyek között a genetikai korrelációra nagy hangsúlyt fektettek. Ennek nyomán három szelekciós módszer hatását vizsgálták a keresztezett teljesítményre: a fajtatiszta, a keresztezett, valamint a kombinált keresztezett-fajtatiszta teljesítményre alapozott szelekció hatását. Tanulmányukból kiderül, hogy az r_{pc} minél jobban megközelíti a nullát, annál eredményesebben javítható a keresztezett teljesítmény a kombinált keresztezett-fajtatiszta teljesítményre alapozott szelekcióval, fajtatiszta szelekcióval pedig csak akkor érhető el jobb eredmény, ha az r_{pc} megközelíti az egyet. A legtöbb szaporasági és fitnesz tulajdonságban akár 5 %-kal magasabb genetikai javulásról számolnak be

a kombinált szelekció alkalmazásakor a fajtatiszta szelekcióhoz képest $h_p^2=h_c^2=0.2$ és $r_{pc}=0.7$ esetén. Amennyiben az r_{pc} értéke 1, a kombinált szelekció hatékonyabb a csupán keresztezett teljesítményre alapozott szelekciónál, mivel az előbbi fajtatiszta információt is tartalmaz. A szerzők azonban arra is felhívják a figyelmet, hogy amennyiben a valós r_{pc} értéknél alacsonyabb értékkel dolgozunk, az rosszabb, mintha annál magasabb értéket használnánk. Ezt azzal magyarázzák, hogy a valósnál alacsonyabb r_{pc} szükségtelenül megnöveli a keresztezett egyedek családi információjára helyezett hangsúlyt.

Hasonló eredményről számol be BIJMA és van ARENDONK (1998), akik olyan szelekciós indexet fejlesztettek ki, melynek segítségével a keresztezett teljesítmény növelése volt a cél. Rámutattak, hogy a keresztezett információval nyert haszon rohamosan nő, ahogy a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti genetikai kapcsolat gyengül. Nulla korrelációs értékhez közelítve az előny a végtelenbe tart. A keresztezett információból származó előnyt alacsony öröklődhetőség mellett találták a legnagyobbnak. BÖSCH és mtsai (2000) mindehhez azt is hozzáteszik, hogy ha keresztezett információt is felhasználunk a fajtatiszta sertések értékeléséhez, megbízható pedigrére és megbízható teljesítmény adatokra van szükség.

WOLF és mtsai (2002) különböző, keresztezett információt tartalmazó, illetve nem tartalmazó modellekkel becsült tenyészértékek pontosságát hasonlították össze a becsült értékek átlagos standard hibáját véve alapul. Megállapították, hogy a keresztezett információnak jelentős hatása van a becsült tenyészértékek standard hibájára az üzemi teljesítményvizsgálati tulajdonságok esetében. Az eredeti érték 95 %-val csökkent így a standard hiba.

A fent megfogalmazottakból adódik a kérdés, hogy van-e értelme a fajtatiszta információt is figyelembe venni, ha a keresztezett teljesítmény a

tenyészcél. WEI és van der WERF (1994) úgy fogalmazott, hogy a fajtatiszta információ mindig jelentősen hozzájárul a szelekció pontosságához, amennyiben az r_{pc} nem túl alacsony. BIJMA és van ARENDONK (1998) azzal magyarázza a kérdést, hogy ha csak a keresztezett utódok (féltestvérek) információit vesszük figyelembe, nincs lehetőség különbséget tenni a fajtatiszta édestestvérek tenyészértékei között, mivel mindegyik ugyanazzal az információval fog rendelkezni. Ennek eredményeképpen az egyedek indexértékei között szorosabb lesz az összefüggés, ami a szelekció intenzitásának csökkenését vonja maga után. Az előző szerzők véleményét képviselik LUTAAYA és mtsai (2001) is, akik ugyancsak szükségesnek tartják a keresztezett utódok maximális genetikai javulása érdekében a keresztezett információk felhasználását a fajtatiszta szülőegyedek értékelésében. Ezen túlmenően arra is felhívják a figyelmet, hogy a fajtatiszta teljesítmény alapján a legjobbak közé rangsorolt egyedek a keresztezett teljesítmény alapján nem feltétlenül kerülnek a legkiemelkedőbb egyedek közé. Ezt egy későbbi tanulmányban rangkorrelációs vizsgálattal is alátámasztották (LUTAAYA és mtsai, 2002). A tenyésztési programban így változtatásokra lehet szükség, mivel előfordulhat, hogy a keresztezett teljesítmény alapján kiemelkedő egyed a szükséges időpontban már nem áll rendelkezésre. Ugyanerre a következtetésre jutottak EHLERS és mtsai (2006), akik megállapították, hogy a tenyészérték pontossága reprodukciós tulajdonságokban 12,5-15,6 %-kal javult, ha kombinálták a keresztezett és a fajtatiszta információt. Ezen túlmenően Spearman rangkorreláció számítással igazolták, hogy igen jelentős mértékű rangsor változás történik a tenyészállatok között a keresztezett teljesítmény figyelembevétele után ($r < 0,85$).

WEI és van der WERF (1995) arra a problémára is kitér, hogy miként torzul a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti korreláció,

ha a fajtatiszta és a keresztezett állatokat eltérő környezetben tartjuk. Ez esetben a becsült genetikai korreláció keveredik a genotípus-környezet interakcióval, vagyis az r_{pc}-re csak akkor kapunk reális értéket, ha a fajtatiszta és a keresztezett egyedek megközelítőleg azonos környezetben termelnek. A szerzők azonban azt is megjegyzik, hogy nem feltétlenül szükséges ezt a hatást figyelembe venni abban az esetben, ha a keresztezett egyedek abban a környezetben termelnek, amelyre a tenyészcélt megfogalmazzák.

2.3 A jelenlegi tenyészértékbecslési rendszerünk fejlesztési lehetősége

A hazánkban jelenleg alkalmazott tenyészérték becslési rendszer hátránya, hogy a BLUP modellekben a fajtát fix hatásként szerepeltetve csak fajtahatást tudunk becsülni. A varianciakomponensek becsléséhez szükséges adatkódolást a PEST szoftver végzi, majd a kódolt adatokat felhasználva becsül a VCE szoftver varianciakomponenseket és öröklődhetőségeket. Az alkalmazott modellből adódik, hogy az összes fajta és keresztezett konstrukció, melyeknek adatait felhasználtuk, ugyanazt a varianciakomponenst és öröklődhetőséget fogja megkapni, tehát közös lesz a vizsgált tulajdonságokra kapott alomhatás és a tartós környezethatás is. Így azonban felmerül annak a lehetősége, hogy a tenyészértékek, minthogy becslésükhöz az említett varianciakomponensek is szükségesek, valamelyest torzulni fognak. HABIER és mtsai (2007) bajor pietrain kanok fajtatiszta és keresztezett utódainak hízékonysággal és húsminőséggel kapcsolatos tulajdonságaira becsültek varianciakomponenseket és öröklődhetőséget, és megállapították, hogy jelentős különbség van a fajtatiszta és a keresztezett értékek között. Ezért hiába kaptak magas genetikai korrelációkat a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény között, a kettőt külön tulajdonságként kell kezelni. Az így

becsült tenyészértékek sem azonosak, tehát két különböző rangsort kapunk.

A fajtatiszta és a keresztezett teljesítményt külön tulajdonságként kezelve lehetőség nyílik a tenyészértékek pontosabb előrejelzésére. Fajtatiszta egyedeknek értelemszerűen csak fajtatiszta teljesítménye lehet, keresztezett egyedeknek csak keresztezett, a BLUP modell azonban lehetővé teszi, hogy a rokoni kapcsolatokon keresztül a fajtatiszta egyedek keresztezett tenyészértéket is kapjanak a keresztezett teljesítményre.

3. A DISSZERTÁCIÓ CÉLKITŰZÉSEI

Munkám során a következő célokat tűztem ki:

- Hízékonysági tulajdonságok genetikai paramétereinek együttes becslése fajtatiszta és keresztezett apai sertésfajtákban.
- Hízékonysági tulajdonságok genetikai paramétereinek együttes becslése hazai anyai sertésfajtákban.
- Szaporasági tulajdonságok genetikai paramétereinek együttes becslése hazai anyai sertésfajtákban.
- Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése átlagos napi tömeggyarapodás és színhús tulajdonságokban hazai fajtatiszta és keresztezett apai sertésfajtákban.
- Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése átlagos napi tömeggyarapodás és színhús tulajdonságokban hazai fajtatiszta és keresztezett anyai sertésfajtákban.
- Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hazai fajtatiszta és keresztezett anyai sertésfajták szaporasági tulajdonságaiban.

4. ANYAG ÉS MÓDSZER

4.1. Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése apai sertésfajtákban, hízékonysági tulajdonságokra

A vizsgálatokat a pietrain (Pi, 5717), duroc (Du, 4868), hampshire (Ha, 1157) sertések és a keresztezett konstrukciók (Pi x Du, 4728; Pi x Ha, 8210) üzemi sajátteljesítmény vizsgálati (ÜSTV) adataira alapoztam. Az adatokat a NÉBIH (MgSZH jogutódja) gyűjtötte 1997 és 2010 között 68 telepen. A Pi, Du, Pi x Du adatbázishoz tartozó pedigrében szereplő egyedek száma 60 926, míg a Pi, Ha, Pi x Ha adatbázishoz tartozó pedigrében szereplő egyedek száma 42 004 volt.

A vizsgált tulajdonság az átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék volt. A színhús százalékhoz szükséges méréseket a SONOMARK 100 ultrahangos készülékkel végezték kanoknál és kocasüldőknél egyaránt. A szalonnavastagságot 80 és 110 kg közötti súlyban a 3. és 4. ágyékcsigolya között (mm; a gerincvonaltól oldalirányban 8 cm-re), a 3. és 4. borda között (mm; a gerincvonaltól oldalirányban 6 cm-re), valamint mérték a karajvastagságot a 3. és a 4. borda között (mm; a gerincvonaltól oldalirányban 6 cm-re). A mért adatok felhasználásával az alábbi képlet segítségével számítható ki a színhús százalék (h):

h =56.333381 - 0.122854 x sz1 - 0,786312 x sz2 +
+ 0,006160 x sz2 x sz2 + 0,237677 x k2
ahol
sz1 szalonna vastagság a 3. és 4. ágyékcsigolya között mm;

sz2 szalonna vastagság a3. és 4. borda között ,mm;
k2 karaj vastagság az sz2 mérési ponton, mm

A színhúst mint tulajdonságot az ÜSTV-ben hivatalosan csak 2000 óta használják, de az adatok már a korábbi évekből is rendelkezésre állnak. Az állatok tartásáról és takarmányozásáról a Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex (MgSZH, 2009) rendelkezik.

A leíró statisztikát a SAS 9.1 szoftverrel (SAS Inst. Inc., Cary, NC, 2004) számítottam ki. A vizsgált tulajdonságok genetikai paramétereit külön becsültem REML módszerrel a PEST szoftver (GROENEVELD, 1990) (csak adatkódolás történt) és a VCE 5 szoftver (KOVAC és GROENEVELD, 2003) segítségével kéttulajdonságos egyedmodell alkalmazásával. A fajtatiszta és a keresztezett állatok átlagos napi tömeggyarapodás és színhús százalék tulajdonságait genetikailag különböző tulajdonságnak tekintettem, tehát egy-egy modellben mindig a fajtatiszta és keresztezett tulajdonságot párosítottam. A fajtatiszta egyedek értelemszerűen csak fajtatiszta, a keresztezett egyedek pedig csak keresztezett teljesítmény adatokkal rendelkeznek, ezért ahhoz, hogy a fajtatiszta sertéseknek keresztezett genetikai paramétereket tudjak becsülni, az adatbázist előzőleg a SAS 9.1 szoftverrel kibővítettem úgy, hogy minden egyed rendelkezzen fajtatiszta és keresztezett eredménnyel is. Ez logikailag úgy oldható meg, hogy ahol az egyed nem rendelkezhet méréssel, nulla értéket kap. Összesen két futtatást végeztem. Az egyedmodell szerkezete a következő volt:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

y = a megfigyelések vektora, b = a fix hatások vektora, a = az additív genetikai hatás vektora, c = a random alomhatások vektora, e = a random reziduális hatások vektora, X, Z és W sorrendben a fix hatások, az additív genetikai hatás és az alomhatás előfordulási mátrixa.
A modellben az év-hónap, az ivar és a telep fix hatásként, a vizsgálatkori tömeg kovariálóként, míg az additív genetikai hatás és az alomhatás random hatásként szerepel.

4.2. Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban hízékonysági tulajdonságokra

Az adatokat a NÉBIH 1997 és 2010 között az üzemi sajátteljesítmény vizsgálat (ÜSTV) keretében gyűjtötte. Vizsgált fajták a magyar nagyfehér sertés (MNF) (n = 232 755), a magyar lapály sertés (ML) (n = 100 321) és a reciprok keresztezett konstrukciók (MNF x ML) (n=223 899). Magyar nagyfehér sertést 120, magyar lapály sertést 64, keresztezett fajtakonstrukciót 130 telepen tartottak. A fajtatiszta és a keresztezett állatokat részben azonos telepen tartották. A fajtatiszta és a vele rokon keresztezett egyedeket tekintve ez az átfedés a MNF és a MNF x ML között 47,9 %, a ML és a MNF x ML között 20,4 % volt. A vizsgálatok 5 generációra terjedtek ki a méréssel rendelkező egyedektől kiindulva. A MNF – MNF x ML adatbázishoz tartozó pedigrében szereplő egyedek száma 508 009, a ML – MNF x ML adatbázishoz tartozó pedigrében szereplő egyedek száma pedig 393 707 volt.

A vizsgált tulajdonságok az egy életnapra jutó tömeggyarapodás, a színhús százalék és az életnap volt. A teljesítményvizsgálatban a vizsgált tulajdonságokat az első vizsgálat anyag és módszer fejezetében leírtakkal megegyező módon rögzítették, valamint az állatok tartása és

takarmányozása is a Sertés Teljesítményvizsgálati Kódexben leírtak alapján történt (MgSZH, 2009).

A leíró statisztikát a SAS 9.1 szoftverrel (SAS Inst., Cary, NC, 2004) számítottam ki. A fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény genetikailag különböző tulajdonságnak tekintettem. Az egy életnapra jutó tömeggyarapodás, az életnap és a színhús százalék genetikai paramétereit REML-módszerrel, a PEST500 (GROENEVELD, 1990) és a VCE6 (GROENEVELD és mtsai, 2008) szoftverek segítségével, kétváltozós egyedmodell alkalmazásával becsültem. Összesen hat futtatást végeztem. A modell szerkezete megegyezik az első vizsgálatnál ismertetett modellel. Az életnap tulajdonság esetében a testtömeget kovariálóként szerepeltettem a modellben.

4.3. Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra

Az adatokat a NÉBIH a szaporasági és felnevelési teljesítményvizsgálat keretén belül 2001 és 2010 között gyűjtötte. A vizsgált fajták a magyar nagy fehér hússertés (MNF), a magyar lapály sertés (ML) és a reciprok keresztezett konstrukciók voltak. A sertéstartó telepek száma sorrendben 102, 45 és 80. A fajtatiszta és a keresztezett állatokat részben azonos telepeken tartották. A fialások száma 1 és 17 között változott. A vizsgált tulajdonságok az életkor az első inszeminálaskor (ÉEI), az élve született malacszám (ÉMSZ), a vemhesség hossza (VH) és a két fialás közt eltelt idő (KI) volt. A magyar nagyfehér és lapály kanok 10,5 illetve 9,6 %-ának, valamint a kocák 14 illetve 20,6 %-ának volt fajtatiszta és keresztezett utódja is. A fajtatiszta és a keresztezett sertéseket részben ugyanazokon a telepeken tartották, vagyis ilyen értelemben a telepek között átfedéseket tapasztaltam. Az átfedés

mértéke a magyar nagyfehér esetében 43,3 %, míg a magyar lapálynál 11,6 % volt. Az adatokat a SAS 9.1 (SAS Inst., Cary, NC, 2004) szoftver segítségével készítettem elő. Az összes rekordot tartalmazó adatbázist két részre osztottam, melyek mindegyike csak az egyik fajtatiszta populációt tartalmazta a vele rokon keresztezett konstrukcióval együtt. A fajtatiszta és a keresztezett állatok vizsgált tulajdonságait külön tulajdonságnak tekintettem. A genetikai paramétereket a REML módszerrel, a PEST500 (GROENEVELD, 1990) és a VCE6 (GROENEVELD és mtsai, 2008) szoftverek segítségével becsültem kétváltozós ismételhetőségi modellt alkalmazva az élve született malacszámra, a vemhesség hosszára és a két fialás közt eltelt időre, míg az első inszeminálászkori életnapok számára kétváltozós egyedmodellt használtam. A rekordokhoz alsó és felső korlátot állítottam be a PEST500-ban a következőknek megfelelően: ÉEI – 150-450 nap, VH – 105-125 nap, KI – 139-290 nap. Mindösszesen 8 futtatást végeztem. Az ismételhetőségi illetve az egyedmodell szerkezete a következő volt:

Az ismételhetőségi modell (VH, ÉMSZ, KI):

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Az egyedmodell (ÉEI):

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

ahol y = a megfigyelések vektora, b = a fix hatások vektora, a = az additív genetikai hatás vektora, p_e = a tartós környezeti hatás vektora, és

X, Z and W sorrendben a fix, az additív genetikai hatás és a tartós környezeti hatás előfordulási mátrixa.

Az ismételhetőségi modellben fix hatásként szerepelt a fialási sorszám, a fialási év-hónap és a telep, míg additív hatásként kezeltem az additív genetikát és a tartós környezeti hatást. Az egyedmodellbe fix hatásként vettem be a telep mellett az inszeminálási év-hónapot, és random hatásként kezeltem az additív genetikát.

A pedigrében szereplő egyedek száma 126 340 volt. A fajtánként és tulajdonságonként figyelembe vett rekordok számát az 1. táblázat mutatja.

1. táblázat. Rekordok száma fajtánként és tulajdonságonként

Tulajdonság	MNF[1]	ML[2]	F_1
ÉMSz[3]	167 865	56 743	163 980
VH[4]	167 865	56 743	163 980
KI[5]	112 059	38 541	110 628
ÉEI[6]	46 143	16 083	43 024

[1]magyar nagyfehér, [2] magyar lapály, [3] élve született malacok száma, [4] vemhességi idő, [5] két fialás közt eltelt idő, [6] életkor az első inszeminálászkor

4.4. Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hízékonysági tulajdonságokra apai sertésfajtákban

A vizsgálatban részt vett sertésfajták a pietrain, a duroc, a hampshire, a reciprok keresztezett pietrain x duroc és pietrain x hampshire. Az adatok forrása megegyezik az 1. vizsgálatban megadott forrással. A vizsgált tulajdonság az egy életnapra jutó tömeggyarapodás és a színhús százalék volt. A fajtatiszta és a keresztezett teljesítményt külön tulajdonságként kezeltem. A leíró statisztikát a SAS 9.1 szoftver

segítségével számítottam ki (SAS Institute Inc., 2004). Az egyes fajták közötti különbségek szignifikancia vizsgálatát a SAS 9.1 szoftver (SAS Institute Inc., 2004) GLM eljárásával végeztem. Az egy életnapra jutó tömeggyarapodás és a színhús százalék genetikai paramétereit REML-módszerrel, a PEST500 (GROENEVELD, 1990) (csak adatkódolás céljából használtam) és a VCE6 (GROENEVELD és mtsai, 2008) szoftverek segítségével, kétváltozós egyedmodell alkalmazásával becsültem. Mindegyik keresztezett fajtakonstrukció két adatbázisban szerepel, egyszer az egyik, majd a másik fajtatiszta adatbázissal együtt, így összesen két-két futtatást végeztem mindegyik tulajdonságra. A modellben az év-hónap, az ivar és a telep fix hatásként szerepelt, míg az additív genetika és az alomhatás random hatás volt.

Az egy életnapra jutó tömeggyarapodás és a színhús százalék genetikai trendjeinek számítási módja: a vizsgált tulajdonságok tenyészértékeinek éves átlagát lineáris regresszióval illesztettem a születési évekre a SAS 9.1 szoftver (SAS Institute Inc., 2004) segítségével. A fajtatiszta sertések genetikai trendjeit a fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékeikből is kiszámítottam, a keresztezett állatok esetében értelemszerűen csak a keresztezett tenyészértékből számítottam trendet. A fajtatiszta és a keresztezett genetikai trendek összehasonlítását MEAD és mtsai (1993) alapján végeztem abban az esetben, ha az összehasonlítandó trendek mindegyikének szignifikáns volt a regressziós együtthatója.

A tenyészérték stabilitás vizsgálatának módszere: a fajtatiszta sertéseket a viszonylag kis adatbázis miatt a teljes vizsgálati periódusra nézve állítottam sorba. A tenyészértékek stabilitását a kétféleképpen

rangsorolt állatokból a legjobb 100 kan és 1000 koca közös képviselőinek arányával jellemeztem.

A fajtatiszta és keresztezett tenyészérték alapján rangsorolt legjobb 100 és 1000 egyed keresztezett tenyészértékei átlagának különbségét szintén kiszámítottam, ami ugyancsak a tenyészértékek stabilitására utal.

4.5. Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hízékonysági tulajdonságokra anyai sertésfajtákban

A vizsgálatban részt vett sertésfajták a magyar nagy fehér hússertés, a magyar lapály és a reciprok keresztezett fajtakonstrukció. Az adatok forrása megegyezik a 2. vizsgálatban megadott forrással. A vizsgálat módszere a továbbiakban megegyezik a 4. pontban ismertetett módszerrel. Attól eltérően csak a tenyészérték stabilitást vizsgáltam: a fajtatiszta sertéseket a rendelkezésre álló nagy adatbázis miatt évente rangsoroltam a fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékek alapján.

4.6. Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra

Az első inszeminálászkori életnapok számának, az élve született malacszámnak és a két fialás közt eltelt időnek vizsgálatához felhasznált adatok megegyeznek a 3. vizsgálatban ismertetett forrással. Az alapstatisztika számításához, a genetikai paraméterbecsléshez és a tenyészérték becsléshez használt szoftverek és modellek szintén megegyeznek a 3. vizsgálatban leírtakkal.

A genetikai trendek és a tenyészérték stabilitás becslésének illetve vizsgálatának módszere megegyezik a 4. pontban bemutatott módszerrel.

5. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

5.1 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése apai sertésfajtákban hízékonysági tulajdonságokra

A jelenleg alkalmazott BLUP modellben, ahogy azt korábban leírtam, a modellben szereplő minden fajta és keresztezett konstrukció azonos genetikai paramétereket és öröklődhetőséget kap, ami torzíthatja a tenyészértékeket. Az alábbiakban bemutatásra kerülő genetikai paramétereknél a téma szempontjából az értékek nagysága mellett az értékek genotípusonkénti változékonysága a kiemelkedő jelentőségű.

5.1.1 Leíró statisztika

A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikája a 2. táblázatban látható. A legmagasabb színhús százalékot a pietrain sertésnél találtam, ami összhangban áll a szakirodalomban közölt adatokkal (YOUSSAO és mtsai, 2002.; KLIMAS és KLIMIENÉ, 2009; GEYSEN és mtsai, 2000). Ezzel szemben a pietrain fajta átlagos napi tömeggyarapodása alacsonyabb. Hasonló eredményekről számol be JASEK és mtsai (2006), noha ők nagyobb különbséget találtak a hampshire és a duroc között a duroc javára. WOLF és mtsai (2006) ugyanakkor a pietrain sertéshez képest alacsonyabb átlagos napi tömeggyarapodást állapítottak meg a hampshire sertésnél.

2. táblázat. A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikája

Tulajdonság	Fajta/fajtakonstrukció	Minimum	Maximum	Átlag	SD
	Pi[1]				
Színhús (%)		52,7	68,0	61,7a	2,1
Átl. napi tömeggy. (g)		283	774	526,6d	60,5
	Du[2]				
Színhús (%)		50,0	66,8	58,2e	1,9
Átl. napi tömeggy. (g)		318	756	557,0c	56,6
	Pi x Du[3]				
Színhús (%)		52,5	66,0	59,7c	2,0
Átl. napi tömeggy. (g)		317	764	565,9b	67,9
	Ha[4]				
Színhús (%)		54,0	65,0	59,5d	1,8
Átl. napi tömeggy. (g)		361	809	560,1c	80,6
	Pi x Ha[5]				
Színhús (%)		54,0	65,0	60,9b	1,4
Átl. napi tömeggy. (g)		346	846	576,3a	65,7

[1]pietrain; [2]duroc; [3]pietrain x duroc; [4]hampshire; [5]pietrain x hampshire
Tulajdonságonként tekintve a különböző betűkkel jelölt átlagok szignifikánsan eltérőek ($p<0,05$)

5.1.2. Öröklődhetőségek

Az ÜSTV-ben vizsgált tulajdonságok becsült öröklődhetőségeit a 3. táblázat mutatja be. Mindkét tulajdonság alacsony-közepes öröklődhetőséget mutat, ami összhangban áll az irodalmi adatokkal (LUTAAYA és mtsai, 2001; ZUMBACH és mtsai, 2007; HABIER és mtsai, 2009a). Meg kell azonban jegyezni, hogy a színhús százalékra becsült alacsony öröklődhetőség esetleg a kevésbé precíz ultrahangos vizsgálatnak köszönhető. KÖVÉR és mtsai (2002) bemutatták az élő állaton történő ultrahangos vizsgálatot a színhús százalék becsléséhez, amely eljárás kevésbé pontos más eljárásokhoz viszonyítva.

A saját eredményeimnél lényegesen magasabb értékeket kaptak a színhússzázalékra fajtatiszta sertéspopulációkban SONESSON és mtsai (1998; 0,41) és KNAPP és mtsai (1997; 0,40-0,53). LO és mtsai (1992) duroc, lapály és a reciprok keresztezett sertésekre közös genetikai varianciát feltételezve 0,46-os öröklődhetőséget becsültek az átlagos napi tömeggyarapodásra. Vizsgálataimban a fajtatiszta és a keresztezett sertéspopulációk esetében kapott öröklődhetőségek nem mutattak tendenciális különbséget. Ezzel szemben BRANDT és TÄUBERT (1998) két keresztezett sertésvonalban magasabb öröklődhetőséget becsült, mint a fajtatiszta sertésekben. Ennek egy lehetséges magyarázata, hogy a keresztezett állatokban tapasztalható nagyobb mértékű heterozigozitás növeli az additív genetikai varianciát. Hasonló eredményekről számol be MERKS és HANENBERG (1998). BESBES és GIBSON (1999) szintén ilyen jelenséget tapasztalt fajtatiszta és keresztezett tojótyúkok tojástermeléssel kapcsolatos tulajdonságait vizsgálva, és úgy érveltek, hogy a dominancia variancia egy része additív varianciává alakul.

3. táblázat. A vizsgált tulajdonságok öröklődhetőségei (zárójelben a standard hiba)

	Pi[1]	Du[2]	Pi x Du[3]	Ha[4]	Pi x Ha[5]
Színhús százalék	0,17 (0,02)	0,15 (0,02)	0,13 (0,02)	0,22 (0,06)	0,20 (0,02)
Átl. napi tömeggy.	0,20 (0,02)	0,24 (0,02)	0,25 (0,03)	0,37 (0,06)	0,37 (0,02)

[1] pietrain; [2]duroc; [3]pietrain x duroc; [4]hampshire; [5]pietrain x hampshire

5.1.3 Alomhatások

Az alomhatásokat (a koca közös környezeti hatása) a 4. táblázatban mutatom be. Ennek a hatásnak a jelentősége nagyobb volt az átlagos napi tömeggyarapodásnál. A becsült értékek meghaladták az additív genetikai hatást hasonlóképpen NAGY és mtsai (2008) eredményeihez. Ez az eredmény azért érdekes, mert az alomhatás a szoptatás alatti környezettel áll kapcsolatban, és a mértéke az életkor előrehaladtával csökken. Ehhez képest BRANDT és TÄUBERT (1998) alacsony értékeket kapott (0,09-0,17). A színhús százalék esetében magasabb értékeket kaptam, mint NAGY és mtsai (2008), akik magyar nagy fehér és magyar lapály sertéseket vizsgáltak.

4. táblázat. Az ÜSTV tulajdonságokban tapasztalt alomhatás mértéke (zárójelben a standard hiba)

	Pi[1]	Du[2]	Pi x Du[3]	Ha[4]	Pi x Ha[5]
Színhús százalék	0,26 (0,01)	0,15 (0,01)	0,18 (0,01)	0,18 (0,02)	0,10 (0,01)
Átl. tömeggy.	0,41 (0,01)	0,25 (0,01)	0,35 (0,01)	0,23 (0,03)	0,25 (0,01)

[1] pietrain; [2] duroc; [3] pietrain x duroc; [4] hampshire; [5] pietrain x hampshire

5.1.4 Genetikai korrelációk

A fajtatiszta és keresztezett sertések közötti genetikai korreláció az 5. táblázatban látható. Az életnapi tömeggyarapodás tulajdonságban az értékek mérsékelten magasak, illetve magasak voltak egyetértésben más szerzők eredményeivel (BRANDT és TÄUBERT, 1998; WOLF és mtsai, 2002; STAMER és mtsai, 2007). Ezek az eredmények azt sugallják, hogy ebben a tulajdonságban a keresztezett információ már nem hordozza magában a lényeges változtatás lehetőségét, így a fajtatiszta sertések keresztezett teljesítményre irányuló szelekcióját elegendő a fajtatiszta teljesítményre alapozni. Vizsgálatomban a színhús százalékra alacsony-közepes értékeket kaptam szemben WOLF és mtsai (2002) és STAMER és mtsai (2007) becsléseivel, akik magas genetikai korrelációról (sorrendben 0,97 és 0,99) számolnak be. IBANEZ-ESCRICHE és mtsai (2011) rangkorreláció számítással közelítették meg a színhús százalékra becsült tenyészértékek stabilitását, amely indirekt úton ad választ a keresztezett információ jelentőségére. A pietrain fajta esetében 0,79-es értéket számítottak, melyből azt a következtetést vonták le, hogy a keresztezett információ figyelembevételével a fajtatiszta pietrain sertések rangsora megváltozik, vagyis a szelekciós döntésnél nem elegendő kizárólag a fajtatiszta tenyészértéket figyelembe venni. A duroc fajtánál ezzel szemben magas, 0,9-et meghaladó rangkorrelációt számítottak, ami összefügg a fajtánál a színhússzázalékra becsült magasabb öröklődhetőséggel. A hampshire és a pietrain x hampshire konstrukció között negatív korrelációt becsültem (-0,38), ami fenntartással kezelendő.

5. táblázat. Genetikai korrelációk a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény között (zárójelben a standard hiba)

	Színhús százalék	Átlagos napi tömeggyarapodás
Pi [1] – Pi x Du	0,65 (0,16)	0,93 (0,15)
Du[2] – Pi x Du	0,56 (0,16)	0,85 (0,12)
Ha[3] – Pi x Ha	-0,38 (0,17)	0,56 (0,14)
Pi – Pi x Ha	0,48 (0,20)	0,75 (0,12)

[1] pietrain; [2] duroc; [3] hampshire;

5.2 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban hízékonysági tulajdonságokra

5.2.1 Leíró statisztika

Az 6. táblázatban a fajtatiszta és a keresztezett sertések teljesítményének leíró statisztikája látható. Az átlagok tekintetében az összes fajta egységes képet mutatott minden vizsgált tulajdonságban. A minimum és a maximum értékekben azonban nagy változatosságot tapasztaltam, aminek hátterében valószínűleg a telepek nagy száma, és ezáltal a nagyon különböző felnevelési környezet áll.

6. táblázat. Az átlagos napi tömeggyarapodás, a színhús százalék és az életnap leíró statisztikája

Tulajdonság	Fajta/fajtakonst-rukció (n)	Minimum	Maximum	Átlag	Szórás
	MNF[1] (230 750)				
Átlagos napi tömeggyarapodás (g)		325	892	536c	61
Színhús (%)		50,0	67,5	57,3b	1,9
Életnap		120	246	180,5b	21,3
	ML[2] (99 493)				
Átlagos napi tömeggyarapodás (g)		339	894	558a	64
Színhús (%)		47,0	67,0	58,0a	2,2
Életnap		120	244	174,9c	21,3
	MNF x ML/ ML x MNF (222 409)				
Átlagos napi tömeggyarapodás (g)		325	894	543b	62
Színhús (%)		47,1	67,0	56,9c	1,8
Életnap		120	247	181,1a	20,8

[1] magyar nagyfehér; [2] magyar lapály
Tulajdonságonként tekintve a különböző betűkkel jelölt átlagok szignifikánsan eltérőek ($p<0,05$)

5.2.2 Öröklődhetőségek

Átlagos napi tömeggyarapodás

Az 7. táblázat az öröklődhetőségi értékeket mutatja be. Megállapítottam, hogy mindhárom tulajdonságban közepes öröklődhetőség tapasztalható. Az átlagos napi tömeggyarapodásra kapott 0,21-0,27 értékeim a legtöbb irodalmi adatnak megfelelnek (BRANDT és TÄUBERT, 1998; 0,20-0,31; HICKS és mtsai, 1998; 0,32; WOLF és mtsai, 2000; 0,21; LUTAAYA és mtsai, 2001; 0,23-0,28 és 0,26-0,30; WOLF és mtsai, 2001; 0,16-0,18; FISCHER és mtsai, 2002; 0,17-0,31; NAKAVISUT és mtsai, 2005; 0,29; ZUMBACH és mtsai, 2007; 0,16-0,32; NAGY és mtsai, 2008; 0,20 és 0,18; DARFOUR-ODURO és mtsai, 2009; 0,22). Ezzel szemben BATES és BUCHANAN (1988), valamint STAMER és mtsai (2007) magas értékeket becsültek erre a tulajdonságra (sorrendben 0,52 és 0,36-0,47). Mivel egy tulajdonság öröklődhetősége nagyban függ a populáció paramétereitől, például az allélgyakoriságtól, az értékek nagyobb intervallumban is változhatnak. A fajtatiszta és a keresztezett sertéseket összehasonlítva magasabb öröklődhetőséget tapasztaltam a keresztezett állatoknál, ami BRANDT és TÄUBERT (1998) szerint a keresztezés miatti genetikai variancia növekedésével magyarázható. Hasonló különbségeket mutattak ki LUTAAYA és mtsai (2001) és NAKAVISUT és mtsai (2005). Ettől eltérően ZUMBACH és mtsai (2007) magasabb öröklődhetőséget mutattak ki a fajtatiszta sertéspopulációban, mint a keresztezett rokonaiknál.

Színhús százalék

A színhús százalékra becsült öröklődhetőségek 0,28 és 0,37 között mozognak, ami összhangban áll CSATÓ és mtsai (2002) és NAGY és mtsai (2008) eredményeivel, akik ugyanezeket a fajtákat vizsgálták. A további irodalomban azonban magasabb értékeket találtam (KNAPP és mtsai, 1997; 0,42-0,57; SONESSON és mtsai, 1998; 0,41; HABIER és mtsai, 2008; 0,59, 0,44; WOLF és mtsai, 2000; 0,42; STAMER és mtsai, 2007.; 0,42-0,64). Az eredmények értékelésénél figyelembe kell venni, hogy az előbb említett öröklődhetőségi adatok központi teljesítményvizsgálaton alapulnak. Ez különbséget jelent a környezeti varianciában, másrészt a méréseket vágott testen végezték el. Ezzel szemben jelen vizsgálatban a színhús százalékot élő sertéseken indirekt módon, ultrahangos vizsgálattal vett két szalonnavastagsági és egy karajvastagsági adatból számítják. Vizsgálatomban a magyar nagyfehér - magyar nagyfehér x magyar lapály adatbázis esetében a keresztezett állatokra becsült öröklődhetőség elenyésző mértékben haladta csak meg a fajtatiszta sertésekre becsült öröklődhetőséget.

Életnap

Az életnapra becsült öröklődhetőségi értékek a várakozásomnak megfelelően követték az átlagos napi tömeggyarapodásra becsült értékek alakulását. A szakirodalomban az eredményeimhez hasonló adatokat találtam. KENNEDY és mtsai (1985) 0,27-0,46-os öröklődhetőségekről számolnak be. BIDANEL és mtsai (1994 a, b) az életnap tulajdonságot 100 kg-os élősúlyban vizsgálták és 0,24 és 0,25-ös értékeket becsültek. Más szerzők eredményei is összhangban állnak a becsléseimmel (BIDANEL és DUCOS, 1996; BIZELIS és mtsai, 2000; ZHANG és mtsai, 2000a; NAGY és mtsai, 2008).

7. táblázat. Az átlagos napi tömeggyarapodás, a színhús százalék és az életnap öröklődhetősége (zárójelben a standard hiba)

	MNF[1]	ML[2]	MNF – MNF x ML ML – MNF x ML
Átlagos napi tömeggyarapodás	0,24 (0,005)	0,21 (0,007)	0,26 (0,007) 0,27 (0,007)
Színhús százalék	0,28 (0,004)	0,33 (0,007)	0,36 (0,006) 0,37 (0,007)
Életnap	0,25 (0,004)	0,24 (0,007)	0,32 (0,007) 0,33 (0,007)

[1] magyar nagyfehér; [2] magyar lapály

5.2.3 Alomhatások

Vizsgálataimban az alomhatás mértéke 0,18 és 0,50 között változott (8. táblázat). A magas c^2 értékeket HOFER (1990) arra vezeti vissza, hogy a teljesítményvizsgálat során – ahogy az Magyarországon is szokás – viszonylag gyakran vizsgálnak alomtestvéreket egyidejűleg. A megengedett tág súlyintervallum (80-110 kg) lehetővé teszi a magyar teljesítményvizsgálatban, hogy a sertéseket azonos életkorban vizsgálják. Ezáltal csökken az életkor-variancia, ami viszont magasabb c^2 értékeket eredményez. Az életnappal szemben a színhús százaléknál és az átlagos napi tömeggyarapodásnál alacsony c^2 értékeket becsültem. Utóbbi tulajdonságot az életnapon kívül a vizsgálatkori testtömeg is befolyásolja, ami az életnap hatásával ellentétes irányú. Meg kell jegyezni, hogy NAGY és mtsai (2008) az életnapra szokatlanul magas értékeket becsültek (0,46 és 0,48). A szakirodalomban az alomhatás 0,10 és 0,37 között változik (KENNEDY és mtsai, 1985; BIDANEL és mtsai, 1994b; ZHANG és mtsai, 2000b; NAKAVISUT és mtsai, 2005; NAGY és mtsai, 2008).

8. táblázat. Az átlagos napi tömeggyarapodás, a színhús százalék és az életnap alomhatása (zárójelben a standard hiba)

	MNF[1]	ML[2]	MNF – MNF x ML ML – MNF x ML
Átlagos napi tömeggyarapodás	0,29 (0,002)	0,33 (0,004)	0,29 (0,003) 0,29 (0,003)
Színhús százalék	0,28 (0,004)	0,21 (0,004)	0,36 (0,006) 0,18 (0,002)
Életnap	0,50 (0,002)	0,45 (0,004)	0,47 (0,003) 0,48 (0,003)

[1]MNF – magyar nagyfehér; [2]ML – magyar lapály

5.2.4 Genetikai korrelációk

A genetikai korrelációk közvetve utalnak a fajtatiszta szülőpopulációk tulajdonságonként eltérő allélgyakoriságára (BESBES és GIBSON, 1999), illetve a tulajdonság kialakításában szerepet játszó dominanciára (WEI és mtsai, 1991b).

9. táblázat. Genetikai korrelációk a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény között (zárójelben a standard hiba)

	Átl. napi tömeggy.	Színhús százalék	Életnap
MNF[1] – MNF x ML[2]	0,47 (0,03)	0,46 (0,03)	0,26 (0,03)
ML – MNF x ML	0,37 (0,04)	0,28 (0,03)	0,25 (0,04)

[1] magyar nagyfehér; [2] magyar lapály

A fajtatiszta és keresztezett teljesítmény közti genetikai korrelációk (9. táblázat) alacsony-közepes szinten mozogtak. A legalacsonyabb értékeket az életnapra kaptam (0,28 és 0,25). Az irodalomban talált adatok

jelentősen felülmúlják a becsléseimet. Így például az átlagos napi tömeggyarapodásra BRANDT és TÄUBERT (1998) 0,91-1, 0. FISCHER és mtsai (2002) 0,7 és 0,9, LUTAAYA és mtsai (2002) 0,62 és 0,99, STAMER és mtsai (2007) 0,91 és 0,65, HABIER és mtsai (2008) 0,88 mértékű korrelációt becsültek. Színhús százalék esetében a genetikai kapcsolat szoros volt, HABIER és mtsai (2008) 0,9, STAMER és mtsai (2007) pedig 0,99 és 0,8-as korrelációt becsültek. Az életnapra nem találtam hasonló vizsgálatokat a szakirodalomban.

Az eredmények arra utalnak, hogy a vizsgálatba vont magyar sertéstartó telepeken a nem additív hatásoknak nagyobb jelentőségük van, mint a szakirodalomban vizsgált sertéseknél.

5.3 Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra

5.3.1 Leíró statisztika

A leíró statisztikát a 10. táblázat tartalmazza. A jobb összehasonlíthatóság kedvéért a variációs koefficienseket is kiszámítottam. A legnagyobb változatosságot az élve született malacszámnál tapasztaltam. Az első inszeminációskori életkornak, a vemhesség hosszának és a két fialás közt eltelt időnek alsó és felső korlátot állítottam be, így ezek az értékek minden fajtánál azonosak. A vizsgált tulajdonságok átlagait tekintve a genotípusok közel állnak egymáshoz az első inszeminációskori életnapot kivéve, ahol szignifikáns különbséget találtam a fajtatiszta magyar lapály javára.

10. táblázat. A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikája

	Tulajdonság	Min.	Max.	Átlag	Szórás	CV%
MNF1	ÉEI[3] (nap)	154	450	279a	46	16
MNF	VH [4](nap)	105	125	115a	2	1,5
MNF	ÉMSZ[5]	1	25	10,3a	2,6	25,2
MNF	KI[6] (nap)	140	289	166a	27	15,9
ML2	ÉEI (nap)	155	450	254c	43	16,9
ML	VH (nap)	105	125	117a	2	1,6
ML	ÉMSZ	1	22	10,5a	2,6	24,8
ML	KI (nap)	140	289	161a	24	14,8
F_1	ÉEI (nap)	153	450	268b	44	16,3
F_1	VH (nap)	105	125	116a	2	1,5
F_1	ÉMSZ	1	24	10,4a	2,4	23,1
F_1	KI (nap)	140	289	162a	24	14,7

[1] magyar nagyfehér, [2] magyar lapály [3] életkor első inszeminálászkor, [4] vemhesség hossza, [5] élve született malacok száma, [6]két fialás közt eltelt idő

Tulajdonságonként tekintve a különböző betűkkel jelölt átlagok szignifikánsan eltérőek ($p<0,05$)

5.3.2 Öröklődhetőségek és tartós környezeti hatás

Életkor az első inszeminálászkor

Az öröklődhetőségek és a tartós környezeti hatások értékeit a 11. táblázatban mutatom be. Az első inszeminálászkori életkor öröklődhetősége mérsékelt volt, és nagy különbségek mutatkoztak a fajtatiszta és a keresztezett állatok között (0,28 és 0,26 vs. 0,40 és 0,41). A szakirodalomban nem találtam külön adatokat a fajtatiszta és a keresztezett genotípusokra, azonban HANENBERG és mtsai (2001) 0,31-as h^2-et becsültek holland lapály kocákra, ami összhangban áll az én eredményeimmel. HOLM és mtsai (2005) 0,31-es öröklődhetőséget becsültek norvég lapály sertéseken. KUMARI és RAO (2010) nagyfehér x

yorkshire keresztezett sertéseken végeztek vizsgálatokat, és alacsony, 0,16-os öröklődhetőséget kaptak. Ez az alacsony érték valószínűleg a kis adatbázisnak (255 sertés) köszönhető.

Vemhesség hossza

A vemhességi idő hosszára becsült öröklődhetőség mind a fajtatiszta, mind a keresztezett populációban mérsékelt volt (0,22-0,30). FARKAS és mtsai (2007) magyar nagyfehér és magyar lapály sertéseket vizsgálva nagyon hasonló eredményekre jutottak (sorrendben 0,26 és 0,18 a MNF és ML fajtára). NAKAVISUT és mtsai (2005) valamelyest alacsonyabb értékeket becsültek, h^2 = 0,12 a fajtatiszta és h^2 = 0,18 a keresztezett konstrukcióra. Előbbi szerzőkkel egybehangzóan KUMARI és RAO (2010) 0,18-as öröklődhetőséget kapott keresztezett kocákra. HANENBERG és mtsai (2001) fajtatiszta holland lapály kocákra 0,28-as értéket becsültek.
A tartós környezeti hatás mértéke elenyésző volt. FARKAS és mtsai (2007) hasonló mértékű tartós környezeti hatást (0,09) becsült mindkét fajtánál.

Élve született malacok száma

A vizsgált tulajdonságok közül ez volt az egyik leggyengébben öröklődő tulajdonság a 0,06-0,09 h^2 értékkel, miközben a jelentősége kiemelkedő. Az alacsony öröklődhetőség a környezeti hatások mértékére utal. Ebben a tulajdonságban találtam a legtöbb összehasonlítást a fajtatiszta és a keresztezett állományok között, és már szerzők is hasonló eredményre jutottak. FARKAS és mtsai (2007) ugyanezeket a fajtákat vizsgálva a mind a magyar nagyfehér, mind a lapály sertésre 0,07-es

öröklődhetőséget becsültek összhangban az én eredményeimmel. FISHER és mtsai (1999) nagyfehér sertésben és a vele rokon nagyfehér x lapály konstrukcióban 0,098-0,015 és 0,033-0,133 öröklődhetőséget becsült ismételhetőségi modell alkalmazásával. TÄUBERT és BRANDT (2000) szintén a nagyfehér és a lapály sertéseket és azok keresztezett populációját tanulmányozta, és az eredményeik nagyon közel állnak az általam bemutatott adatokhoz. EHLERS és mtsai (2005) h^2 = 0,15-öt becsült mind a fajtatiszta, mind a keresztezett kocákra, míg NAKAVISUT és mtsai (2005) fajtatiszta kocákra 0,1-et, keresztezettekre pedig 0,05-öt kapott. A legalacsonyabb értéket (0,02) BOESCH és mtsai (2000) kapták a nagyfehér és lapály keresztezett kocákra.

A tartós környezeti hatás mértéke ebben a tulajdonságban is alacsony volt minden fajtánál (0,06). Az eredményeim összhangban állnak a szakirodalomban talált eredményekkel. FISCHER és mtsai (1999) tartós környezeti hatás értékei fajtatiszta sertésekre 0,032, 0,042, keresztezett sertésekre pedig 0,099, 0,100 két különböző modellt alkalmazva.

Két fialás közti idő

A két fialás közti időre mindegyik fajtában kis öröklődhetőséget kaptam. Az elérhető szakirodalomban nem találtam olyan információt, ami lehetővé tette volna a fajtatiszta és a keresztezett sertések összehasonlítását. Csak a fajtatiszta teljesítményt vizsgálták THOLEN és mtsai (1996), akik az első két fialásra 0,1-es h^2-et kaptak. KUMARI és RAO (2010) a keresztezett teljesítményt vizsgálta, és ugyanerre az eredményre jutott. SERENIUS és mtsai (2003) ismételhetőségi modell alkalmazásával vizsgálta a két fialás közt eltelt időt, és mind a nagyfehér, mind a lapály sertésekre 0,04-es öröklődhetőséget becsültek. OH és mtsai (2006) eredménye, akik a duroc, a lapály és a yorkshire sertések

teljesítményét vizsgálták Dél-Koreában, hasonló értéket becsültek, a tulajdonság öröklődhetősége 0,07 volt.

A tartós környezeti hatás mértéke a vizsgálatomban nulla volt. BOESCH és mtsai (2000) magasabb értékeket becsültek, fajtatiszta sertésekre pe = 0,08 és 0,11, míg keresztezett kocákra pe = 0,04 és 0,05. SERENIUS és mtsai (2003) nagyfehér és lapály sertésekre sorrendben 0,04 és 0,05-ös értékeket kaptak. NETO és mtsai (2009) dalland kocákon 0,05-0,07-es értékeket becsültek.

11. táblázat. A vizsgált tulajdonságok öröklődhetősége és a tartós környezeti hatások (zárójelben a standard hiba)

	Tulajdonság	Öröklődhetőség	PE [7]
MNF[1]	ÉEI[3](nap)	0,28 (0,001)	-
ML[2]	ÉEI(nap)	0,26 (0,002)	-
MNFxML;	ÉEI(nap)	0,40 (0,001)	-
MLxMNF		0,41 (0,001)	-
MNF	VH[4](nap)	0,30 (0,006)	0,06 (0,004)
ML	VH(nap)	0,22 (0,009)	0,04 (0,007)
MNFxML;	VH(nap)	0,25 (0,008)	0,07 (0,006)
MLxMNF		0,25 (0,008)	0,07 (0,006)
MNF	ÉMSZ[5]	0,09 (0,004)	0,06 (0,003)
ML	ÉMSZ	0,06 (0,005)	0,06 (0,005)
MNFxML;	ÉMSZ	0,07 (0,004)	0,06 (0,004)
MLxMNF		0,06 (0,004)	0,06 (0,004)
MNF	KI [6](nap)	0,06 (0,003)	0,00 (<0,001)
ML	KI (nap)	0,06 (0,006)	0,00 (0,002)
MNFxML;	KI (nap)	0,06 (0,004)	0,00 (0,003)
MLxMNF		0,06 (0,003)	0,00 ((<0,001)

[1] magyar nagyfehér, [2] magyar lapály [3] életkor első inszeminálásakor, [4] vemhesség hossza, [5] élve született malacok száma, [6]két fialás közt eltelt idő, [7] tartós környezeti hatás

5.3.3 Genetikai korrelációk

A célkitűzésre alapozva, vagyis hogy a keresztezett információt célszerű lenne felhasználni a keresztezésre szánt fajtatiszta állatok szelekciójában, az alternatív hipotézis az volt, hogy a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti genetikai korreláció minden tulajdonságban eltér 1-től. Több szerző kutatása alapján (BAUMUNG és mtsai., 1997; LUTAAYA és mtsai 2001; WEI M. és van der WERF J. H. J., 1994) számos oka lehet a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti gyenge genetikai korrelációnak. Egyik magyarázat lehet a fajtatiszta populációkban a tulajdonság kialakításáért felelős allélok eltérő gyakorisága. A genetikai korreláció akkor is alacsonyabb, ha a tulajdonságot nem additív hatások (dominancia és episztázis) befolyásolják. A genetikai okokon túl a fajtatiszta és a keresztezett sertéseket érintő eltérő menedzsment is befolyásolhatja a genetikai korrelációt a genotípus x környezet interakciónak köszönhetően. Utóbbi jelen esetben kizárható, mivel a fajtatiszta és a keresztezett sertéseket részben azonos telepen tartották.

12. táblázat. Genetikai korrelációk a fajtatiszta és a keresztezett tulajdonságok között (zárójelben a standard hiba)

	ÉEI[3]	VH[4]	ÉMSZ[5]	KI [6]
MNF[1]-MNFxML[2]	0,28 (0,06)	0,96 (0,02)	0,82 (0,05)	0,65 (0,07)
ML-MNFxML	0,39 (0,10)	0,82 (0,08)	0,93 (0,09)	0,33 (0,14)

[1] magyar nagyfehér, [2] magyar lapály [3] életkor első inszeminálászkor, [4] vemhesség hossza, [5] élve született malacok száma, [6]két fialás közt eltelt idő

Életkor az első inszeminálászkor

A genetikai korrelációkra becsült értékek a 12. táblázatban láthatók. Mindkét adatállományban alacsony korrelációt becsültem a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény között (0,28 és 0,39). A NÉBIH szerint nincs lényeges különbség a fajtatiszta és a keresztezett állatok tartási körülményei között, ha külön telepen nevelték őket. Az 1-től eltérő genetikai korreláció tehát inkább genetikai okokkal magyarázható. A szakirodalomban nem találtam erre vonatkozó adatokat. Az alacsony korreláció indokolná a keresztezett tenyészérték figyelembevételét a szelekció során.

Vemhességi idő hossza

Erre a tulajdonságra magas korrelációkat becsültem, r = 0,96 és 0,82, ami lényegesen magasabb NAKAVISUT és mtsai (2005) értékénél (0,52), akik a mérsékelt összefüggést a fajták közötti genetikai interakcióval vagy dominanciahatással magyarázták. Vizsgálatomban a keresztezett tenyészérték nem jelent plusz információt a következő generáció várható teljesítményéhez.

Élve született malacok száma

A fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény között jelentős összefüggést találtam. A korreláció mértéke 0,82 és 0,93 volt, ami összhangban áll TÄUBERT és BRANDT (2000) eredményével (r = 0,81-0,99), aki nagyfehér, lapály és a keresztezett konstrukció első három fialási teljesítményét vizsgálták. BOESCH és mtsai (2000) közepes-magas korrelációkat becsültek (r = 0,49-0,81). FISHER és mtsai (1999) szintén

közepes erősségű összefüggést kaptak (r = 0,52-0,71), ahol az alacsonyabb értéket tartós környezeti hatás figyelembevétele nélkül becsülték. NGUYEN és NGUYEN (2011) is (r = 0,47 és 0,59) szintén közepes összefüggést talált. A legalacsonyabb értéket NAKAVISUT és mtsai (2005) becsülték (r = 0,37).

Két fialás közt eltelt idő

A MNF – MNF x ML adatbázisból kétszer akkora (0,65) korrelációt becsültem, mint a ML – MNF x ML adatbázisból (r = 0,33). LUTAAYA és mtsai (2001) hízékonysági tulajdonságokon tanulmányozta a keresztezett modellt, és szintén magasabb korrelációt becsültek az egyik fajtatiszta vonal és a keresztezett sertések között, amit vonal komplementaritással magyaráztak. Vizsgálatomban ez azt jelentené, hogy a MNF nagyobb mértékben járul hozzá a két fialás közt eltelt idő alakulásához, mint a ML. Ebben a tulajdonságban nem találtam releváns szakirodalmi hivatkozást az eredményem összehasonlításához.

5.4 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hízékonysági tulajdonságokra apai sertésfajtákban

5.4.1 Leíró statisztika

Az apai fajták és keresztezett rokonaik leíró statisztikája az 13. táblázatban látható. A színhús százalék tulajdonságban szignifikáns ($p<0,001$) különbségeket találtam az összes genotípus között, míg az átlagos napi tömeggyarapodás tekintetében nem volt kimutatható különbség a duroc és a hampshire fajta között. A pietrain sertésnél tapasztaltam a legmagasabb színhús százalékot a szakirodalommal összhangban (YOUSSAO és mtsai, 2002.; KLIMAS és KLIMIENÉ, 2009;

GEYSEN és mtsai, 2000). Ezzel szemben a pietrain sertések átlagos napi tömeggyarapodása alacsonyabb volt, mint a hampshire és a duroc sertéseké. Hasonló eredményeket közöltek JASEK és mtsai (2006), noha ők nagyobb különbséget mutattak ki a hampshire és a duroc között utóbbi fajta javára. WOLF és mtsai (2006) viszont a hampshire fajtában alacsonyabb átlagos napi tömeggyarapodást számítottak a pietrain sertéshez képest.

13. táblázat. Az apai fajták leíró statisztikája

Tulajdonság	Fajta/fajtakonstrukció (n)	Min.	Max.	Átlag	Szórás
	Pi[1]				
Színhús (%)	(5717)	52,7	68	61,7a	2,1
Átl. napi tömeggyarapodás (g)		283	774	526,6d	60,5
	Du[2]				
Színhús (%)	(4868)	50,0	66	58,2e	1,9
Átl. napi tömeggyarapodás (g)		318	756	557,0c	56,6
	Pi x Du				
Színhús (%)	(4728)	52,5	66	59,7c	2,0
Átl. napi tömeggyarapodás (g)		317	764	566,0b	67,9
	Ha[3]				
Színhús (%)	(1157)	54,0	65	59,5d	1,8
Átl. napi tömeggyarapodás (g)		361	809	560,1c	80,6
	Pi x Ha				
Színhús (%)	(8210)	54,0	65	60,9b	1,4
Átl. napi tömeggyarapodás (g)		346	846	576,3a	65,7

Tulajdonságonként tekintve a különböző betűkkel jelölt átlagok szignifikánsan eltérőek ($p<0,05$)
[1] pietrain, [2] duroc, [3] hampshire

5.4.2 Genetikai trendek

Az átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék tulajdonságokban a tenyészértékek genetikai trendjeit az apai sertésfajtákban a 14. táblázat mutatja be. A genetikai előrehaladás az átlagos napi tömeggyarapodásra éves szinten 0,10 g/nap és 1,96 g/nap között változott, színhúsra a trend -0,007-0,021 %. A becsléseim

kedvezőtlenek, ám itt meg kell jegyezni, hogy a BLUP módszerre alapozott szelekciót (fajtatiszta tenyészértékre alapozva) csak 2008 óta használják, így várható, hogy a jövőben a genetikai trendek is javulni fognak.

Ha az eredményeimet a szakirodalmi adatokkal összehasonlítom, látható, hogy az átlagos napi tömeggyarapodásra kapott trendjeim egy része ezekhez képest alacsonyabb (Du, Ha, Pi x Ha és a Pi x Ha genotípusokban a keresztezett tenyészértéket tekintve). TIXIER és SELLIER (1986) 1-4,7 g/nap trendekről számol be, sőt HOFER és mtsai (1992) és da COSTA és mtsai (2001) lényegesen kedvezőbb javulásokat figyeltek meg, sorrendben évi 6,5 g/nap és 2,75 g/nap értékeket kaptak. De ALMEIDA TORRES FILHO és mtsai (2005) lassú fejlődést mutattak ki, 0,28 és 0,53 g/nap értékekkel.

A színhús százalék tekintetében azt tapasztaltam, hogy az éves előrehaladás minden genotípusban nagyon alacsony volt. Érdemes megemlíteni, hogy ez a tulajdonság igen alacsony additív genetikai szórást mutatott, ami megmagyarázza a csekély javulást. Tehát a vizsgált tulajdonságok genetikai trendjeit csak úgy érdemes összehasonlítani, ha additív genetikai szórásegységekben (%) fejezzük ki. Ha ezt alkalmazzuk, akkor az átlagos napi tömeggyarapodásra az apai fajtákban 0,5-6,1 %-ot kaptam. A színhús százalék esetében a trend az apai fajtákban 1,07-3,20 %. Jól látható, hogy az átlagos napi tömeggyarapodás éves javulása jelentősebb a színhús százaléknál, de a fölénye valamelyest csökken, ha szórásegységekben fejezzük ki a mértékét. Ezt az egységet használva HABIER és mtsai (2009b) a bajor pietrain populációban 1985 és 2003 között átlagos napi tömeggyarapodásra 4%-os, míg színhús százalékra meglepően magas, 12 %-os javulást mutattak ki.

A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékre alapozott genetikai trendeket összehasonlítva nem találtam szignifikáns különbségeket.

14. táblázat. A fajtatiszta és keresztezett tenyészértékek genetikai trendje az átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék tulajdonságokban, az apai sertésfajtákban, 1997-2010. (zárójelben a standard hiba)

	Átl. napi tömeggy.		Színhús százalék	
	Fajtatiszta TÉ[1]	Keresztezett TÉ	Fajtatiszta TÉ	Keresztezett TÉ
Pi[2]	1,62a (0,11) *	1,96a (0,15) *	0,001 (0,003)	0,005 (0,002)
Pi	1,38a (0,12) *	1,41a (0,13) *	-0,003 (0,004)	-0,001 (0,002)
Du[3]	0,88a (0,11) *	0,93a (0,11) *	0,001 (0,003)	0,002 (0,002)
Ha[4]	0,18 (0,42)	0,10 (0,56)	-0,007 (0,005)	0,021 (0,007) *
Pi x Ha		0,74 (0,38)		-0,003 (0,003)
		1,05 (0,39) *		-0,003 (0,004)
Pi x Du		0,79 (0,19) *		0,008 (0,004)
		1,06 (0,17) *		0,008 (0,004)

[1] tenyészérték, [2] pietrain, [3] duroc, [4] hampshire
*p<0,05
A különböző betűkkel jelölt átlagok szignifikánsan eltérőek (p<0,05) fajtánként és tulajdonságonként

5.4.3 Tenyészérték stabilitás

A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékekre alapozott rangsorolásban a közös egyedek arányát az apai fajtákban a hampshire kanok kivételével magasnak találtam, melyeknél a színhús százalék tenyészérték stabilitása meglepően alacsonynak mutatkozott (15. táblázat). Legjobb tudomásom szerint nem áll rendelkezésre hasonló módszerrel kapott adat az eredményeim összehasonlításához. Mc LAREN és mtsai (1985) rangkorrelációt számítottak a napi tömeggyarapodás tulajdonságra, és 0,59-es értéket kaptak. IBANEZ-ESCRICHE és mtsai (2011)

ugyancsak rangkorreláció számítással vizsgálták a tenyészértékek stabilitását lapály, duroc és pietrain sertéseknél, és a pietrain sertésnél tapasztaltak kedvezőtlenebb stabilitást, noha az ivarokat nem különböztették meg.

15. táblázat. A legjobb száz kan és a legjobb ezer koca közös képviselőinek aránya az apai fajtákban mint a tenyészérték stabilitás mutatója, 1997-2010 (%)

Pi[1] (Pi-PixHa)				Pi (Pi-PixDu)				Du[2]				Ha[3]			
Átl. napi tömeggy.		Színhús százalék		Átl. napi tömeggy.		Színhús százalék		Átl. napi tömeggy.		Színhús százalék		Átl. napi tömeggy.		Színhús százalék	
1000				1000				1000				1000			
♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
83	88	69	83	93	97	81	88	85	93	68	91	78	82	5	82

[1] pietrain, [2] duroc, [3] hampshire

Összehasonlítva a rangsorolt sertések keresztezett tenyészértékeinek különbségét, az apai fajtáknál nem mutatható ki lényeges különbség (16. táblázat). A keresztezett tenyészérték tehát nem nyújt több információt. Megjegyzendő, hogy az apai fajták adatállománya kicsi volt, ami magyarázattal szolgálhat az eredményeimre. A színhús százalékban minimális különbségeket tapasztaltam az összes fajtában, ami valószínűleg a tulajdonság kis változékonyságának köszönhető.

16. táblázat. A legjobb 100 kan és 1000 koca átlagos keresztezett tenyészértékeinek különbsége az apai fajtákban a vizsgált tulajdonságokban, 1997-2010

	Pi[1] (Pi-PixHa)				Pi (Pi-PixDu)				Du[2]				Ha[3]			
	Átl. napi tömeggy. g/nap		Színhús %		Átl. napi tömeggy. g/nap		Színhús %		Átl. napi tömeggy. g/nap		Színhús %		Átl. napi tömeggy. g/nap		Színhús %	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
1997	0,00	0,00	0,03	0,03	0,00	0,04	0,01	0,00	0,00	0,11	0,02	0,11	-	0,00	-	0,00
1998	0,00	3,21	0,00	0,17	0,00	0,00	0,01	0,01	0,00	0,04	0,07	0,01	0,00	5,05	0,36	0,52
1999	0,00	0,28	0,12	0,07	0,00	0,10	0,03	0,03	0,00	0,41	0,00	0,04	0,00	0,81	0,33	0,48
2000	0,00	1,25	0,03	0,01	0,00	0,38	0,06	0,02	0,00	0,01	0,02	0,05	0,00	3,43	0,77	1,09
2001	0,00	1,34	0,04	0,03	0,00	0,34	0,00	0,01	0,00	0,51	0,04	0,04	0,00	5,66	0,48	0,64
2002	0,00	4,21	0,01	0,01	0,00	0,55	0,01	0,01	0,00	0,38	0,00	0,01	0,00	1,84	0,22	0,64
2003	0,00	0,78	0,05	0,02	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00	0,25	0,05	0,02	0,00	3,71	0,24	0,39
2004	0,00	0,4	0,05	0,04	0,00	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00	0,03	0,03	0,00	0,36	0,26	0,41
2005	0,00	1,6	0,04	0,10	0,00	0,48	0,03	0,03	0,00	0,15	0,04	0,02	0,00	3,32	0,19	0,54
2006	0,00	6,53	0,09	0,11	0,00	0,34	0,02	0,02	0,00	1,06	0,03	0,01	0,00	2,78	0,24	0,34
2007	0,00	0,37	0,05	0,05	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,20	0,01	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00
2008	0,00	0,23	0,04	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,41	0,01	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00
2009	0,00	1,23	0,07	0,03	0,00	0,00	0,02	0,07	0,00	0,00	0,05	0,02	0,00	0,79	0,10	0,31
2010	0,00	0,00	0,03	0,03	0,00	0,00	0,02	0,02	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

[1] pietrain, [2] duroc, [3] hampshire

5.5 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése hízékonysági tulajdonságokra anyai sertésfajtákban

5.5.1 Leíró statisztika

A 17. táblázatban a magyar nagyfehér, a magyar lapály és a keresztezett konstrukciók leíró statisztikája látható. Az átlagok tekintetében mindegyik fajta hasonló volt, ám a statisztikai analízis szignifikáns ($p<0,001$) különbséget igazolt mindkét tulajdonságban mindegyik genotípus között. Az átlagos napi tömeggyarapodásra nagy szórás értékeket kaptam, ami a telepek nagy számával (MNF: 120, ML: 64, MNF x ML: 130) és a különböző tartási körülményekkel magyarázható.

17. táblázat. Az anyai fajták leíró statisztikája

Tulajdonság	Fajta/fajtakonstrukció (n)	Min.	Max.	Átlag	Szórás
Színhús (%)	MNF[1]	50,0	67,5	57,3 b	1,9
Átl. napi tömeggy.(g)	(232755)	303	892	535,1 c	62,2
Színhús (%)	ML[2]	46,5	66,7	58,0 a	2,2
Átl. napi tömeggy.(g)	(100321)	303	894	556,5 a	64,8
Színhús (%)	MNF x ML	50,0	67,0	56,9 c	1,8
Átl. napi tömeggy.(g)	(223899)	301	894	542,3 b	62,8

Tulajdonságonként tekintve a különböző betűkkel jelölt átlagok szignifikánsan eltérőek ($p<0,05$)
[1] magyar nagyfehér, [2] magyar lapály

5.5.2 Genetikai trendek

Az átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék tulajdonságokban a tenyészértékek genetikai trendjeit az anyai sertésfajtákban a 18. táblázat mutatja be. A genetikai előrehaladás az átlagos napi tömeggyarapodásra évente 1,50 g/nap és 2,51 g/nap között változott. Szórásegységben kifejezve ez 5,8-9,7 %-os javulást jelent, ami az apai fajták eredményeihez viszonyítva kedvező. Ezzel szemben da COSTA és mtsai (2001) ennél lényegesen magasabb értéket kaptak a nagyfehér (14,11 g/nap) és a lapály (9,81 g/nap) sertésre. Ugyancsak kedvezőbb HOFER és mtsai (1992) eredménye, akik lapály sertések 12 évet átfogó adataiból 10,3 g/nap javulást mutattak ki. TRIBOUT és mtsai (2010) két sertésgeneráción és különböző időtartamokra végzett elemzést követően szignifikáns trendeket csak a hizlalás későbbi szakaszában, a 18-22. hétig figyeltek meg (116 g/nap). KASPRZYK (2007a) lengyel lapályban azonban igen csekély, 0,39 g/nap, míg a PL-23 vonalban 0,08 g/nap javulásról számolt be. Hasonlóan lassú javulást mutattak ki CSATÓ és mtsai (1994) 0,93 g/nap. A szakirodalomban található további trendek jól összeegyeztethetők a saját eredményeimmel. TIXIER és SELLIER (1986) különböző modelleket felhasználva becsült genetikai trendet nagyfehér és francia lapály sertésekre. Az így kapott eredményeik: 2,9 g/nap a nagyfehér illetve 1,0 g/nap a lapály sertésre a kanok teljesítményvizsgálatából, és 4,7 g/nap a nagyfehér, illetve 3,2 g/nap a francia lapály sertésnél az ivadékvizsgálatból. WOLF és mtsai (1998) 1992 és 1996 között értékelték lapály és nagyfehér sertések napi tömeggyarapodásának trendjét életnapra és a hizlalás időtartamára vonatkoztatva, így 2,95 illetve 9,29 g/nap és 1,42 illetve 5,54 g/nap éves növekedést kaptak.

A színhús százalék tekintetében azt tapasztaltam, hogy az éves előrehaladás minden genotípusban nagyon alacsony volt. Ha az apai fajtákhoz hasonlóan additív genetikai szórásegységekben (%) fejezzük ki, 0,88-3,58 %-ot kaptam. RADNÓCZI és mtsai (2009) statisztikailag igazolható genetikai javulást mutattak ki a magyar nagyfehér, a magyar lapály és a keresztezett konstrukció teljesítményéből 2004 és 2009 között, bár a javulás esetükben is csekély volt (0,03 %), hasonlóan az eredményeimhez. Meg kell jegyezni azonban, hogy a vizsgálataikat megelőző időszakban a színhús százalék jelentős mértékben nőtt, ami magyarázatul szolgálna a vizsgálati időszak alatt tapasztalt alacsonyabb genetikai trendre. TIXIER és SELLIER (1986) nagyfehér és francia lapály sertésekben 0,15 és 0,42 %-os javulásról számol be. WOLF és mtsai (1998) hasonló eredményeket kaptak lapály és nagyfehér sertésekre (0,29 illetve 0,39 %), és TRIBOUT és mtsai (2010) is 0,41 %-os éves trendet igazoltak.

A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékre alapozott genetikai trendeket összehasonlítva a magyar nagyfehér fajtában az átlagos napi tömeggyarapodásra találtam szignifikáns különbséget (18. táblázat).

18. táblázat. A fajtatiszta és keresztezett tenyészértékek genetikai trendje az átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék tulajdonságokban, az anyai sertésfajtákban, 1997-2010. (zárójelben a standard hiba)

	Átl. napi tömeggy.		Színhús százalék	
Fajta/fajta-konstrukció	Fajtatiszta TÉ[1]	Keresztezett TÉ	Fajtatiszta TÉ	Keresztezett TÉ
MNF[2]	2,51a (0,20) *	1,50b (0,07) *	0,017 (0,006) *	0,007 (0,004)
ML[3]	1,84a (0,23) *	1,75a (0,11) *	0,010 (0,007)	0,010 (0,002) *
MNF x ML		2,18 (0,13) *		0,028 (0,006) *
		2,07 (0,11) *		0,033 (0,006) *

[1] tenyészérték, [2] magyar nagyfehér, [3] magyar lapály
* $p<0,05$
A különböző betűkkel jelölt átlagok szignifikánsan eltérőek ($p<0,05$) genotípusonként és tulajdonságonként

5.5.3 Tenyészérték stabilitás

A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékekre alapozott rangsorolásban a közös egyedek aránya alacsony és rendszertelen volt a nagyfehér és a lapály fajtában (19. táblázat), ami összhangban a genetikai korrelációkkal arra enged következtetni, hogy a fajtatiszta és a keresztezett tulajdonság genetikailag két eltérő tulajdonságnak tekintendő. Legjobb tudomásom szerint nem áll rendelkezésre hasonló módszerrel kapott adat az eredményeim összehasonlításához.

19. táblázat. A legjobb száz kan és a legjobb ezer koca közös képviselőinek aránya az anyai fajtákban a különböző években mint a tenyészérték stabilitás mutatója (%), 1997-2010

	MNF[1]				ML[2]			
	Átl. napi tömeggy.		Színhús százalék		Átl. napi tömeggy.		Színhús százalék	
év	100♂	1000♀	100♂	1000♀	100♂	1000♀	100♂	1000♀
1997	71	90	64	94	39	90	54	90
1998	48	46	31	56	17	40	24	40
1999	35	45	44	60	41	37	30	25
2000	50	47	52	55	39	42	49	33
2001	41	43	41	52	27	41	46	45
2002	42	37	60	50	25	50	36	63
2003	45	43	58	56	33	50	27	58
2004	39	32	55	53	43	44	40	62
2005	27	35	63	41	45	40	45	50
2006	28	22	59	61	40	37	40	41
2007	46	33	54	58	37	58	43	54
2008	44	33	59	39	43	65	30	58
2009	32	31	65	46	36	52	55	72
2010	49	51	88	82	74	76	85	81

[1] magyar nagyfehér, [2] magyar lapály

Ha összehasonlítjuk a rangsorolt sertések keresztezett tenyészértékeinek különbségét, megállapítható, hogy az átlagos napi tömeggyarapodás esetén lényeges különbséget találunk mindkét anyai fajtában (20. táblázat). A keresztezett tenyészérték tehát több információt tartalmaz, mint a fajtatiszta tenyészérték az anyai fajtákban, amit még ki lehetne használni. A színhús százalékban elenyésző különbségeket tapasztaltam mindegyik fajtában, ami vélhetően a tulajdonság kis változékonyságának köszönhető.

20. táblázat. A legjobb 100 kan és 1000 koca átlagos keresztezett tenyészértékeinek különbsége a vizsgált tulajdonságokban, az anyai fajtákban, 1997-2010

	MNF[1]				ML[2]			
	Átl. napi tömeggy. g/nap		Színhús %		Átl. napi tömeggy. g/nap		Színhús %	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
1997	2,25	1,32	0,13	0,02	7,24	0,00	0,26	0,00
1998	6,18	5,31	0,34	0,14	13,49	7,58	0,36	0,29
1999	9,25	5,87	0,26	0,15	6,86	8,15	0,40	0,53
2000	6,17	6,96	0,21	0,19	11,80	7,94	0,36	0,56
2001	7,33	7,45	0,32	0,18	14,07	8,97	0,38	0,45
2002	6,84	7,10	0,14	0,15	15,42	7,43	0,34	0,25
2003	6,61	6,81	0,12	0,13	12,45	6,51	0,38	0,16
2004	9,83	9,73	0,14	0,18	11,21	7,75	0,37	0,11
2005	11,88	10,26	0,11	0,31	10,19	7,12	0,34	0,20
2006	16,10	13,10	0,15	0,15	12,20	7,67	0,26	0,24
2007	12,44	10,51	0,16	0,16	12,00	6,86	0,29	0,25
2008	9,59	8,95	0,13	0,27	12,10	6,67	0,48	0,22
2009	13,31	12,63	0,12	0,26	10,02	6,60	0,22	0,10
2010	9,51	7,89	0,02	0,05	3,37	3,68	0,05	0,09

[1] magyar nagyfehér, [2] magyar lapály

5.6 Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra

5.6.1. Leíró statisztika

A leíró statisztikát a 21. táblázatban mutatom be. A legnagyobb változékonyságot az élve született malacszámra kaptam. Az első inszeminálás életkorához és a két fialás közt eltelt időhöz alsó és felső korlátot állítottam be, így a minimum és a maximum értékek minden fajtában egyformák. A vizsgált tulajdonságok átlagát tekintve mindhárom

genotípus közel áll egymáshoz, kivéve az első inszeminálás korában, ahol szignifikáns különbséget találtam a fajtatiszta lapály sertés javára.

21. táblázat. A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikája

	Tulajdonság	Min.	Max.	Átlag	Szórás	CV%
MNF[1]	ÉEI[3](nap)	154,0	450,0	278,8a	45,7	16,4
MNF	ÉMSZ[4] (egyed)	1	25	10,3	2,6	25,2
MNF	KI[5] (nap)	140,0	289,0	166,2	26,5	15,9
ML[2]	ÉEI (nap)	155,0	450,0	254,1c	42,9	16,9
ML	ÉMSZ (egyed)	1	22	10,5	2,6	24,8
ML	KI (nap)	140,0	289,0	161,0	23,8	14,8
F_1	ÉEI (nap)	153,0	450,0	267,5b	43,7	16,3
F_1	ÉMSZ (egyed)	1	24	10,4	2,4	23,1
F_1	KI (nap)	140,0	289,0	162,1	23,9	14,7

[1] magyar nagyfehér, [2] magyar lapály, [3] életkor az első inszemináláskor; [4] élve született malacok száma; [5] két fialás közt eltelt idő
A különböző betűkkel jelölt átlagok szignifikánsan ($p<0,05$) eltérnek egymástól

5.6.2 Genetikai trendek

A becsült genetikai trendeket a 22. táblázatban mutatom be. Az első inszeminálás életkora tulajdonságban szignifikáns és kedvező trendeket állapítottam meg mind a fajtatiszta, mind a keresztezett konstrukciókban (-1,57 – -4,3 nap/év). Eredményeimmel ellentétben IMBOONTA és mtsai (2007) 0,23 nap/év visszaesést becsült thai lapály sertéseken. További elérhető adatokat nem találtam a szakirodalomban, ezért ezen a területen még további vizsgálatok szükségesek. A fialásonként élve született malacok számának éves növekedése lassú volt, 0,01 és 0,03 között változott. Más szerzők is hasonló eredményre jutottak. KAPLON és mtsai (1991) lengyel nagyfehér sertéseken végeztek kutatásokat, és csekély, 0,01 malac/év javulást figyeltek meg. FERRAZ és

JOHNSON (1993), CHEN és mtsai (2003) és CHANSOMBOON és mtsai (2010) hasonló trendet figyeltek meg. Ellentétes irányú folyamatokról is található beszámoló az irodalomban. ZHANG és mtsai (2000b) keresztezett sertésállományban -0,02 malac/év romlást figyeltek meg, míg KASPRZYK (2007b) lengyel lapály kocáknál -0,05 malac/év csökkenésről ír. A két fialás közt eltelt idő genetikai trendje a vizsgálatomban kedvezően alakult mindegyik fajtánál (-0,36 - -1,01 nap/év). Más szerzők a választástól a termékenyítésig eltelt időt vizsgálták, így nem állt módomban összehasonlítani az eredményeimet. A fajtatiszta és a keresztezett genetikai trendek között csak a nagyfehér fajtában találtam különbséget mindhárom tulajdonságban.

22. táblázat. A fajtatiszta és keresztezett tenyészértékek genetikai trendje a szaporasági tulajdonságokban, 2001-2010. (zárójelben a standard hiba)

	ÉEI[5] (nap/év)		ÉMSZ (egyed/fialás/év)[6]		KI[7] (nap/év)	
	fTÉ [3]	kTÉ [4]	fTÉ	kTÉ	fTÉ	kTÉ
MNF[1]	-2,61 (0,24) a	-1,64 (0,12) b	0,03 (0,005) a	0,02 (0,003) b	-0,84 (0,05) a	-0,63 (0,04) b
ML[2]	-1,59 (0,45) a	-1,57 (0,39) a	0,01 (0,003) a	0,02 (0,003) a	-0,38 (0,02) a	-0,36 (0,06) a
MNF x ML		-4,30 (0,42) -4,20 (0,43)		0,01 (0,002) 0,01 (0,002)		-1,01 (0,08) -0,92 (0,09)

[1] magyar nagyfehér, [2] magyar lapály, [3] fajtatiszta tenyészérték, [4] keresztezett tenyészérték, [5] életkor az első inszeminálásakor, [6] élve született malacok száma, [7] két fialás közt eltelt idő

A különböző betűvel jelölt trendek szignifikánsak különböznek egymástól fajtánként és tulajdonságonként ($p<0,05$)

5.6.3 Tenyészérték stabilitás

A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékre alapozott koca rangsorban a legjobb egyedek között a közös állatok száma (23. táblázat) közepes és rendszertelen volt a nagyfehér fajtában az első inszeminálászkori életkorra, míg a lapály fajtában közepes-magas volt. Az élve született malacok száma tulajdonságban mindegyik fajtában nagy stabilitást tapasztaltam. A két fialás közti idő tekintetében a közös egyedek száma a nagyfehér fajtában valamelyest magasabb volt. A magyar lapály adatállományában a 2010-es évben a kocalétszám nem érte el az ezret, így a közös egyedek száma nyilvánvalóan 100 %. Legjobb tudomásom szerint nincs ehhez hasonló, elérhető szakirodalom az eredményeim összehasonlításához. Ha a közös egyedek száma közepes vagy alacsony, az azt jelenti, hogy lényeges különbség van az adott állat fajtatiszta és a keresztezett teljesítménye között.

23. táblázat. A legjobb ezer koca közös képviselőinek száma az anyai fajtákban a különböző években mint a tenyészérték stabilitás mutatója (%), 2001-2010

	ÉEI[3](nap)		ÉMSZ[4](egyed)		KI[5](egyed)	
	MNF[1]	ML[2]	MNF	ML	MNF	ML
2001	64	92	93	99	78	62
2002	44	76	91	99	74	45
2003	48	76	91	99	70	52
2004	46	70	89	97	70	66
2005	52	66	93	98	69	55
2006	48	70	90	98	74	53
2007	54	86	94	99	83	42
2008	50	87	95	98	85	41
2009	57	90	96	99	86	48
2010	89	100*	99	100*	94	100*

[1]magyar nagyfehér, [2]magyar lapály, [3]életkor az első inszeminálászkor, [4]élve született malacok száma, [5] két fialás közt eltelt idő
* A kocák összlétszáma nem érte el az 1000-et.

Ezt a különbséget jól szemlélteti, ha a fajtatiszta, majd a keresztezett tenyészérték alapján rangsorolt állatok átlagos keresztezett tenyészértékei közti különbséget kiszámítjuk (24. táblázat). Az értékek az előző táblázat eredményeit tükrözik és megerősítik. A legnagyobb és legjelentősebb különbséget az első inszeminálászkori életkor mutatta mindegyik fajtában (0,9-7,0 nap), míg a két fialás közti időre kapott különbség elenyésző. Az élve született malacszámra nem kaptam különbséget.

24. táblázat. Az 1000 koca átlagos keresztezett tenyészértékeinek különbsége a szaporasági tulajdonságokban, 2001-2010

	ÉEI[3] (nap)		ÉMSZ(egyed/fialás)[4]		KI (nap)[5]	
	MNF[1]	ML[2]	MNF	ML	MNF	ML
2001	3,6	0,9	0	0	0,2	0,6
2002	6,3	2,4	0	0	0,3	0,7
2003	6,0	3,0	0	0	0,5	1,0
2004	5,9	3,4	0	0	0,5	0,8
2005	6,0	4,7	0	0	0,4	1,3
2006	7,0	4,3	0	0	0,3	1,3
2007	5,9	2,1	0	0	0,2	1,3
2008	6,1	1,9	0	0	0,2	1,4
2009	4,6	1,5	0	0	0,1	1,4
2010	1,2	0*	0	0*	0,1	0*

[1]magyar nagyfehér, [2]magyar lapály, [3]életkor az első inszeminálászkor, [4]élve született malacok száma, [5] két fialás közt eltelt idő
* A kocák összlétszáma nem érte el az 1000-et.

6. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

Az eredmények alapján az alábbi következtetéseket vontam le.

1. A kapott genetikai paraméterek változékonysága felhívja a figyelmet arra, hogy a jelenleg alkalmazott modellel becsült tenyészértékek esetenként pontatlanok lehetnek.

2. Az átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék más-más jellegzetességeket mutatott. Az apai fajtákban a hízékonysági tulajdonságok genetikai korrelációi az alacsonytól a magasig változtak, és ezzel összhangban változott a tenyészérték stabilitás is. Ezek alapján érdemes lenne legalább a színhús % tulajdonságban figyelembe venni a keresztezett tenyészértéket a szelekció során. Az anyai fajták hízékonysági tulajdonságaiban az apai fajtákéhoz képest alacsonyabb genetikai korrelációk miatt mindenképpen célszerű lenne az általam alkalmazott modellt használni a tenyészértékbecsléshez.

3. A megfigyelt magyar sertéstelepeken a nem additív hatásoknak nagyobb jelentőségük van. A mérsékelt korrelációk miatt helyénvaló a többváltozós modell alkalmazása, amely a fajtatiszta és a keresztezett teljesítményt külön tulajdonságnak tekinti. Ezenkívül a fajtatiszta tenyészállatok keresztezésre történő szelekciója során figyelembe kellene venni a keresztezett tenyészértéket, hogy a termelésben érvényesüljön a plusz információ.

4. A szaporasági tulajdonságokban a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti genetikai korrelációk alapján elmondhatjuk, hogy az élve született malacszám tulajdonságban a keresztezett tenyészérték

használata nem feltétlenül szükséges, bár a keresztezett információ mindig javítja a tenyészcélt. Az első inszeminálás életkora és a két fialás közt eltelt idő tulajdonságokban alacsonyabb genetikai korrelációkat találtam. Ezek az értékek összhangban álltak a tenyészérték stabilitással, amiből arra következtethetünk, hogy a fajtatiszta tenyészérték kizárólagos használata a szelekció során torzíthatja a fajtatiszta állatok keresztezésben nyújtott képességéről alkotott előrejelzést, ezért szükségszerű a keresztezett tenyészérték figyelembevétele is.

5. A színhús százalék tulajdonságban becsült tenyészértékek igen lassú javulást mutattak, különösen az apai sertésfajtákban, mivel e tulajdonság variabilitása alacsony volt a vizsgált állományokban. Ezzel szemben az átlagos napi tömeggyarapodás tenyészértékei jelentősebb mértékben emelkedtek mind az apai, mind az anyai sertésfajtákban.

6. A szaporasági tulajdonságok közül az élve született malacszám az eredmények alapján nehezen javítható. Ezzel szemben az első termékenyítés életkora és a két fialás közt eltelt idő jelentős javulást mutatott a vizsgált időtartam alatt.

Összességében elmondható, hogy az általam alkalmazott modellel pontosabb genetikai paraméterek és tenyészértékek becsülhetők, és ezáltal gyorsabb genetikai előrehaladást érhetnénk el.

7. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

A szakirodalmi áttekintés és az eredményeim alapján a következő új tudományos eredményeket fogalmaztam meg.

1. Megbecsültem a genetikai korrelációkat a gazdaságilag jelentős apai és anyai sertésfajták fajtatiszta és keresztezett teljesítménye között átlagos napi tömeggyarapodás és színhús százalék tulajdonságokban. Apai fajtákban átlagos napi tömeggyarapodásra 0,56-0,96, színhús %-ra 0,48-0,65, anyai fajtákban átlagos napi tömeggyarapodásra 0,37 és 0,47, színhús %-ra 0,28 és 0,46 értékeket kaptam.

2. Megbecsültem a genetikai korrelációkat a gazdaságilag jelentős anyai sertésfajták fajtatiszta és keresztezett teljesítménye között az első inszeminálás életkora (0,28 és 0,39), az élve született malacok száma (0,82 és 0,93), a vemhesség hossza (0,82 és 0,96) és a két fialás közt eltelt idő tulajdonságokban (0,33 és 0,65).

3. Meghatároztam a fajtatiszta és keresztezett tenyészértékek genetikai trendjét a gazdaságilag jelentős apai és anyai sertésfajtákban átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék tulajdonságokban. Apai fajtatiszta trendek: 0,18-1,62 g/nap/év, keresztezett trendek: 0,10-1,96 g/nap/év. Színhús százalékra: -0,003-0,001 %/év ill. -0,003-0,008 %/év. Anyai fajtatiszta trendek átlagos napi tömeggyarapodásra 1,84-2,51 g/nap/év ill. 1,50-2,18 g/nap/év, színhús százalékra 0,10-0,017 %/év ill. 0,10-0,033 %/év.

4. Meghatároztam a fajtatiszta és keresztezett tenyészértékek genetikai trendjét a gazdaságilag jelentős anyai sertésfajtákban az első inszeminálás életkora (-1,59 és -2,61 nap/év ill. -1,57 és -4,30 nap/év), az élve született malacok száma (0,01 és 0,03 egyed/év ill. 0,01 és 0,02 egyed/év)) és a két fialás közt eltelt idő (-0,38 és -0,84 nap/év ill. -0,36 és -1,01 nap/év) tulajdonságokban.

5. Tenyészérték stabilitást becsültem a gazdaságilag jelentős apai és anyai sertésfajtákban átlagos napi tömeggyarapodás és színhús százalék tulajdonságokban. Apai fajtákban átlagos napi tömeggyarapodásra: 78-97 % ill. 0-6,53 g, színhús %-ra: 5-91 % ill. 0-1,09 %, míg az anyai fajtákban átlagos napi tömeggyarapodásra: 17-90 % ill. 0-16,10 g; színhús %-ra: 24-94 % ill. 0-0,56 % értékeket kaptam.

6. Tenyészérték stabilitást becsültem a gazdaságilag jelentős anyai sertésfajtákban az első inszeminálás életkora (44-92 % ill. 0,9-7,0), az élve született malacok száma (89-99 % ill. 0) és a két fialás közt eltelt idő (41-94 % ill. 0,1-1,4) tulajdonságokban.

8. ÖSSZEFOGLALÁS

A tenyészsertések szelekciója a teljesítményvizsgálatba vont tulajdonságok BLUP módszerre alapozott szelekciójával történik, mely széles körben alkalmazott eljárás az állattenyésztésben. A módszert alapvetően fajtatiszta sertésekre dolgozták ki, ezzel szemben a sertéstenyésztés vertikumában a nukleusz állománytól lefelé haladva megnő a keresztezett sertések aránya, ezért a tenyészcélt célszerű lenne a keresztezett egyedek tulajdonságára megfogalmazni. A sertés tenyészérték becslésben mostanáig is alkalmazott gyakorlat, hogy a NÉBIH külön kezeli az anyai (magyar nagyfehér, magyar lapály és a reciprok keresztezett sertések) és az apai (pietrain, duroc, hampshire és a pietrain sertések utóbbi két fajtával alkotott keresztezett egyedek) fajtákat, melyek fajtakódjai fix hatásként jelennek meg a BLUP modellben. Ez a módszer azonban azt feltételezi, hogy az együtt értékelt genotípusok tulajdonságainak genetikai paraméterei azonosak, ami nem feltétlenül igaz. A probléma lehetséges megoldása lenne, hogy a fajtatiszta és a keresztezett tulajdonságot külön tulajdonságnak tekintjük. A genetikai javulás a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti genetikai korrelációtól függ (BRANDT és TÄUBERT, 1998). Az összefüggés megállapítását a pedigrében található rokoni kapcsolatok teszik lehetővé a fajtatiszta és a keresztezett egyedek között.

Dolgozatomban célul tűztem ki a hazai apai és anyai sertésfajták és a keresztezett konstrukciók fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterbecslését az életnap, átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék tulajdonságokban, valamint az anyai fajták és a keresztezett konstrukciók fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterbecslését az első inszeminálás életkora, az élve született malacok száma, a vemhesség

hossza és a két fialás közt eltelt idő tulajdonságokban. Ezenkívül célom volt a fajtatiszta és keresztezett tulajdonságok közötti genetikai korreláció becslése és a tenyészérték stabilitás vizsgálata, hogy a jelenlegi tenyészérték becslési eljárásból fakadó pontatlanságát elbírálhassam. Nem utolsósorban pedig genetikai trendeket becsültem a fent megnevezett tulajdonságokban.

Az apai fajták átlagos napi tömeggyarapodására kapott közepesen magas öröklődhetőségi értékek a következők voltak: 0,20±0,02, 0,24±0,02, 0,25±0,03, 0,37±0,06, 0,37±0,02 sorrendben a Pi, Du, Pi x Du, Ha, Pi x Ha fajtákban. A színhús százalék gyengébben öröklődő tulajdonságnak bizonyult, az értékek a következőképpen alakultak: 0,17±0,02, 0,15±0,02, 0,13±0,02, 0,22±0,06, 0,20±0,02 sorrendben a Pi, Du, Pi x Du, Ha, Pi x Ha fajtákban.

Az anyai fajtákban a növekedési tulajdonságokra közepes-magas öröklődhetőségi értékeket becsültem: átlagos napi tömeggyarapodásra 0,24±0,005, 0,21±0,007, 0,26±0,007 és 0,27±0,007, színhús százalékra 0,28±0,004, 0,33±0,007, 0,36±0,006 és 0,37±0,007, életnapra 0,25±0,004, 0,24±0,007, 0,32±0,007 és 0,33±0,007 sorrendben a MNF, a ML és a keresztezett egyedekre a két adatbázisból.

Az első inszeminálás életkora mérsékelten öröklődhető tulajdonság jelentős különbséggel a fajtatiszta és a keresztezett sertések között. Becsléseim: 0,28±0,001 a MNF; 0,26±0,002 a ML sertésekre; 0,40±0,001 a keresztezettekre a MNF-MNF x ML adatbázisból és 0,41±0,001 a ML-MNF x ML adatbázisból. A vemhesség hosszára mind a fajtatiszta, mind a keresztezett sertésekben mérsékelt eredményt kaptam: 0,30±0,006 a MNF, 0,22±0,009 a ML, 0,25±0,008 a keresztezett genotípusra a MNF – MNF x ML adatbázisból és 0,25±0,008 a keresztezettekre a ML – MNF x ML adatbázisból. Az élve született malacszám és a két fialás közt eltelt idő esetében alacsony értékeket becsültem: 0,09±0,004; 0,06±0,005;

0,07±0,004 and 0,06±0,004; 0,06±0,003; 0,06±0,006; 0,06±0,004 and 0,06±0,003 sorrendben a MNF, a ML és a keresztezett konstrukciókra a két adatbázisból.

Az alomhatás mértéke az apai fajtákban az átlagos napi tömeggyarapodás esetében szokatlanul magas volt, felülmúlta az öröklődhetőséget is. Becsléseim: 0,41±0,01, 0,25±0,01, 0,35±0,01, 0,23±0,03 és 0,25±0,01 sorrendben a Pi, Du, Pi x Du, Ha, Pi x Ha fajtákban. Színhús százalékra mérsékeltebb eredményeket kaptam: 0,26±0,01, 0,15±0,01, 0,18±0,01, 0,18±0,02, 0,10±0,009 sorrendben a Pi, Du, Pi x Du, Ha, Pi x Ha fajtákban.

Az anyai fajtákban szintén magas, az életnap tulajdonságban pedig szokatlanul magas alomhatást becsültem. Az átlagos napi tömeggyarapodás, a színhús százalék és az életnap tulajdonságokban ezek rendre a következők: 0,29±0,002, 0,33±0,004, 0,29±0,003 és 0,29±0,003; 0,28±0,004, 0,21±0,004, 0,36±0,006 és 0,18±0,002; 0,50±0,002, 0,45±0,004, 0,47±0,003 és 0,48±0,003 a MNF, a ML, a MNF – MNF x ML és a ML – MNF x ML genotípusokra.

A tartós környezeti hatás a vemhesség hossza és az élve született malacszám esetében 0,06±0,01, 0,04±0,01, 0,07±0,01 és 0,07±0,01; 0,06±<0,001, 0,06±0,01, 0,06±<0,001 és 0,06±<0,001 sorrendben a MNF, a ML és a reciprok keresztezett sertésekben, míg a két fialás közti időre mindegyik fajtában nulla értéket kaptam.

A fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény közötti genetikai korrelációk az apai fajtákban a közepestől a szorosig változtak. Átlagos napi tömeggyarapodás és színhús százalék tulajdonságokban a becsléseim sorrendben 0,96±0,15, 0,85±0,12, 0,56±0,14 és 0,75±0,12; 0,65±0,16, 0,56±0,16, -0,38±0,17 és 0,48±0,20 a Pi – Pi x Du, Du – Pi x Du, Ha – Pi x Ha és a Pi – Pi x Ha párosításban. Ezzel szemben az anyai fajtákban alapvetően alacsonyabb eredményeket kaptam. Az átlagos napi

tömeggyarapodás esetében 0,47±0,03 és 0,37±0,04, színhús százalék tekintetében pedig 0,46±0,03 és 0,28±0,03 a becslésem a MNF – MNF x ML illetve a ML – MNF x ML konstrukcióban.

Szaporasági tulajdonságoknál a genetikai korreláció a gyengétől a szorosig változott. Az első inszeminálás életkorára 0,28±0,055 és 0,39±0,095, a vemhesség hosszára 0,96±0,018 és 0,82±0,083, az élve született malacszámra 0,82±0,052 és 0,93±0,091, a két fialás közt eltelt időre pedig 0,65±0,071 és 0,33±0,138 értékeket becsültem.

Az átlagos napi tömeggyarapodás tekintetében az apai fajtáknál a fajtatiszta tenyészértékek genetikai trendje 0,18-1,62 g/nap, a keresztezett tenyészérték genetikai trendje pedig 0,10-1,96 g/nap, színhús százalékra -0,003-0,001 %/év illetve -0,003-0,008 %/év változást becsültem. A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékekre alapozott rangsorolásban a közös egyedek számát az apai fajtákban a hampshire kanok kivételével magasnak (68-97 %) találtam, melyeknél a színhús százalék tenyészérték stabilitása meglepően alacsonynak (5 %) mutatkozott. Összehasonlítva a rangsorolt sertések keresztezett tenyészértékeinek különbségét, az apai fajtáknál nem mutatható ki lényeges különbség.

Az anyai fajtákon belül az átlagos tömeggyarapodásra 1,84 és 2,51 g/nap illetve 1,50-2,18 g/nap, színhús százalékra 0,010 és 0,017 %/év illetve 0,010-0,033 %/év javulást kaptam. A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékekre alapozott rangsorolásban a közös egyedek száma alacsony és rendszertelen volt a nagyfehér és a lapály fajtában. Ha összehasonlítjuk a rangsorolt sertések keresztezett tenyészértékeinek különbségét, megállapítható, hogy az átlagos napi tömeggyarapodás esetén ez eléri a 16 g-ot is, míg a színhús százaléknál nem tapasztaltam jelentős különbségeket.

A szaporasági tulajdonságok fajtatiszta és keresztezett genetikai trendjei az anyai fajtákban a következőképpen alakultak: az első inszeminálás életkorára -1,59 és -2,61 nap/év illetve -1,57- -4,30 nap/év, az élve született malacszámra 0,01 és 0,03 malac/év illetve 0,01-0,02 malac/év, a két fialás közt eltelt időre pedig -0,38 és -0,84 nap/év illetve -0,36 és -1,01 nap/év értékeket becsültem sorrendben a MNF és a ML fajtában. A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékre alapozott koca rangsorban a legjobb egyedek között a közös állatok száma közepes és rendszertelen volt a nagyfehér fajtában az első inszeminálászkori életkorra, míg a lapály fajtában közepes-magas volt. Az élve született malacok száma tulajdonságban mindegyik fajtában nagy stabilitást tapasztaltam (89-100 %). A két fialás közti idő tekintetében a közös egyedek száma a nagyfehér fajtában kicsit magasabb volt. A fajtatiszta és a keresztezett tenyészértékek közötti különbség mindkét fajtában az első inszeminálás életkorában volt jelentős (0,9 – 7,0 nap), míg a két fialás közti időre kapott különbség elenyésző. Az élve született malacszámra nem kaptam különbséget.

Az eredmények alapján azt a következtetést vontam le, hogy a növekedési tulajdonságokat tekintve a színhús százaléknál, és az anyai fajtáknál az átlagos napi tömeggyarapodás esetében is célszerű figyelembe venni a keresztezett tenyészértéket a keresztezésre szánt egyedek kiválasztásakor. A szaporasági tulajdonságoknál az első inszeminálászkori életkorra és a két fialás közt eltelt időre becsültem alacsonyabb genetikai korrelációt a fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény között, így e tulajdonságoknál szükséges a keresztezett tenyészérték figyelembevétele, míg az élve született malacszám és a vemhesség hossza esetében elegendő a fajtatiszta információ is.

9. SUMMARY

Selection of breeding pigs is based on the BLUP evaluation of their performance analyzed in field and station tests. This method is widely used in animal breeding but basically it was developed for purebred pigs. In contrary it is typical for the Hungarian pig breeding sector that the ratio of crossbred pigs increases as we approach to the bottom of the breeding pyramid, so defining the breeding goal for the crossbred performance would be useful. In the practice of the Hungarian breeding value evaluation the National Institute for Agricultural Quality Control treats the paternal (Pietrain, Duroc, Hampshire and their cross) and maternal breeds (Hungarian Large White, Hungarian Landrace and their reciprocal cross) as separate genotypes of which breed codes appear as fix effects in the BLUP model. This method, however, assumes that genetic parameters of traits of the joint evaluated genotypes are the same which is not certainly true. The solution of this problem could be treating purebred and crossbred performances as separate traits. Its genetic merit depends on the genetic correlation between purebred and crossbred performance (BRANDT and TÄUBERT), 1998). Determining the association between purebreds and crossbreds is possible based on the relationship.

Purpose of the thesis was to estimate purebred and crossbred genetic parameters of age, average daily gain and lean meat percentage in the Hungarian sire and maternal breeds and crosses, further to estimate purebred and crossbred genetic parameters of age at first insemination, number of piglets born alive, gestation length and farrowing interval in maternal breeds and cross. In addition I estimated the genetic correlation between purebred and crossbred performance and the stability of breeding values in order to consider the inaccuracy of the method of current

breeding value estimation. Finally I estimated genetic trends for the traits mentioned above.

The heritability estimates for average daily gain were moderately high, 0,20±0,02, 0,24±0,02, 0,25±0,03, 0,37±0,06, 0,37±0,02 for Pi, Du, Pi x Du, Ha, Pi x Ha, respectively; lean meat percentage was low heritable, 0,17±0,02, 0,15±0,02, 0,13±0,02, 0,22±0,06, 0,20±0,02 for Pi, Du, Pi x Du, Ha, Pi x Ha, respectively.

In the maternal breeds I estimated medium to high values for the growth traits. For average daily gain these are 0,24±0,005, 0,21±0,007, 0,26±0,007 and 0,27±0,007, for lean meat percentage 0,28±0,004, 0,33±0,007, 0,36±0,006 and 0,37±0,007 and for age 0,25±0,004, 0,24±0,007, 0,32±0,007 and 0,33±0,007 for HLW, HL and the crosses respectively.

Age at first insemination was of moderate heritability with large difference between purebreds and crossbreds: 0,28±0,001for HWL; 0,26±0,002 for HL; 0,40±0,001 for the cross from dataset HLW-HLW x HL and 0,41±0,001 for the cross from dataset HL-HLW x HL. Estimated heritability for gestation length both in purebred and crossbred pigs was moderate: 0,30±0,006 for HWL; 0,22±0,009 for HL; 0,25±0,008 for the cross from dataset HLW-HLW x HL and 0,25±0,008 for the cross from dataset HL-HLW x HL, Heritability of NBA and FI was low 0,09±0,004; 0,06±0,005; 0,07±0,004 and 0,06±0,004; 0,06±0,003; 0,06±0,006; 0,06±0,004 and 0,06±0,003 for HWL, HL and for their cross from the two datasets, respectively.

The relative importance of random litter effect was extremely high, it exceeded the heritability. The estimates are 0,41±0,01, 0,25±0,01, 0,35±0,01, 0,23±0,03 and 0,25±0,01 for Pi, Du, Pi x Du, Ha, Pi x Ha respectively. For lean meat percentage it was lower: 0,26±0,01, 0,15±0,01,

0,18±0,01, 0,18±0,02, 0,10±0,009 for Pi, Du, Pi x Du, Ha, Pi x Ha respectively.

In the maternal breeds I estimated high, for age unusually high random litter effect. These were for average daily gain, lean meat percentage and age as following: 0,29±0,002, 0,33±0,004, 0,29±0,003 and 0,29±0,003; 0,28±0,004, 0,21±0,004, 0,36±0,006 and 0,18±0,002; 0,50±0,002, 0,45±0,004, 0,47±0,003 and 0,48±0,003 for HLW, HL and the reciprocal crosses respectively.

The estimates for permanent environmental effect for gestation length and number of piglets born alive were 0,06±0,01, 0,04±0,01, 0,07±0,01 and 0,07±0,01; 0,06±0,00, 0,06±0,01, 0,06±0,00 and 0,06±0,00 for HLW, HL and the reciprocal cross, while for farrowing interval I estimated zero for all genotypes.

Genetic correlation between the purebreds and the crossbreds in sire breeds ranged from moderately high to high for average daily gain (0,93±0,15, 0,85±0,12, 0,56±0,14, 0,75±0,12) and from moderate to moderately high for lean meat percentage (0,65±0,16, 0,56±0,16, -0,38±0,17, 0,48±0,20) for Pi – P ix Du, Du – Pi x Du, Ha – Pi x Ha, Pi – Pi x Ha, respectively. In contrary in the maternal breeds basically I got lower estimates. For average daily gain the values are 0,47±0,03 and 0,37±0,04, for lean meat percentage 0,46±0,03 and 0,28±0,03 for HLW – HLW x HL and HL – HLW x HL, respectively.

In the reproduction traits the genetic correlations ranged between low to high. I estimated for age at first insemination 0,28±0,055 and 0,39±0,095, for gestation length 0,96±0,018 and 0,82±0,083, for number of piglets born alive 0,82±0,052 and 0,93±0,091 and for farrowing interval 0,65±0,071 and 0,33±0,138.

Genetic trends for average daily gain in the sire breeds for purebred breeding value was 0,18-1,62 g/day, for crossbred breeding value it was

0,10-1,96 g/day. For lean meat percentage I estimated -0,003-0,001 %/year and -0,003-0,021 %/year for purebred and crossbred breeding value, respectively. The common number of highest ranked pigs based on the purebred and crossbred breeding values was high (68-97 %) except of hampshire breed where the stability of the breeding value for lean meat percentage was found surprising low (5 %). Calculating the difference between the average crossbred breeding values of the ranked (once on the purebred then on the crossbred breeding value) pigs no remarkable difference could be established in either of both traits.

In the maternal breeds the progress for average daily gain and lean meat percentage was 1,84 and 2,51 g/day, 1,50-2,18 g/day and 0,010 and 0,017 %/year, 0,010-0,033 %/year for HLW and HL, respectively. The common number of highest ranked pigs based on the purebred and crossbred breeding values was low and unbalanced both in the HLW and the HL. Calculating the difference between the average crossbred breeding values of the ranked (once on the purebred then on the crossbred breeding value) pigs I obtained values up to 15-16 g for average daily gain while for lean meat percentage there was no substantial difference in either of both traits.

Purebred and crossbred genetic trends of maternal breeds were as following: -1,59 and -2,61 day/year; -1,57- -4,30 day/year for age at first insemination, 0,01 and 0,03 pig/year; 0,01-0,02 pig/year for number of piglets born alive; -0,38 and -0,84 day/year; -0,36- -1,01 day/year for farrowing interval for HLW and HL, respectively. The common number of highest ranked sows based on the purebred and crossbred breeding values was medium and unbalanced in the breed HLW for age at first insemination while that for HL was medium to high. For the number born alive piglets high stability (89 – 100 %) was found in each of the breeds.

The common number of sows for farrowing interval was little higher for HLW than HL. Differences between the average crossbred breeding values of the annual ranked (once on the purebred then on the crossbred breeding value) pigs were significant both for HLW and HL for age of first insemination (0,9 -7 days), while the differences for farrowing interval were negligible. In the trait number born alive piglets no difference could be confirmed.

Based on the results I concluded that within the growth traits it is favorable to use the crossbred breeding value in lean meat percentage and for the maternal breeds also in the average daily gain to select the parents for crossing. Viewing the reproduction traits, because of lower genetic correlations between purebred and crossbred performance in age of first insemination and farrowing interval, it is useful to take account of the crossbred breeding value, while for number of piglets born alive and gestation length is enough to use the purebred information.

10. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönetemet szeretném kifejezni témavezetőmnek, Dr. Nagy Istvánnak, aki három évig türelmesen irányította a munkámat.

Köszönettel tartozom Dr. Farkas Jánosnak és Dr. Kövér Györgynek az adatfeldolgozásban nyújtott segítségükért. Köszönöm Prof. Dr. Romvári Róbert tanszékvezető Úrnak, hogy tanszékvezetési ideje alatt PhD témám megvalósulásához biztosította a szükséges feltételeket. Az Állatgenetikai és Biotechnológiai Tanszék minden dolgozójának is köszönöm a lelki támogatást és a bátorító szavakat.

11. IRODALOMJEGYZÉK

1. Balogh P., Ertsey I., Fenyves V., Nagy L. (2009). Analysis and optimization regarding the activity of a Hungarian Pig Sales and Purchase Cooperation. Studies in Agricultural Economics. 109. 35-54.

2. Bates, R. O. and Buchanan, D. S. (1988). A comparison of progeny sired by high and low indexing Hampshire and Duroc central test station boars: genetic parameter estimation. J. Anim. Sci. 66. 2762-2766.

3. Baumung, R., Sölkner, J., Essl, A. (1997). Correlation between purebred and crossbred performance under a two-locus model with additive by additive interaction. J. Anim. Bred. Genet. 114. 89-98.

4. Besbes, B., Gibson, J. P. (1999). Genetic variation of egg production traits in purebred and crossbred laying hens. Animal Science. 68. 433-439.

5. Bidanel, J.P., Ducos, A., Labroue, F., Guéblez, R., Gasnier, C. (1994a). Genetic parameters of backfat thickness, age at 100 kg and meat quality traits in Pietrain pigs. Ann Zootech 43. 141-149.

6. Bidanel, J. P., Ducos, A., Guéblez, R., Labroue, F. (1994 b). Genetic parameters of backfat thickness, age at 100 kg and ultimate pH in on-farm tested French Landrace and Large White pigs. Livest. Prod. Sci. 40. 291-301.

7. Bidanel, J. P. and Ducos, A. (1996). Genetic correlations between test station and on-farm performance traits in Large White and French Landrace pig breeds. Livest. Prod. Sci. 45. 55-62.

8. Bijma, P., van Arendonk, J. A. M. (1998): Maximizing genetic gain for the sire line of a crossbreeding scheme utilizing both purebred and crossbred information. Animal Science 66. 529-542.

9. Biswas, D. K., Chapman, A. D., First, N. L., Self, H. L. (1971): Intrapopulation versus reciprocal recurrent selection in swine. J. Anim. Sci. 32. 840-848.

10. Bizelis, J., Kominakis, A., Rogdakis, E., Georgadopoulou, F. (2000). Genetic parameters of production and reproduction traits in on a farm tested Danish Large White and Landrace swine in Greece. Arch. Tierz. 43. 287-297.

11. Boesch, M., Roehe, R., Looft, H., Kalm, E. (2000). Selection on purebred and crossbred performance for litter size in pigs. Arch. Tierz. 43. (3). 249-262.

12. Brandt, H., Täubert, H. (1998). Parameter estimates for purebred and crossbred performances in pigs. J. Anim. Breed. Genet.-Z. Tierz. Zungt. Biol. 115. 97–104.

13. Bruns, E. (1983). Möglichkeiten der Anwendung des BLUP-Verfahrens in der Zuchtwertschätzung beim Schwein. Der Tierzüchter. 5. 164-165.

14. Chansomboon, C., Elzo, M. A., Suwanasopee, T., Koonawootrittriron, S. (2010). Estimation of Genetic Parameters and Trends for Weaning-to-first Service Interval and Litter Traits in a Commercial Landrace-Large White Swine Population in Northern Thailand. Asian-Aust. J. Anim. Sci. 23. 543-555.

15. Chen, P., Baas, T. J., Mabry, J. W., Koehler, K. J., Dekkers, J. C. M. (2003). Genetic parameters and trends for litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. J. Anim. Sci. 81. 46-53.

16. Csató, L. (1992). Sertés tenyészértékbecslésünk és a BLUP. Szaktanácsok. 1992/1-2. 18-21.

17. Csató L., Groeneveld, E., Farkas J. (1994). Prime genetic trends in purebred Hungarian pig populations. Szaktanácsok 1994/1-4 5-12 [in Hungarian].

18. Csató L., Radnóczi L. (1994). A BLUP alkalmazása a sertés tenyészértékbecslésben. Nemzetközi sertéstenyésztési tanácskozás 1. 80-87.

19. Csató L., Farkas J., Groeneveld, E., Radnóczi L. (1997). Die ungarische Schweinezuchtertschätzung im Zeichen des BLUP-Verfahrens. Agriculturae Conspectus Scientificus. 62. 153-157.

20. Csató L. (1999). A BLUP módszer a hazai sertéstenyésztésben. Szaktanácsadó füzetek. 1. 1-10.

21. Csató L., Farkas J., Radnóczi L. (1999). Sertéspopulációink genetikai elemzése a tenyészérték-becslés továbbfejlesztése érdekében. Állattenyésztés és takarmányozás. 48. 6. 747-749.

22. Csató L., Baltay M. (1990). A sertés-ivadékvizsgálat korszerűsítése. Szaktanácsok. 1-2.22-24.

23. Csató L., Nagy I., Farkas J., Radnóczi L. (2002). Genetic parameters of production traits of Hungarian Pig populations evaluated in separate and joint (field and station) tests. Arch. Tierz. 4. 375-386.

24. Csató L., Nagy I. (2002). A BLUP eredményei és előnyei a sertés tenyészértékbecslésben. 2. Nemzetközi Sertéstenyésztési Tanácskozás. 75-79.

25. Csató L., Nagy I. (2003). Sertés tenyészértékbecslés. Magyar mezőgazdaság. 58. 18-19.

26. Csató L., Nagy I., Farkas J., Radnóczi L., Vígh Zs. (2004). Examination of the genetic connectedness of various Hungarian pig population. Agriculturae Conspectus Scientificus. 69. (4) 87-90.

27. Csató L., Nagy I., Vígh Zs. (2006). A BLUP módszer jelentősége a sertéstenyésztésben. Agro Napló. 8. 122-124.

28. da Costa, A. R. C., Lopes, P. S., Torres, R. A., Euclydes, R. F., Regazzi, A. J., Silva, M. A., Pires, A. V. (2001). Genetic trends in performance traits of Large White, Landrace and Duroc Swine Breeds. Rev. Bras. Zootec. 30. (2) 348-352. [in Portuguese]
29. de Almeida Torres Filho, R., de Almeida Torres, R., Lopes, P. S., Pereira, C. S., Euclydes, R. F.,de Araújo, C. V., de Almeida e Silva, M. (2005). Genetic trends in the performance and reproductive traits of pigs. Genetics and Molecular Biology 28. 1. 97-102.

30. Darfour-Oduro, K. A., Naazie, A., Ahunu, B. K., Aboagye, G. S. (2009). Genetic parameter estimates of growth traits of indigenous pigs in Northern Ghana. Livest. Sci. 125. 187-191.

31. Dohy J. (1979). Állattenyésztési genetika. Mezőgazdasági Kiadó. Budapest.

32. Dohy J. (1999). Genetika állattenyésztőknek. Mezőgazda Kiadó. Budapest.

33. Ehlers M. J., Mabry, J. W., Bertrand, J. K., Stalder, K. J. (2005). Variance components and heritabilities for sow productivity traits estimated from purebred versus crossbred sows. Journal of Animal Breeding Genetics 122. 318-324.

34. Ehlers M. J., Mabry, J. W., Bertrand, J. K., Stalder, K. J. (2006). Breeding values, accuracies, and rank changes using purebred and combined purebred and crossbred information in swine. The Professional Animal Scientist. 22. 183-188.

35. Falkenberg, H., Hammer, H. (2009). Zur Geschichte und Kultur der Schweinezucht und –haltung. 5. Mitt.: Die Nutzung der Schweine durch die Menschen. Züchtungskunde. 81. (3) 190-206.

36. Farkas J., Kövér Gy., Csató L., Radnóczi L. (1999). A BLUP-módszer alkalmazásának informatikai háttere a sertés tenyészértékbecslésben. Agrárinformatika ’99. 351-357.

37. Farkas J., Curik, I., Csató L., Csörnyei Z., Baumung, R., Nagy I. (2007). Bayesian inference of inbreeding effects on litter size and gestation length in Hungarian Landrace and Hungarian Large White pigs. Livestock Science 112. 109-114.

38. Ferraz, J. B., Johnson, R. K. (1993). Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth, and backfat in closed seedstock populations of large white and Landrace swine. J. Anim. Sci. 71. 850-858.

39. Fischer, R., Spilke, J., von Lengerken, G. (1999). Einbeziehung von Fruchtbarkeitsleistungen in die Zuchtwertschätzung beim Schwein. 2. Mitteilung: Einbeziehung von Reinzucht- und Kreuzungsleistungen. Züchtungskunde 71. 209-218.

40. Fischer, R., Müller, U., Bergfeld, U. (2002). Genetische Beziehungen für das Merkmal Lebenstagszunahme in einem Dreirassenkreuzungsprogramm beim Schwein. Arch. Tierz. 45. 481-490.

41. Flink, F. (2011). http://mmgonline.hu/hu/irasok/allattenyesztes/sertes-mesterseges-termekenyites-helyzete.

42. Frankham, R., Ballou, J. D., Briscoe, D. A. (2007). Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press. New York

43. Geysen, D., Janssens, S., Vandepitte, W. (2000). Genetic parameters for fattening traits in the Belgian Pietrain population. 51th Annual meeting of the European Association for Animal Production, August 21th-24th 2000, The Hague, the Netherlands, Comission on Pig Production, Session P2.3. 1-5.

44. Groeneveld, E. (1990). PEST Users' Manual. Institute of Animal Husbandry and Animal Behaviour Federal Research Centre, Neustadt, Germany. 1-80.

45. Groeneveld, E, Kovac, M., Mielenz, N. (2008). VCE User's Guide and Reference Manual. Version 6.0. Institute of Farm Animal Genetics, Neustadt, Germany. 1-125.

46. Habier, D., Götz, K.-U., Dempfle, L. (2007). Estimation of genetic parameters on test stations using purebred and crossbred progeny of sires of the Bavarian Pietrain. Livest. Sci. 107. 142-151.

47. Habier, D., Götz, K.-U., Dempfle, L. (2008). Schätzung quantitativ-genetischer Parameter und Optimierung des

Zuchtprogrammes für das bayerische Pietrainschwein. Züchtungskunde, 80. 89-98.

48. Habier, D., Götz, K.-U., Dempfle, L. (2009a). Genetic parameters for performance and meat quality traits of crossbred pigs housed in two test environments. Livest. Sci. 121. 275–280.

49. Habier, D., Götz, K.-U., Dempfle, L. (2009b). Breeding programme for Pietrain pigs in Bavaria with an estimation of genetic trends and effective population size. Livest. Sci. 123. 187-192.

50. Hanenberg, E. H. A. T., Knol E. F., Merks J. W. M. (2001). Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in Dutch Landrace pigs. Livest. Prod. Sci. 69. 179-186.

51. Hazel, L. N. (1943). The genetic basis of constructing selection indexes, Genetics 28. 476-490.

52. Henderson, C. R. (1975). Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a selection model. Biometrics 31. 423-447.

53. Hicks, C., F. Tsutomu, A., Schinckel, P. (1998). Estimates of genetic parameters for daily gain and carcass traits for Japanese Large White swine. Purdue University 1998 Swine Day Report.

54. Hofer, A. (1990). Schätzung von Zuchtwerten feldgeprüfter Schweine mit einem Mehrmerkmals-Tiermodell. Dissertation, Eidgenössische Technische Hochschule, Zürich.

55. Hofer, A., Hagger, C., Künzi, N. (1992). Genetic evaluation of on-farm tested pigs using an animal model II. Prediction of breeding values with a multiple trait model. Livest. Prod. Sci. 30. 83-98.

56. Holm, B., Bakken, M., Vangen, O., Rekaya R. (2005). Genetic analysis of age at first service, return rate, litter size, and weaning-to-first service interval of gilts and sows. J. Anim. Sci. 83. 41-48.

57. Hudson, K., Kennedy, B. W. (1985): Genetic trend of growth rate and backfat thickness of swine in Ontario. J. Anim. Sci. 61. 92-97.

58. Ibanez-Escriche, N., Reixach, J., Lleonart, N., Noguera, J. L. (2011). Genetic evaluation combining purebred and crossbred data in a pig breeding scheme. J. Anim. Sci. 89. 3881-3889.

59. Imboonta, N., Rydhmer, L., Tumwasorn, S. (2007). Genetic parameters and trends for production and reproduction traits in Thai Landrace sows. Livest. Sci. 111. 70-79.

60. Jasek, S., Filistowicz, M., Korzeniowski, W. (2006). The relationship between RYR1 gene polymorphizm and reproduction performance sows of breeds: polish landrace, duroc, hampshire and pietrain. Acta fytotechnica et zootechnica – Mimoriadne číslo Nitra, Slovaca Universitas Agriculturae Nitriae, s. 26.

61. Kaplon, M. J.,Rothschild, M. F.,Berger, P. J., Healey, M. (1991). Genetic and phenotypic trends in Polish large white nucleus swine herds. J. Anim. Sci. 69. 551-558.

62. Kasprzyk, A. (2007a). Characteristics of genetic parameters and genetic gain in breeding herd of PL pigs over 25-years breeding work period. Arch. Tierz. 50. 107-115.

63. Kasprzyk A. (2007b). Estimates of genetic parameters and genetic gain for reproductive traits in the herd of Polish Landrace sows for the period of 25 years of the breeding work. Arch. Tierz. 50. 116-124.

64. Kennedy, B. W., Johansson, K., Hudson, G. F. S. (1985). Heritabilities and genetic correlations for backfat and age at 90 kg in performance-tested pigs. J. Anim. Sci. 61. 78-82.

65. Klimas, R., Klimienë, A. (2009). Genetic trend and relationship of meatiness traits of different breed pigs raised in Lithuania. Proceedings of the Latvian Academy of Sciences. Section B, Vol. 63 (2009), No. 1/2 (660/661), pp. 66–69.

66. Knapp, P., Willam, A., Sölkner**,** J**.** (1997). Genetic parameters for lean meat content and meat quality traits in different pig breeds. Livest. Prod. Sci. 52. 69-73.

67. Kovac, M., Groeneveld, E. (2003). VCE-5 Users' Guide and and Reference Manual. Version 5.1. University of Ljubljana, Biotechnical Faculty, Department of Animal Science, Domzale, Slovenia; Institute of Animal Science, Federal Agricultural Research Centre, Mariensee, Neustadt, Germany. 1-68.

68. Kövér Gy., Csörnyei Z., Nagy I., Novozánszky G., Kovács G. (2002). A testösszetétel különböző módszerekkel történő becsülhetőségének összehasonlítása sertéseken. Állattenyésztés és Takarmányozás 51. 587-596.

69. KSH (2014). http://www.ksh.hu/docs/hun/xftp/idoszaki/allat/allat1406.pdf. Letöltés ideje: 2014.10.22.

70. Kumari, B. P., Rao, S. D. (2010). Effect of non-genetic factors on the reproductive traits in crossbred pigs. Journal of Veterinary & Animal Sciences 6. (1) 1-4.

71. Lo, L. L., McLaren, D. G., McKeith, F. K., Fernando, R. L., Novakofski, J. (1992). Genetic analysis of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II. Heritabilities and correlations. J. Anim. Sci. 70. 2387-2396.

72. Lutaaya, E., Misztal, I., Mabry, J. W., Short, T., Timm, H. H. and Holzbauer, R. (2001). Genetic parameter estimates from joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine using the crossbred model. J. Anim. Sci. 79. 3002-3007.

73. Lutaaya, E., Misztal, I., Mabry, J. W., Short, T., Timm, H. H., Holzbauer, R. (2002). Joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine. J. Anim. Sci. 80. 2263-2266.

74. Mc Laren, D. G., Buchanan, D. S., Hintz, R. L. (1985). Sire ranking based upon purebred versus crossbred progeny performance in swine. J. Anim. Sci. 60. 902-912.

75. Mead, R., Curnow, R. N., Hasted, A. M. (1993). Statistical Methods in Agriculture and Experimental Biology. Second edition. Chapman & Hall. London.

76. Merks, J.W.M., Hanenberg, E.H.A.T. (1998). Optimal selection strategy for crossbred performance in commercial pig breeding programs. 6th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, Australia, 23. 555.

77. MgSZH (2009). Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex.

78. Mitchell, F. J., Faversham, R., Dink, D. (2004). Racehorse Breeding Theories. The Russel Meerdink Company, Ltd. United States of America.

79. Nagy I., Csató L., Farkas J., Radnóczi L., Vígh Zs. (2002a). Az ÜSTV vizsgálat (EUROP-ÜSTV) torzítottságának vizsgálata. 29. Óvári Tudományos Napok. Előadások és poszterek összefoglaló anyaga. 69-73.

80. Nagy I., Csató L., Farkas J., Radnóczi L., Szabó A., Vígh Zs. (2002b). Analysis of the random distribution of station-tested pigs based on their genetic merit. Acta Veterinaria Hungarica. 50. (4). 373-383.

81. Nagy I., Csató L. (2004). Tenyészállat-kiválasztás a genetikai haladásért. A sertés. 9. (1). 28-33.

82. Nagy I., Gulyás R., Csató L., Farkas J., Radnóczi L., Vígh Zs. (2004a). Tenyészeten belüli és tenyészetek közötti genetikai kapcsolat néhány hazánkban tenyésztett sertésfajtában. Állattenyésztés és Takarmányozás. 53. (2). 101-110.

83. Nagy I., Sölkner, J., Csató L., Farkas J., Radnóczi L. (2004b). Analysis of alternative models treating herd x year effects as fixed or random. Czech J. Anim. Sci. 49. (8), 349-356.

84. Nagy I., Csató L., Farkas J., Gyovai P., Radnóczi L., Komlósi I. (2008). Genetic parameters of direct and ratio traits from field and station tests of pigs. Arch. Tierz. 51, 172-178.

85. Nakavisut, S**.,** Crump, R., Suarez, M., Graser, H. U. (2005). Genetic correlations between the performance of purebred and crossbred pigs. Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet. 16. 99-102.

86. NEBIH (2013). A sertéstenyésztés 2013. évi eredményei. 8.

87. Neto, A. C., Lui, J. F., Sarmento, J. L., Ribeiro, M. N., Monteiro, J. M. C., Fonseca, C., Tonhati, H. (2009). Estimation Models of Variance Components for Farrowing Interval in Swine. Brazilian Archives of Biology and Technology 52. 69-76.

88. Newman, S., Wang, L., Anderson, J., Casey, D. (2010). 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Leipzig, Germany.

89. Nguyen, H. T., Nguyen, T. V. (2011). Combined genetic evaluation of purebreds and crossbreds in Yorkshire and Landrace pigs. Vietnam Journal of Agriculture & Rural Development 170. 71-77.

90. Oh, S. H., Lee, D. H., See, M. T. (2006). Estimation of genetic parameters for reproductive traits between first and later parities in pig. Asian-Aust. J. Anim. Sci. 19. 7-12.

91. OMMI (1997). Sertés teljesítményvizsgálati kódex
92. OMMI (2000): Sertés teljesítményvizsgálati kódex

93. OMMI (2002). Sertés teljesítményvizsgálati kódex

94. Radnóczi L., Csató L. Farkas J. (1999). A BLUP módszerével végzett tenyészérték-becslés tapasztalatai. Állattenyésztés és takarmányozás. 48. 744-746.

95. Radnóczi L., Kövér Gy., Farkas J., Nagy I. (2009). A hazai sertésállományok genetikai potenciáljának értékelése, teljesítményvizsgálati eredményeik alapján. Állattenyésztés és takarmányozás 58. 397-410.

96. Robinson, G. K. (1991). That BLUP is a good thing: The estimation of random effects. Statistical Science. 6. (1) 15-51.

97. SAS Institute Inc. (2004). SAS/STAT® 9.1 User's Guide. Cary, NC, USA.

98. Serenius, T., Sevón-Aimonen, M.-L., Mäntysaari, E. A. (2003). Effect of sire and validity of repeatability model in litter size and farrowing interval of Finnish Landrace and Large White populations. Livestock Production Science 81. 213-222.

99. Sonesson, A.K., de Greef, K.H., Meuwissen, T.H.E. (1998). Genetic parameters and trends of meat quality, carcass composition and performance traits in two selected lines of Large White pigs. Livest. Prod. Sci. 57. 23-32.

100. Stamer, E., Brade, W., Kalm, E. (2007). Genetische Beziehungen zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistungen sowie verschiedenen Prüfumwelten beim Schwein, untersucht am Material niedersächsischer Prüfstationen. Züchtungskunde 79. 298- 308.

101. Stamer, E., Brade, W., Kalm, E. (2008). Genetische Trends in der Niedersächsischen Piétrain-Eberpopulation in Abhängigkeit vom MHS-Status**.** Züchtungskunde, 80. 265-278.

102. Täubert, H., Brandt, H. (2000). Varianz- und Kovarianzkomponentenschätzung für die Wurfleistung von Reinzucht- und Kreuzungssauen. Züchtungskunde 72. (1) 43-58.

103. Tholen, E., Bunter, K. L., Hermesch, S., Graser, H.-U. (1996). The genetic foundation of fitness and reproduction traits in AUSTRALIAN PIG POPULATIONS. 2. Relationships between weaning to conception interval, farrowing interval, stayability, and other common reproduction and production traits. Journal of Agricultural Research 47. 1275-90.

104. Tixier, M., Sellier, P. (1986). Estimated genetic trends for growth and carcass traits in two French pig breeds. Génét. Sél. Evol. 18. (2) 185-212.

105. Tribout, T., Caritez, J. C., Gruand, J., Bouffaud, M., Guillouet, P., Billon, Y., Péry, C., Laville, E., Bidanel, J. P. (2010). Estimation of genetic trends in French Large White pigs from 1977 to 1998 for growth and carcass traits using frozen semen. J. Anim. Sci. 88. 2856-2867.

106. Vígh Zs., Nagy I., Farkas J., Csató L. (2005). A BLUP alapú tenyészértékek és tenyészethatások kapcsolatának vizsgálata hazai sertésfajtákban. Acta Agraria Kaposváriensis. 9. (2) 13-22.

107. Vígh Zs., Nagy I., Csató L., Bokor Á., Farkas J. (2006). A sertések sajátteljesítmény-vizsgálatra alapozott szelekciója. Agro napló. 3. 114-115.

108. Wei, M., van der Steen, H. A. M., van der Werf, J. H. J., Brascamp, E. W. (1991a). Relationship between purebred and

crossbred parameters I. Variances and covariances under the one-locus model. J. Anim. Breed. Genet. 108. 253-261.

109. Wei, M., van der Werf, J. H. J., Brascamp, E.W. (1991b). Relationship between purebred and crossbred parameters II. Genetic correlation between purebred and crossbred performance under the model with two loci. J. Anim. Breed. Genet. 108. 262-269.

110. Wei, M., van der Werf, J. H. J. (1994). Maximizing genetic response in crossbreds using both purebred and crossbred information. Anim. Prod. 59. 401-413.

111. Wei, M., van der Werf, J. H. J. (1995). Genetic correlation and heritabilities for purebred and crossbred performance in poultry egg production traits. J. Anim. Sci. 73. 2220-2226.

112. Wolf, J., Wolfova, M., Groeneveld, E., Jelinkova, V. (1998). Estimation of genetic and environmental trends for production traits in Czech Landrace and Large White pigs. Czech J. Anim. Sci. 43. 545-550.

113. Wolf, J., Š. Horáčková, Groeneveld, E., Peškovičová, D. (2000). Estimation of genetic parameters for sire pig breeds using purebred and crossbred information. Czech J. Anim. Sci. 45. 525-532.

114. W, J., D. Peskovicova and E. Groeneveld (2001). Stability of genetic parameter estimates for production traits in pigs. J. Anim. Breed. Genet. 118. 161-172

115. Wolf, J., Peskovicova, D., Wolfova, M., Groeneveld, E. (2002). Impact of genetic groups and crossbred information on the prediction of breeding values in pig sire breeds. J. Anim. Sci. 47. 219-229.

116. Wolf, J., Peskovicova, D., Zakova, E., Groeneveld., E. (2006). Additive and heterotic breed effects in the genetic evaluation of pig sire breeds. Anim. Sci. 82. 455–462.

117. Wong, W. C., Boylan, W. J., Rempel, W. E. (1971). Purebred versus crossbred performance as a basis of selection is swine. J. Anim. Sci. 32. 605-610.

118. Xie, C. Xu, S. (1996). Best linear unbiased prediction under selection. J. Genet. & Breed. 50. 287-294.

119. Youssao, I., Verleyen, V., Michaux, C., Leroy, P. L. (2002). Choice of probing site for estimation of carcass lean percentage in Piétrain pig using the real-time ultrasound. Biotechnol. Agron. Soc. Environ. 6. (4) 195–200.

120. Zhang, S., J. P. Bidanel, T. Burlot, C. Legault and J. Naveau (2000a). Genetic parameters and genetic trends in the Chinese x

European Tiameslan composite pig line. Genetic parameters. Genet. Sel. Evol. 32. 41-56.

121. Zhang, S., Bidanel, J-P., Burlot, T., Legault C., Naveau, J. (2000b). Genetic parameters and genetic trends in the Chinese x European *Tiameslan* composite pig line. II. Genetic trends. Genet. Sel. Evol. 32. 57-71.

122. Zumbach, B., Misztal, I., Tsuruta, S., Holl, J., Herring, W., Long, T. (2007). Genetic correlations between two strains of Durocs and crossbreds from differing production environments for slaughter traits. J. Anim. Sci. 85. 901-908.

123. Zsilinszky L. (1984). A BLUP módszer alkalmazási lehetősége a magyar tejelő szarvasmarha állományban. Szarvasmarha és sertéstenyésztés gyakorlata. 2. 15-19.

124. Zsilinszky L. (1987). A hungarofríz bikák értéke. Magyar Mezőgazdaság. 35. 14.

12. A DISSZERTÁCIÓ TÉMAKÖRÉBŐL MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK

Idegen nyelven megjelent tudományos közlemények

Nagyné Kiszlinger H., Farkas J., Kövér Gy., Onika-Szvath Sz., Nagy I. (2011). Genetic parameters of growth traits from a joint evaluation of purebred and crossbred pigs. Agriculturae Conspectus Scientificus 76. (3) 223-226.

Nagyné Kiszlinger H., Farkas J., Kövér Gy., Nagy I. (2012). Estimation of purebred and crossbred genetic value in the Hungarian pig population. Állattenyésztés és Takarmányozás 61. (2) 38-50.

Nagy I., **Nagyné Kiszlinger H**., Farkas J., Kövér Gy., Czakó B., Gorjanc G. (2012). Estimation and decomposition of genetic trends in a two-way cross using Hungarian pig breeds. Acta Agriculturae Slovenica 100.(SUPPL.3) 175-179.

Nagy I., **Nagyné Kiszlinger H.**, Farkas J., Kövér Gy., Czakó B., Gorjanc G. (2012). Estimation and decomposition of genetic trends in a two-way cross using Hungarian pig breeds. Acta Agriculturae Slovenica 100.(SUPPL.3) 175-179.

Nagyné Kiszlinger H., Farkas J., Kövér Gy., Götz K.-U., Nagy I. (2012). Genetische Parameter der Mast- und Schlachtleistungsmerkmale von

Reinzucht- und Kreuzungsschweinen unter simultaner Parameterschätzung. Züchtungskunde 84.(3)242-249.

Nagyné Kiszlinger H., Farkas J., Kövér Gy., Nagy I. (2013). Genetic trends and breeding value stability in Hungarian purebred and crossbred maternal pig breeds. Állattenyésztés és takarmányozás 62.(1) 45-51.

Nagyné Kiszlinger H., Farkas J., Kövér Gy., Nagy I. (2013). Selection for reproduction traits in Hungarian pig breeding in a two-way cross. Animal Science Papers And Reports 31. (4). 315-322.

13. A DISSZERTÁCIÓ TÉMAKÖRÉN KÍVÜLI PUBLIKÁCIÓK

Idegen nyelvű közlemények

Nagy I., Csörnyei Z., **Nagyné Kiszlinger H.**, Farkas J. (2010). Estimation of Genetic Parameters for Meat Quality and its composite Traits. Agriculturae Conspectus Scientificus 75. (4) 179-182.

Nagy I., **Nagyné Kiszlinger H.**, Farkas J. (2010). Genetic study of longevity of Hungarian pigs. Acta Agrária Kaposváriensis. 14. 55-58.

Nagy I., Radnai I., **Nagyné-Kiszlinger H.**, Farkas J., Szendrő Zs. (2011). Genetic parameters and genetic trends of reproduction traits in synthetic Pannon rabbits using repeatability and multi-trait animal models. Archiv für Tierzucht – Archives of Animal Breeding 54. 297-307.

Nagy I., Gorjanc G., Curik I., Farkas J., **Kiszlinger H.**, Szendrő Zs. (2012). The contribution of dominance and inbreeding depression in estimating variance components for litter size in Pannon White rabbits. Journal of Animal Breeding and Genetics

Proceedingsben teljes terjedelemben megjelent közlemények

Nagy I., Gyovai P., Radnai I., Matics Zs., Gerencsér Zs., Donkó T., **Nagyné Kiszlinger H**., Szendrő Zs. (2010). Növekedési, CT-vel becsült és vágási tulajdonságok genetikai paraméterei Pannon fehér nyulakban. 22. Nyúltenyésztési Tudományos Nap

Nagy I., Curik I., Gorjanc G., **Kiszlinger H**., Onika-Szvath Sz., Gyovai P., Szendrő Zs. (2011). Az alomlétszámban jelentkező dominanciahatás becslése Pannon fehér nyulakban. 23. Nyúltenyésztési Tudományos Nap

Nagyné Kiszlinger H., Farkas J., Kövér Gy., Malovrh S., Czakó B., Nagy I. (2012)
Genetic parameters of reproduction traits in Hungarian pig populations. In: Book of Abstracts of the 63rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Konferencia helye, ideje: Bratislava, Szlovákia, 2012.08.27-2012.08.31. Wageningen Academic Publishers, p. 271.

14. SZAKMAI ÉLETRAJZ

1978. június 4-én születtem Veszprémben. Középiskolai tanulmányaimat a veszprémi Lovassy László Gimnáziumban német-angol szakon végeztem, ahol 1996-ban érettségi vizsgát tettem. Még ebben az évben felvételt nyertem a kaposvári Pannon Agrártudományi Egyetem Állattenyésztési Karának agrármérnöki szakára. 1998-ban köztársasági ösztöndíjat nyertem. 1999-ben három hónap gyakorlatot töltöttem Németországban egy sertéshizlaló farmon. 2001-ben agrármérnöki diplomát szereztem, diplomadolgozatomat a nyúl emésztőszervi megbetegedéseinek témájából írtam. 2002-től 2003-ig az ANABEST Kft. alkalmazásában lúd mesterséges termékenyítésével foglalkoztam. Emellett 10 évig könyvfordítóként dolgoztam, és a Gazda Kiadó megbízásából több szakmai könyvet magyarra fordítottam. 2010-ben felvételt nyertem a Kaposvári Egyetem Állattudományi Karának Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola nappali tagozatára. 2013-ban sikeres doktori szigorlatot tettem. Ugyanezen év szeptembere óta a Kaposvári Egyetem Agrár- és Környezettudományi Karának Állatgenetikai és Biotechnológiai Tanszékén dolgozom mint tudományos segédmunkatárs. Részt veszek a genetika és az általános állattenyésztés tárgyak oktatásában, 2013-tól pedig a Dominanciahatás genetikai értékelése házinyúlban című OTKA projektben.

1994-ben német középfokú C, 1996-ban német felsőfokú A, 2010-ben alapfokú angol C típusú nyelvvizsgát szereztem.