

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

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

1. A KUTATÁS ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK

Valamennyi gazdasági állatfaj folyamatos teljesítménybeli fejlődésének kulcsa a genetikai képességek lehető legpontosabb felbecsülése, az értékes genetikát hordozó egyedek kiválogatása, tervszerű párosítása és a további szelekción 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 tenyészték 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 értékszám 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 sertésenyésztők 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 indexpontoszám mellett

minden tenyészállat és tenyészállat jelölt BLUP indexet is kapott, de a BLUP módszer csak 2008 óta képezi a tenyészérték becslés alapját.

A sertéstenyésztés vertikális szerkezetében a keresztezett egyedek aránya a nukleusz állományoktól lefelé haladva egyre nő, ami elengedhetlenné 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. WEI és mtsai (1991) 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.

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 (1991) 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. 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 jelenleg alkalmazott tenyészértékbecslési eljárás a fajtát fix hatásként kezeli, így csak fajtahaszt képes becsülni. A modellben szereplő összes fajta tehát azonos genetikai paramétereket kap, ami a tenyészértéket torzítja. A hazai sertésenyésztésben ráadásul a tenyészállatok jelentős része, mintegy 40-50 %-a keresztezett (NÉBIH, 2013), ezzel szemben a BLUP módszerrel a fajtatiszta szülőknek eddig kizárólag fajtatiszta tenyészértéket becsültek a tenyészők, holott lehetőség volna a rokoni kapcsolatok révén keresztezett tenyészértéket is becsülni, aminek hatása lehet a szelekciós döntésre.

Célkitűzések:

1. Hízékonysági tulajdonságok genetikai paramétereinek együttes becslése fajtatiszta és keresztezett apai sertésfajtákban.
2. Hízékonysági tulajdonságok genetikai paramétereinek együttes becslése anyai sertésfajtákban.
3. Szaporasági tulajdonságok genetikai paramétereinek együttes becslése anyai sertésfajtákban.
4. Genetikai trendek és tenyészérték stabilitás becslése átlagos napi tömeggyarapodás és színhús tulajdonságokban fajtatiszta és keresztezett apai sertésfajtákban.

5. Genetikai trendek és tenyészték stabilitás becslése átlagos napi tömeggyarapodás és színhús tulajdonságokban fajtatiszta és keresztezett anyai sertésfajtákban.
6. Genetikai trendek és tenyészték stabilitás becslése hazai anyai sertésfajták szaporasági tulajdonságaiban.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

1. Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése apai sertésfajtákban, hízekonysági 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 sajátjeljesítmény vizsgálati (ÜSTV) adataira alapoztam. Az adatokat az OMMI (jogutódja NÉBIH) gyűjtötte 1997 és 2010 között 68 telepen. A Pi, Du, Pi x Du adatbázishoz tartozó pedigriben szereplő egyedek száma 60926, míg a Pi, Ha, Pi x Ha adatbázishoz tartozó pedigriben szereplő egyedek száma 42004 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 szalonnnavastagságot 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):

$$h = 56.333381 - 0.122854 \times sz1 - 0.786312 \times sz2 + \\ + 0,006160 \times sz2 \times sz2 + 0,237677 \times k2$$

ahol

sz1 szalonna vastagság a 3. és 4. ágyékcsigolya között, mm;

sz2 szalonna vastagság a 3. 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 (MgSZH), de az adatokat már 1998 óta gyűjtik. Az állatok tartásáról és takarmányozásáról a Sertés Teljesítményvizsgáló Kódex (MgSZH, 2009) rendelkezik.

A leíró statisztikát a SAS 9.1 szoftverrel (SAS Inst. Inc., Cary, NC) számoltam. 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 mérésrel, 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, míg az additív genetikai hatás és az alomhatás random hatásként szerepel.

2. Fajtatiszta és keresztezett genetikai paraméterek becslése anyai sertésfajtákban hízekonysági tulajdonságokra

Az adatokat az OMMI (MgSZH) 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 pedigreben szereplő egyedek száma 508 009, a ML – MNF x ML adatbázishoz tartozó pedigreben 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 szoftverrel (SAS Inst., Cary, NC) számítottam ki. A fajtatiszta és a keresztezett teljesítmény genetikailag

különböző tulajdonságnak tekintetem. Az egy életnapra jutó tömeggyarapodás, az életnap és a színhús százalék genetikai paramétereit REML-módszerrel, a PEST (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.

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

Az adataimat az OMMI (jelenleg NÉBIH) a szaporasági és felnevelési teljesítményvizsgálat keretén belül 2001 és 2010 között gyűjtötte. A vizsgált fajták a magyar nagy fehér húsertés (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 inszemináláskor (ÉEI), az élve született malacszám (ÉMSZ), a vemhesség hossza (VH) és a két fialás közt eltelt idő (KFI) 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 ugyanazonokon 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 szoftver segítségével készítettem elő. Az összes rekordot tartalmazó adatbázist két részre osztottam, melyek mindegyike csak az egyik fajtatiszta fajtát tartalmazta a vele rokon

keresztezett konstrukcióval együtt. A fajtatizsza és a keresztezett állatok vizsgált tulajdonságait külön tulajdonságnak tekintettem. A genetikai paramétereket a REML módszerrel, a PEST (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 inszemináláskori életnapok számára kétváltozós egyedmodellt használtam. A rekordokhoz alsó és felső korlátot állítottam be a PEST-ben 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:

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

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

ahol y = a megfigyelések vektora, b = a fix hatások vektora, a = az additív genetikai hatás vektora, pe = a tartós környezeti hatás vektora, és X , Z and W sorrendben a fix, az additív genetikai hatás és a tartós környezeti hatás előfordulási mátrixa.

A fialási sorszámot, a fialási év-hónapot, a telepet (ÉMSZ, VH, KI), az inszeminálási év-hónapot (ÉEI) fix hatásként kezeltem, míg az additív genetikai hatás (EI, ÉMSZ, VH, KI) és a tartós környezeti hatás (ÉMSZ, VH, KFI) random hatásként szerepelt a modellekben.

A pedigrében szereplő egyedek száma 126340 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	167865	56743	163980
VH ⁴	167865	56743	163980
KI ⁵	112059	38541	110628
ÉEI ⁶	46143	16083	43024

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

4. Genetikai trendek és tenyészték stabilitás becslése hízekonysági 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 szoftver segítségével számítottam ki (SAS Institute Inc., 2004). Az egyes fajták közötti különbségek szignifikancia vizsgálatát a SAS szoftver (SAS Institute Inc., 2004) GLM eljárásával végeztem. Az egy életnapra jutó tömeggyarapodás és a színhús százalék genetikai paramétereit REML-módszerrel, a PEST (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 tenyésztési értékeinek éves átlagát lineáris regresszióval illesztettem a születési évekre a SAS szoftver segítségével. A fajtatiszta sertések genetikai trendjeit a fajtatiszta és a keresztezett tenyésztési értékeiből is kiszámítottam, a keresztezett állatok esetében értelemszerűen csak a keresztezett tenyésztési értékből 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 tenyésztési érték stabilitás vizsgálatának módszere: a fajtatiszta sertéseket a viszonylag kis adatbázis miatt a teljes vizsgálati periódusra nézve állítottam sorba. A tenyésztési értékek stabilitását a kétféleképpen rangsorolt állatokból a legjobb 100 kan és 1000 koca közös képviselőinek arányával jellemeztem.

A fajtatiszta és keresztezett tenyésztési érték alapján rangsorolt legjobb 100 és 1000 egyed keresztezett tenyésztési értékeinek különbségét szintén kiszámítottam, ami ugyancsak a tenyésztési értékek stabilitására utal.

5. Genetikai trendek és tenyésztési érték stabilitás becslése hízekonysági 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 tenyészték stabilitást vizsgáltam: a fajtatiszta sertéseket a rendelkezésre álló nagy adatbázis miatt évente rangsoroltam a fajtatiszta és a keresztezett tenyésztékek alapján.

6. Genetikai trendek és tenyészték stabilitás becslése anyai sertésfajtákban szaporasági tulajdonságokra

Az első inszemináláskori életnapok számának, az élve született malacszámnak és a két fialás közt eltelt időnek vizsgálatához felhasznált adatok megegyeznek a 4. vizsgálatban ismertetett forrással. Az alapstatisztika számításához, a genetikai paraméterbecsléshez és a tenyészték becsléshez használt szoftverek és modellek szintén megegyeznek a 4. vizsgálatban leírtakkal.

A genetikai trendek és a tenyészték stabilitás becslésének illetve vizsgálatának módszere megegyezik az 5. pontban bemutatott módszerrel.

3. EREDMÉNYEK

1. vizsgálat

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

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

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 $0,96 \pm 0,15$, $0,85 \pm 0,12$, $0,56 \pm 0,14$ és $0,75 \pm 0,12$; $0,65 \pm 0,16$, $0,56 \pm 0,16$, $-0,38 \pm 0,17$ és $0,48 \pm 0,20$ a Pi – Pi x Du, Du – Pi x Du, Ha – Pi x Ha és a Pi – Pi x Ha párosításban.

2. vizsgálat

Az anyai fajtákban a növekedési tulajdonságokra közepes-magas öröklődhetőségi értékeket becsültem: átlagos napi tömeggyarapodásra $0,24 \pm 0,005$, $0,21 \pm 0,007$, $0,26 \pm 0,007$ és $0,27 \pm 0,007$, 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 anyai fajtában 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 fajtatizta és a keresztezett teljesítmény közötti genetikai korrelációkra az anyai fajtában 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.

3. vizsgálat

Az első inszeminálás életkora mérsékelten öröklődhető tulajdonság jelentős különbséggel a fajtatizta és a keresztezett sertések között. Becsléseim: 0,28±0,001 a MNF; 0,26±0,002 a ML sertésekre; 0,40±0,001 a keresztezettek a MNF-MNF x ML adatbázisból és 0,41±0,001 a ML-MNF x ML adatbázisból. A vemhesség hosszára mind a fajtatizta, 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 keresztezettek a ML – MNF x ML adatbázisból. Az élve született malacsám 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.

A tartós környezeti hatás a vemhesség hossza és az élve született malacsám esetében 0,06±0,01, 0,04±0,01, 0,07±0,01 és 0,07±0,01; 0,06±0,00, 0,06±0,01, 0,06±0,00 és 0,06±0,00 sorrendben a MNF, a ML és a reciprok keresztezett sertésekben, míg a két fialás közti időre mindegyik fajtában nulla értéket kaptam.

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 malacsámra 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.

4. vizsgálat

Az átlagos napi tömeggyarapodás tekintetében az apai fajtáknál a fajtatizta tenyésztékek genetikai trendje 0,18-1,62 g/nap, a keresztezett tenyésztékek genetikai trendje pedig 0,10-1,96 g/nap, színhús százalékra - 0,003-0,001 %/év illetve -0,003-0,021 %/év változást becsültem. A fajtatizta és a keresztezett tenyésztékekre alapozott rangsorolásban a közös egyedek számát az apai fajtákban a hampshire kanok kivételével magasnak (68-97 %) találtam, melyeknél a színhús százalék tenyésztékek stabilitása meglepően alacsonynak (5 %) mutatkozott. Ha kiszámítjuk a rangsorolt sertések keresztezett tenyésztékei átlagának különbségét, az apai fajtáknál nem mutatható ki lényeges különbség.

5. vizsgálat

Az átlagos napi tömeggyarapodás tekintetében az anyai fajtáknál a fajtatizta tenyésztékek genetikai trendje a ML és a MNF sertésekre

sorrendben 1,84 és 2,51 g/nap, a keresztezett tenyészték genetikai trendje pedig 1,50-2,18 g/nap, színhús százalékra 0,010 és 0,017 %/év illetve 0,007-0,033 %/év változást becsültem. A fajtatiszta és a keresztezett tenyésztékekre alapozott rangsorolásban a közös egyedek száma alacsony és rendszertelen volt a nagyfehér és a lapály fajtában. Ha évenként kiszámítjuk a rangsorolt sertések keresztezett tenyésztékei átlagának különbségét, megállapítható, hogy az átlagos napi tömeggyarapodás esetén ez eléri a 16 g-ot is, míg a színhús százaléknál nem tapasztaltam jelentős különbségeket.

6. vizsgálat

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 malacsámra 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- -1,01 nap/év értékeket becsültem sorrendben a MNF és a ML fajtában. A fajtatiszta és a keresztezett tenyésztékekre alapozott koca rangsorban a legjobb egyedek között a közös állatok száma közepes és rendszertelen volt a MNF fajtában az első inszemináláskori életkorra, míg a ML 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 valamelyest magasabb volt. A fajtatiszta és a keresztezett tenyésztékek alapján évenként rangsorolt sertések keresztezett tenyésztékének átlaga 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 malacsámra nem kaptam különbséget.

4. 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 tenyésztési értékek 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 tenyésztési érték stabilitás is. Ezek alapján érdemes lenne legalább a színhús % tulajdonságban figyelembe venni a keresztezett tenyésztési értéket 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 tenyésztési értékbecsléshez.
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 tenyésztési állatok keresztezésre történő szelekciója során figyelembe kellene venni a keresztezett tenyésztési értéket, 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 tenyészték 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 tenyészték stabilitással, amiből arra következtethetünk, hogy a fajtatiszta tenyészték kizárólagos használata a szelekció során torzíthatja a fajtatiszta állatok keresztezésben nyújtott képességéről alkotott előrejelzést, ezért szükséges a keresztezett tenyészték figyelembevétele is.

5. A színhús százalék tulajdonságban becsült tenyésztértékek igen lassú javulást mutattak, különösen az apai sertésfajtákban, mivel e tulajdonság variabilitása alacsony volt a vizsgált állományokban. Ezzel szemben az átlagos napi tömeggyarapodás tenyésztértékei 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 tenyésztértékek becsülhetők, és ezáltal gyorsabb genetikai előrehaladást érhetnénk el.

5. 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 tenyésztékek genetikai trendjét a gazdaságilag jelentős apai és anyai sertésfajtákban átlagos napi tömeggyarapodás és a színhús százalék tulajdonságokban. Apai fajtatiszta trendek átlagos napi tömeggyarapodásra: 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 tenyésztékek 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. Tenyészték 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. Tenyészték 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.

6. 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.

7. 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 paramétereit 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.