

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

NGUYEN THAO NGUYEN

KAPOSVAR
2017

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

KAPOSVÁRI EGYETEM
AGRÁR- ÉS KÖRNYEZETTUDOMÁNYI KAR
Állatgenetikai és Biotechnológiai Tanszék

A Doktori Iskola vezetője
Prof. Dr. KOVÁCS MELINDA
MTA levelező tagja

Témavezetők
Dr. habil. NAGY ISTVÁN
tudományos főmunkatárs
Prof. Dr. INO CURIK
egyetemi tanár

DOMINANCIHATÁSOK BECSLÉSE ÉS HASZNOSÍTÁSA
NYÚL POPULÁCIÓKBAN

Készítette
NGUYEN THAO NGUYEN

Kaposvár
2017

1. BEVEZETÉS

Az állattenyésztésben évtizedek óta alapvető cél a gazdaságilag fontos tulajdonságok nemesítési módszerekkel történő javítása. Ehhez először azonosítani kell a legjobb genetikai képességű állatokat, majd a következő generációt ezek párosításával kell létrehozni. A folyamat a tenyésztési program keretében hajtható végre, ahol a tenyészértékbecslés a szelekció alapját képezi. Bár a tenyészértékbecslés (BLUP) elméleti alapjait Henderson (1975) már több mint 40 évvel ezelőtt kidolgozta, az eljárás csak az 1990-es évektől vált alkalmazhatóvá, amikor megjelentek azok a számítógépes programok (Boldman és mtsai, 1993; Groeneveld, 1990; Meyer, 1989), melyekkel értékelni lehetett a származás és a teljesítményvizsgálati adatokat,

Az 1990-es évektől a tenyészértékbecslés az összes haszonállat esetében elterjedt és a szelekciót jelenleg a becsült tenyészértékek alapján végzik (Dempfle, 1977; Hudson és mtsai, 1985; Olesen és mtsai, 1995; Estany és mtsai, 1989). Magyarországon a tenyészértékbecslés először a szarvasmarha-tenyésztésben terjedt el, ahol az úgynevezett apamodellt már 1985-ben az egyedmodellt pedig 1999-ben alkalmazták (Nagy és mtsai, 2004). A módszert mintegy 20 éve vezették be a magyar sertés, illetve juhtenyésztésben (Groeneveld és mtsai, 1996; Nagy és mtsai, 1999). A hazai nyúltenyésztésben a tenyészértékbecslést néhány évvel később kezdték alkalmazni (Nagy és mtsai, 2006).

Az eddig említett szerzők munkáinak közös jellemzője, hogy a genetikai értékelések csak az additív genetikai hatásokat vizsgálták, vagyis a nem additív génhatásokat nem vették figyelembe (dominancia, episztázis). Norris és mtsai (2010) alapján a genetikai értékelés bármely fajban az átörökítő képességet vizsgálja, mely az additív genetikai hatásoknak köszönhető. Bár a nem additív génhatások közvetlenül nem öröklődnek, azok a kis h^2 értékű tulajdonságokban fontos szerepet játszanak (Falconer, 1989). Ennek megfelelően a dominanciahatások elsősorban a szaporasági tulajdonságokban teszik ki a fenotípusos variancia jelentős hányadát (Norris és mtsai, 2006).

A dominancia-variancia becslése évtizedek óta az érdeklődés középpontjában van (Maki-Tanila 2007), melynek okai a variancia-komponensek torzítatlan becslése (Misztal 1997), a pontosabb tenyészértékbecslés (Henderson, 1989; Misztal és mtsai, 1996) és a dominanciahatások felhasználása a párosítási tervek készítésekor.

A dominancia a keresztezésekkel kapcsolatosan is befolyásolja a genetikai paramétereket (Wei és mtsai, 1991a; 1991b). A multipara fajok (sertés, nyúl) általában nagyszámú nem additív rokon kapcsolatokkal rendelkeznek (DeStefano és Hoeschele, 1992). Van Tassel és mtsai (2000) szerint, ahhoz, hogy a nem additív genetikai variancia nagyságát becsülni lehessen a populációban az édestestvérek arányának legalább 20%-nak kell lennie. A nem additív genetikai hatásokkal kapcsolatos ismeretek hiányosak. Ugyanakkor Toro és Varona (2010) alapján ezen génhatások figyelembevételének egyszerű elhagyása a tenyésztérbecslés pontosságát csökkentheti, illetve a tenyésztérbecslés alapján megállapított sorrend megváltozásával járhat. Bár a dominanciahatások kezelése ma már technikailag megoldott, mégis (főleg technikai okok miatt) ezeket az egyedmodellekben az esetek többségében nem veszik figyelembe (Toro és Varona, 2010).

A nyúltenyésztésnek, illetve az ezzel kapcsolatos kutatásoknak a Kaposvári Egyetemen több évtizedes hagyományai vannak. Az itt nemesített Pannon fehér fajta származását több évtizede nyilvántartják, a fajta állományszerkezetét és beltenyésztéses leromlását számos közleményben írták le (pl. Nagy és mtsai, 2010; Nagy és mtsai, 2013). A dominanciahatásokkal kapcsolatos egyik jellemző probléma az úgynevezett hatáskeveredés, amikor a dominanciahatások és a közös környezeti hatások összemosódnak. Az említett hatások szétválasztásához sokgenerációs adatsorra van szükség (Lee és mtsai, 2010). A témakörben Nagy és mtsai (2013b; 2014) jelentettek meg közleményeket.

A nyúltenyésztésben az első BLUP alkalmazás óta (Estany és mtsai, 1989) számos tanulmányt közöltek (Rastogi, 2000; García és Baselga, 2002a, Piles és mtsai, 2006; Nagy és mtsai, 2011a; Nagy és mtsai, 2011b; Ragab és mtsai, 2011), melyek valamennyi fontosabb fajtát és hibridvonalat érintették. A felsorolt szerzők által alkalmazott egyedmodellek azonban szerkezetüket tekintve nagyon változatosak voltak. A különböző modellek összehasonlítását csak Piles és mtsai (2006), valamint Nagy és mtsai (2011b) végezték el (többtulajdonságos, illetve ismételhetségi modellek esetében). A közlemények többségéből nem derült ki, hogyan történt az alkalmazott modellek szerkezetének meghatározása, mellyel az egyedek teljesítményét értékelték. Szintén nagyon fontos annak eldöntése, hogy milyen genetikai tényezőket kell figyelembe venni (pl. additív genetikai hatások, citoplazmatikus genetikai hatások). Ismereteim szerint a citoplazmatikus génhatások szerepét eddig nyúltenyésztésben még nem vizsgálták. Ezért a Pannon tenyésztési programban szereplő nyúl fajtákra nézve számos egyedmodellt vizsgáltam meg figyelembe véve a citoplazmatikus

génhatások szerepét is annak érdekében, hogy a teljesítményt legjobban jellemző egyedmodellt azonosítani lehessen.

Célkitűzések:

A PhD téma keretében két alapvető célkitűzést fogalmaztam meg.

Az első cél, hogy az értékelt tulajdonságokra (élve, holtan, összesen született fiókák száma) nézve meghatározzam a teljesítményt “legjobban értékelő” modelleket a Pannon tenyésztési programban szereplő fajtákra nézve (Pannon fehér, Pannon Ka, Pannon nagytestű). A második célkitűzés a dominanciahatások jelentőségének meghatározása a genetikai paraméterek becslése és a tenyészértékek becslése során.

A kísérleti hipotézis alapján a különböző egyedmodellek illesztése (a szaporasági tulajdonságokra nézve) különböző, továbbá a dominanciahatásokkal kiegészített egyedmodellek segítségével a tenyészértékek pontosabban becsülhetők.

2. Anyag és módszer

2.1. Adatbázis

Az egyes nyúlfajták vizsgálati adatait a Kaposvári Egyetem Kísérleti nyúltelepén gyűjtötték 1992-2016 (Pannon fehér), 1999-2016 (Pannon Ka), illetve 2004-2015 (Pannon nagytestű) között. Az egyes fajtákat először a citoplazmatikus hatásokat is figyelembe vevő modellel elemeztem. Mivel ezeknek nem volt hatása később a citoplazmatikus hatásokat már nem tartalmazó modellek esetében az időközben keletkezett adatokat is bevontam az értékelésbe. Ennek az lett az eredménye, hogy minden fajtában két különböző adatbázist használtam. A fajták kialakulásának történeti áttekintését, illetve a fajták részletes tenyésztési programját Matics és mtsai (2014) ismertetik.

A szaporasági adatok leíró statisztikai jellemzőit az 1. táblázatban adtam meg. A vizsgált tulajdonságok az élve született fiókák száma (NBA), a holtan született fiókák száma (NBD) és az összesen született fiókák száma (TNB) voltak.

1. Táblázat: A Pannon tenyésztési programban szereplő nyúlfajták szaporasági adatainak leíró statisztikai jellemzői

Fajta	Tulajdonság	N	Átlag	SD	Minimum	Maximum
Pannon nagytestű	NBA	5830	8,58	3,19	1	19
		5913	8,69	3,16	1	20
	NBD	6278	1,20	2,41	0	18
		5990	0,82	1,68	0	15
	TNB	6278	9,17	3,42	1	20
		5990	9,40	3,32	1	21
Pannon fehér	NBA	21060	8,54	3,04	1	19
		20227	8,54	3,04	1	19
	NBD	21060	0,43	1,10	0	15
		20227	0,43	1,10	0	15
	TNB	21060	8,97	3,07	1	19
		20227	8,97	3,08	1	19
Pannon Ka	NBA	15146	9,23	3,17	1	20
		13847	9,27	3,12	1	20
	NBD	15833	0,72	1,92	0	17
		13852	0,43	1,14	0	15
	TNB	15801	9,57	3,28	1	21
		13847	9,70	3,16	1	21

NBA – élve született fiókák száma, NBD – holtan született fiókák száma, TNB – összesen született fiókák száma, SD - szórás

2. Táblázat: A Pannon tenyésztési programban szereplő nyúlfajták családfájának jellemzői

Fajta	Periódus	Egyed	Bak	Anyá
Pannon nagytestű	2004-2015	3664	686	1469
Pannon fehér	1992-2016	8545	1414	4926
Pannon Ka	1999-2016	5543	1096	3691

2.2. Molekuláris analízisek

2.2.1. mintavétel

Az anyai vonalak meghatározásához és a molekuláris analízishez használható minták kiválasztásához a MaGelLan 1.0 szoftver mag_sampl modulját (Ristov et al. 2016; [https://github.com /ristov/magellan.](https://github.com/ristov/magellan)) használtuk. Az analízist ugyanezen szoftver által korábban korrigált pedigren hajtottuk végre. A Pannon nagytestű, Pannon Ka és Pannon fehér fajtákban rendre hat, kettő és négy vonalat találtunk. Az azonosított vonalokból néhány kiválasztott egyed vérmintáját használtuk a molekuláris vizsgálatokhoz. Ezen a módon az anyai vonalak szegregációját tudtuk ellenőrizni.

2.2.2. Molekuláris analízis

31 Pannon Ka, 25 Pannon nagytestű és 22 Pannon fehér vérminta DNS kivonását NucleoSpin Blood készlettel (Macherey-Nagel GmbH & Co. KG, Germany) végeztük el. A 332 bp hosszúságú mitokondriális DNS-hurok sokszorosításához használt primerek a következők voltak: 5'-CACCATCAGCACCCAAAG-3' (Melo-Ferreira et al., 2007), 5'-ATTTAAGAGGAACGTGTGGG-3' (Pierpaoli et al., 1999). Mindegyik primer koncentrációja 0.2 μ M volt. A reakciót 25 μ l végtérfogatban végeztük, Emerald AMP GT PCR Master Mix (Takara Bio Inc, Japan) alkalmazásával, a gyártó előírásai szerint. A sokszorosítást iCycler (Biorad, Germany) készülékben hajtottuk végre a következő körülmények beállításával; kezdeti denaturáció 95 °C-on 5 percig, melyet 38 ciklus (95 °C-on 45 másodperc, 52 °C-on 45 másodperc, 72 °C-on 1 perc) követett. Utolsó lépésként 72°C-on 1 percig tartottuk a reakciót. A PCR terméket Wizard SV Gel és PCR Clean-Up készlettel (Promega, USA) tisztítottuk, majd BigDye szekvenáló készlettel mindkét oldalról, ABI PRISM® 3100-Avant Genetic Analyzer készülékkel, meghatároztuk a szekvenciáját. A szekvenáló primerek a korábban leírt primerek voltak. A szekvenciákat MEGA 7 (Kumar et al., 2015) szoftverrel vizualizáltuk és illesztettük. A haplotípusokat DNA Sp 5.10 (Librado and Rozas, 2009) szoftverrel azonosítottuk, míg a median-joining hálózatot (Bandelt et al., 1999) PopART (Leigh and Bryant, 2015; <http://popart.otago.ac.nz>) szoftver segítségével határoztuk meg.

A pannon nyulak mitokondriális D-hurok szekvenciáit GeneBank adatbázisban helyeztük el KY977609-KY977686 azonosítók alatt.

2.2.3. Anyai származás igazolása (anyai vonalak szegregációjának ellenőrzése a származási adatok függvényében)

Eredetileg kettő-kettő haplotípust (H1 és H2) azonosítottunk a Pannon nagytestű és a Pannon fehér, illetve egy haplotípust (H1) azonosítottunk a Pannon Ka populációban. A MaGelLan 1.0 Mag_Stat moduljával további mitokondriális szekvenciákat rendeltünk az anyai vonalokhoz majd a Mag_verif modullal igazoltuk a vonalak pedigre szerinti szegregációját. Egyetlen ellentmondást találtunk a Pannon nagytestű fajta pedigre adatai között, ahol egy H2 haplotípussal jellemzett egyed (13-20188 (YOB 2013)) nem illeszkedett bele három szekvenált egyed származási adatai közé. Az azonosítás, Mag_con_demo modul használatát követően (Čačić et al., 2014) az ellentmondást mutató egyed kizárása után csak a H1 haplotípus volt megtalálható a Pannon nagytestű fajtában. Így a két haplotípus (H1 és H2) alomszám, illetve növekedési tulajdonságok szerinti összehasonlítására csak a PW fajtát használtuk.

2.3. Modellek

2.3.1. Additív genetikai és citoplazmatikus hatásokat figyelembe vevő modellek szerkezete és illesztésvizsgálata

A citoplazmatikus hatások figyelembe vételéhez hét különböző modellt használtam, melyek szerkezetét a 3. táblázatban adtam meg. A vizsgált alomnagysággal kapcsolatos modellek szerkezetének kialakításakor támaszkodtam Nagy és mtsai (2013a; 2013b) közleményeire. A figyelembe vett környezeti tényezők a fialási sorszám (4), év-hónap (Pannon nagytestű: 101; Pannon fehér: 246; Pannon Ka: 185), az anyák és az almok beltenyésztési együtthatói voltak. Az egyedhatást, illetve tartós környezeti hatást, továbbá a citoplazmatikus hatásokat random hatásként kezeltem. Az úgynevezett “ősanya” modellt (Boettcher és mtsai., 1996c, Boettcher és mtsai, 1997; Snowden és mtsai., 2004) az anyai és apai oldalról egyaránt alkalmaztam, ami azzal indokolható, hogy a mitogenom mutációk a bakok fertilitását (ezen keresztül az alomnagyságot) jelentősen befolyásolják (Ruiz-Pesini et al. és mtsai, 2000; John és mtsai, 2005; Kumar és Sangeeta, 2009). Az 5., 6., és 7. modellek segítségével meghatároztam a különböző haplotípusok (Hap-1 és Hap-2) közti különbségeket a Pannon fehér nyúlfajtára nézve.

Az alkalmazott modellek szerkezetét leíró egyenlet:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

ahol: y = megfigyelések vektora, b = környezeti hatások vektora, a = additív genetikai hatások vektora, p = tartós környezeti hatások vektora, e = reziduális hatások vektora, X , Z , W sorrendben a környezeti tényezők, additív genetikai hatások és a tartós környezeti hatások előfordulási mátrixa. Az anyák és az almok beltenyésztési együtthatóinak (sorrendben F_{Dam} és F_{Litter}) meghatározásához az ENDOG 4.8 szoftvert (Gutiérrez és Goyache 2005) alkalmaztam.

3. Táblázat: A citoplazmatikus hatások vizsgálatához alkalmazott modellek szerkezete

Modellek	1	2	3	4	5	6	7
Környezeti hatások							
Fialási sorszám	x	x	x	x	x	x	x
Év-hónap	x	x	x	x	x	x	x
F_{Dam} (kovariáns)	x	x	x	x	x	x	x
F_{Litter} (kovariáns)	x	x	x	x	x	x	x
Random hatások							
Tartós környezeti hatások	x	x	x	x	x	-	x
Additív genetikai hatás	x	x	x	x	x	-	x
“Ősanya” (anyai oldalról)	-	x	-	x	-	-	-
“Ősanya” (apai oldalról)	-	-	x	x	-	-	-
Anyák haplotípusa	-	-	-	-	x	-	x
Bakok haplotípusa	-	-	-	-	-	x	x

F_{Dam} anyák beltenyésztési együtthatója F_{Litter} almok beltenyésztési együtthatója

A tenyészállatok származása a pedigrében van rögzítve. Mivel nem minden alomból választanak ki egyedet tenyészállatnak, az almok beltenyésztési együtthatójának kiszámításához a bakok és anyák fűlszámának egyesítésével mesterségesen fűlszámot generáltam az egyes almoknak. Ezek alapján az említett beltenyésztési együttható kiszámíthatóvá vált. A modellek illesztésvizsgálatához a PEST szoftver PREDICTION eljárását alkalmaztam (Groeneveld, 1990), amely alapján az átlagos négyzetes hiba (MSE), kiszámítható. A modellek illesztésvizsgálatához az Akaike-féle információs kritériumot (AIC) is meghatároztam Posta (2008) útmutatása alapján.

$$MSE = \frac{1}{n} \sum (\hat{y}_i - y_i)^2; AIC = -2 * \log(\text{maximum likelihood}) + 2 * (\text{model paraméterek száma})$$

Ahol: \hat{y}_i and y_i sorrendben a becsült és mért fenotípusos érték. A becsült fenotípusos értéket a BLUP által becsült környezeti hatások értékei alapján lehet előállítani. A legjobb illesztést a legkisebb MSE, illetve AIC értékek jelzik.

2.3.2 Additív genetikai és citoplazmatikus hatásokat nélkülöző modellek szerkezete és illesztésvizsgálata

Egytulajdonságos egyedmodelleket alkalmazva a Pannon nyulak NBA, NBD és TNB értékeinek genetikai paramétereinek, illetve genetikai trendjeinek meghatározásához a REML és BLUP eljárásokat használtam, a PEST (Groeneveld, 1990) és VCE6 (Groeneveld, et al., 2008) szoftverek alkalmazásával. A rendelkezésre álló környezeti tényezők alapján 12 különböző modellt vizsgáltam (4. táblázat) meghatározva az additív genetikai, tartós környezeti és reziduális variancia-komponenseket, illetve a tenyésztértékeket.

4. Táblázat: A citoplazmatikus hatásokat nélkülöző modellek szerkezete

	Modellek											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Környezeti hatások												
Fialási sorszám	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Kor	-	x	-	-	x	-	-	x	-	-	x	-
Kor_négyzete	-	-	x	-	-	x	-	-	x	-	-	-
Év	x	x	x	x	x	x	-	-	-	-	-	x
Hónap	x	x	x	-	-	-	-	-	-	-	-	x
Évszak	-	-	-	x	x	x	-	-	-	-	-	-
Év_hónap	-	-	-	-	-	-	x	x	x	-	-	-
Év_évszak	-	-	-	-	-	-	-	-	-	x	x	-
Random hatások												
Additív genetikai hatás	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Tartós környezeti hatás	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x

Fialási sorszám: anya fialási sorszáma; Kor: anya életkora fialáskor; Kor_négyzete: anya korának négyzete fialáskor; Év: a fialás éve; Hónap: a fialás hónapja; Évszak: a fialás évszaka; Év_hónap: az összevont fialási év és hónap; Év_évszak: az összevont fialási év és évszak

Az alkalmazott modellek szerkezetét leíró egyenlet:

$$y = Xb + Zpe + Wa + e$$

ahol az egyenlet elemei megegyeznek a 2.3.1. pontban megadottakkal.

2.3.3 Nem additív modellek

A legjobb illesztéssel rendelkező modellek meghatározása után, azokat a dominanciahatásokkal egészítettem ki, mely Hoeschele and VanRaden (1991) alapján a családok modellbe építésével lehetséges:

$$y = Xb + Zpe + Wa + Uc + e$$

ahol: c – a családhatások vektora (a dominanciát ebből lehet kiszámítani), U – a családhatások előfordulási mátrixa. A többi hatás egyenlő a 2.3.1. pontban megadottakkal. A dominancia variancia-komponens a család alapján meghatározott érték négyszerese $V_D = 4V_C$. Az egyes variancia komponensek hányadát (a fenotípusos varianciához viszonyítva szintén kiszámoltam ($h^2, d^2, p^2; V_P = V_{Pe} + V_A + V_D + V_E$). A reziduális variancia eredményét korrigálni kellett a dominancia variancia használata miatt ($V_E - 3/4 V_D$).

2.4. Genetikai trendek

A genetikai trendek számításához az egyes években született nyulak tenyésztértékeit átlagoltam, majd az átlag tenyésztértékeket lineáris regresszióval illesztettem a születési évekre. A kapott regressziós együtthatók statisztikai összehasonlítását Mead és mtsai (1993) alapján végeztem el.

$$F = \frac{[RSS(a, b) - RSS(a_1, b_1, a_2, b_2)]/2}{RSS(a_1, b_1, a_2, b_2)/(n_1 + n_2 - 4)}$$

Ahol: F próbastatisztika alapján vizsgáltam a nullhipotézist, mely szerint a két regressziós együttható nem különbözik. $RSS(a,b)$ a becslési hiba okozta négyzetes eltérés az összevont adatok (1, 2) alapján, ahol a szabadságfok = 2. $RSS(a_1,b_1,a_2,b_2)$ a becslési hiba okozta négyzetes eltérések összege a két adatállomány alapján, ahol a szabadságfok = $(n_1-2) + (n_2-2)$. n_1 és n_2 az adatpárok száma az első és a második adatsorban.

2.5. A tenyésztértékek stabilitása

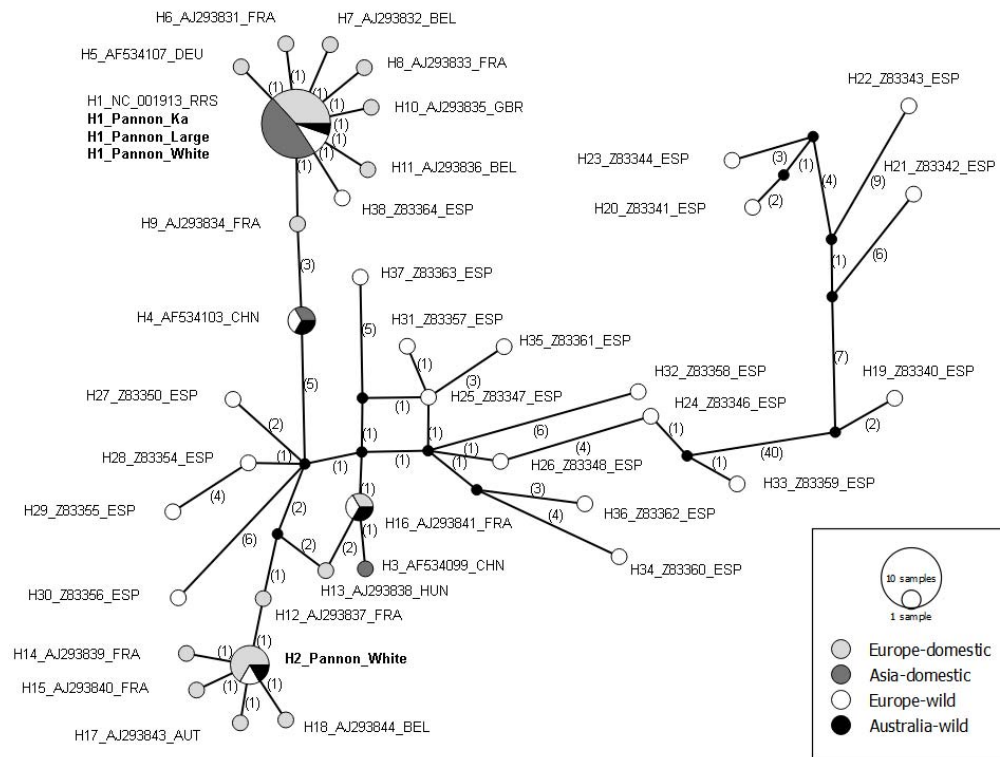
Nagy és mtsai (2013b) által közöltekot követve az egyes modellekkel becsült tenyésztértékek stabilitásának meghatározásához a Spearman-féle rangkorrelációs együtthatót használtam. A

tenyésztékek stabilitását úgy is kiválasztottam, hogy modellenként azonosítottam a 100-100 legjobb egyedet (BLUP tenyészték alapján), majd ezekből modell páronként meghatároztam a közös egyedek számát.

3. Eredmények

1. A mitokondriális DNS diverzitás vizsgálat és a modellillesztés eredményei

A vizsgált Pannon nyúlajtáknál megbecsültem a mitokondriális DNS (D-loop) hatását az alomnagysággal kapcsolatos tulajdonságokra nézve. A nemzetközi nyúltenyésztésben eddig ilyen vizsgálatot nem végeztek. A kapott eredmények alapján a mitokondriális DNS a vizsgált tulajdonságokat érdemben nem befolyásolta. A kapott eredményeket a mitokondriális DNS csekély variációjá magyarázhatja.



1. **Ábra:** A domesztikált és vadonélő nyulak haplotípusainak grafikus ábrázolása

2. Additív genetikai és citoplazmatikus hatásokat nélkülöző modellek alkalmazásával kapott eredmények

- A becsült öröklődhetőségek valamennyi vizsgált tulajdonság esetében kis értékeket mutattak (Pannon nagytestű - NBA: $0,07-0,08 \pm 0,018-0,021$; NBD: $0,01-0,02 \pm 0,009$; TNB: $0,04-0,05 \pm 0,015-0,018$; Pannon fehér – NBA: $0,06-0,07 \pm 0,01$; NBD: $0,019-0,020 \pm 0,003-0,004$; TNB: $0,07 \pm 0,01$; Pannon Ka – NBA: $0,07-0,09 \pm 0,01$; NBD: $0,03 \pm 0,01$; TNB: $0,07-0,10 \pm 0,01$).

A tartós környezeti hatások nagysága meghaladta az öröklődhetőségi értékeket (Pannon nagytestű - NBA: $0,11-0,16 \pm 0,018$; NBD: $0,06-0,07 \pm 0,014-0,015$; TNB: $0,11-0,17 \pm 0,014-0,017$; Pannon fehér – NBA: $0,07-0,09 \pm 0,01$; NBD: $0,06-0,07 \pm 0,008-0,013$; TNB: $0,07-0,010 \pm 0,01$; Pannon Ka – NBA: $0,07-0,11 \pm 0,01$; NBD: $0,02-0,03 \pm 0,01$; TNB: $0,07-0,11 \pm 0,01$).

A legjobb illesztésű modellek (melyek a fialási sorszámot, az életkort és a fialási év-hónapot tartalmazták) meghatározása után azokat a dominancia hatásokkal egészítettem ki.

3. Nem additív modellek és genetikai trendek

- A kiegészítés hatására az öröklődhetőségek kisebb értékeket vettek fel (Pannon nagytestű - NBA: $0,06 \pm 0,028$; NBD: $0,02 \pm 0,012$; TNB: $0,02 \pm 0,022$; Pannon fehér – NBA: $0,06 \pm 0,01$; NBD: $0,02 \pm 0,02$; TNB: $0,06 \pm 0,01$; Pannon Ka – NBA: $0,06 \pm 0,01$; NBD: $0,02 \pm 0,01$; TNB: $0,06 \pm 0,80$).

- A tartós környezeti hatások nagysága szintén csökkent (Pannon nagytestű - NBA: $0,09 \pm 0,031$; NBD: $0,05 \pm 0,024$; TNB: $0,07 \pm 0,028$; Pannon fehér – NBA: $0,08 \pm 0,01$; NBD: $0,008 \pm 0,01$; TNB: $0,08 \pm 0,001$; Pannon Ka – NBA: $0,08 \pm 0,01$; NBD: $0,01 \pm 0,01$; TNB: $0,09 \pm 0,87$).

- Az esetek többségében a dominanciahatások nagysága meghaladta az öröklődhetőségi értékeket (Pannon nagytestű - NBA: $0,27 \pm 0,024$; NBD: $0,05 \pm 0,013$; TNB: $0,38 \pm 0,025$; Pannon fehér – NBA: $0,09 \pm 0,01$; TNB: $0,08 \pm 0,001$; Pannon Ka – NBA: $0,16 \pm 0,01$; NBD:

0,1±0,01; TNB: 0,15±0,69). Kivétel volt ez alól a holtan született fiókák száma, ahol a kapott dominanciahatás nagysága kisebb volt (0,01±0,002), mint az öröklődhetőség.

- A dominanciahatás bevezetésekor a kapott eredmények alapján az egyes variancia-komponensek között enyhe hatáskeveredés volt tapasztalható (Pannon nagytestű – NBA: 0,035 vs 0,03; NBD: -0,0017 vs -0,003; TNB: 0,016 vs 0,01 Pannon fehér – NBA: 0,027 vs 0,026; NBD: 0,0003 vs -0,0004; TNB: 0,0258 vs 0,0255; Pannon Ka – NBA: 0,05 vs 0,06, NBD: -0,001 vs -0,0016; TNB: 0,06 vs 0,07).

4. Tenyésztékek stabilitása

- A Spearman-féle rangkorrelációk minden fajta valamennyi vizsgált tulajdonságában szorosak voltak (Pannon nagytestű – 0,96-0,98; Pannon fehér – 0,99; Pannon Ka – 0,98-0,99). A dominancia hatások modellbe történő beillesztése után a legjobb tenyésztékű egyedek között a tenyészállatok sorrendje valamelyest megváltozott.

4. Következtetések és javaslatok

1. A vizsgált Pannon nyúlfajtáknál megbecsültem a mitokondriális DNS (D-loop) hatását az alomnagysággal kapcsolatos tulajdonságokra nézve. A nemzetközi nyúltenyésztésben eddig ilyen vizsgálatot nem végeztek. A kapott eredmények alapján a mitokondriális DNS a vizsgált tulajdonságokat érdemben nem befolyásolta.

2. A genetikai paraméterek a 12 alkalmazott modell alapján változékonyságot mutattak, a legjobb illesztésű modellek a fialási sorszámot, az életkort és a fialási év-hónapot tartalmazták.

3. A Pannon nyúlfajták esetében a becsült öröklődhetőségek minden tulajdonságban kis értékeket mutattak. A tartós környezeti hatások nagysága meghaladta a h^2 értékeket.

4. A dominanciahatások nagysága hatások nagysága az esetek többségében a kapott öröklődhetőségi értékeket meghaladta (kivéve a Pannon fehér nyulak holtan született fiókaszámanál). Összességében a dominanciahatások modellbe történő beillesztése indokolt.

5. A dominanciahatások mellőzése az additív genetikai variancia és a genetikai trendek felülbecsléséhez vezetett (a variancia-komponensek keveredést mutattak). Az additív és nem additív modellek alapján becsült tenyésztértékek között a Spearman-féle rangkorreláció alapján szoros összefüggés (0,96-0,99) volt a vizsgált fajták valamennyi tulajdonságában. A legjobb tenyésztértékű nyulak esetében a tenyészállatok sorrendje valamelyest megváltozott

Összességében megállapítható, hogy a dominanciahatások fontosak és ezeket indokolt szerepeltetni a tenyésztértékbecslés során. Ennek hiányában hatáskeveredés várható, illetve a becsült tenyésztértékek pontossága csökkenhet. Ugyanakkor figyelembe kell venni, hogy a hatások pontos becsléséhez nagy adatbázisra van szükség és az édestestvérek arányának jelentősnek kell lennie. A szükséges számítógépes kapacitásigény jelentős.

5. Új tudományos eredmények

1. A legjobb illesztésű modellek a fialási sorszámot, az életkort és a fialási év-hónapot tartalmazták, melyek alapján célszerű meghatározni a Pannon nyulak alomnagysággal kapcsolatos tulajdonságainak genetikai paramétereit, illetve tenyészértékeit.
2. A becsült öröklődhetőségek valamennyi vizsgált tulajdonság esetében kis értékeket mutattak (Pannon nagytestű - NBA: $0,07-0,08 \pm 0,018-0,021$; NBD: $0,01-0,02 \pm 0,009$; TNB: $0,04-0,05 \pm 0,015-0,018$; Pannon fehér – NBA: $0,06-0,07 \pm 0,01$; NBD: $0,019-0,020 \pm 0,003-0,004$; TNB: $0,07 \pm 0,01$; Pannon Ka – NBA: $0,07-0,09 \pm 0,01$; NBD: $0,03 \pm 0,01$; TNB: $0,07-0,10 \pm 0,01$).
3. A dominanciahatások nagysága az alábbi értékeket mutatta: Pannon nagytestű - NBA: $0,27 \pm 0,024$; NBD: $0,05 \pm 0,013$; TNB: $0,38 \pm 0,025$; Pannon fehér – NBA: $0,09 \pm 0,01$; NBD: $0,01 \pm 0,002$; TNB: $0,08 \pm 0,001$; Pannon Ka – NBA: $0,16 \pm 0,01$; NBD: $0,1 \pm 0,01$; TNB: $0,15 \pm 0,69$.
4. A becsült genetikai trendek értéke viszonylag csekély volt: Pannon nagytestű - NBA: $0,06 \pm 0,028$; NBD: $0,02 \pm 0,012$; TNB: $0,02 \pm 0,022$; Pannon fehér – NBA: $0,06 \pm 0,01$; NBD: $0,02 \pm 0,02$; TNB: $0,06 \pm 0,01$; Pannon Ka – NBA: $0,06 \pm 0,01$; NBD: $0,02 \pm 0,01$; TNB: $0,06 \pm 0,80$. A Spearman-féle rangkorrelációk minden fajta valamennyi vizsgált tulajdonságában szorosak voltak (Pannon nagytestű – $0,96-0,98$; Pannon fehér – $0,99$; Pannon Ka – $0,98-0,99$).

6. A disszertáció témaköréből megjelent publikációk

Idegen nyelven megjelent tudományos közlemények

Nguyen T.N., Nagyné Kiszlinger H. (2016): Dominance effects in domestic populations. *Acta Agraria Kaposváriensis*, 20: 1-20.

Nguyen T.N., Farkas J., Szendrő Zs., Nagy I. (2017): Genetic evaluation of litter size traits in Pannon Large rabbits. *Anim. Sci. Papers and Reports (In Press)*, 35: 181-192.

Nguyen T.N., Farkas J., Szendrő Zs., Nagy I. (2017): Genetic Evaluation of litter size traits in Pannon White rabbits. *Agric. Conspec. Sci.*, (accepted).

Nguyen T.N., Brajkovic V., Cubric-Curik V., Ristov S., Veir Z., Szendrő Zs., Nagy I., Curik I. (2017): Analysis of the impact of cytoplasmic and mitochondrial inheritance on litter size and carcass in rabbits. *World Rabbit Sci.*, (under review).

Proceedings-ben teljes terjedelemben megjelent közlemények

Nguyen T.N., Farkas J., Matics Zs., Nagy I. (2016): Comparisons of animal models evaluating the litter traits of the pannon large rabbits. 28. Nyultenyészteszi Tudományos Nap, Kaposvar, 33-38.

Nguyen T.N., Curik I., Farkas J., Szendrő Zs., Nagy I. (2017): Genetic Evaluation of litter size traits in Pannon Ka rabbits. *Animal Science Days, Brandlucken, Austria* (under review).

A disszertáció témakörén kívüli publikációk

Nagyné Kiszlinger H., Nguyen T.N., Farkas J., Kover G., Nagy I. (2015): Genetic parameters and breeding value stability estimated from a joint evaluation of purebred and crossbred sows for litter weigh at weaning. *Acta Agraria Kaposvariensis*, 19: 1-7.



Agriculturae Conspectus Scientificus :: Poljoprivredna znanstvena smotra :: Since 1887

ISSN 1331-7768 (print) :: ISSN 1331-7776 (online) :: <http://acs.agr.hr/>

Editorial Board: University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Svetošimunska 25, HR-10000 Zagreb, Croatia :: e-mail: acs@agr.hr

Zagreb, May 11th, 2017

Dr. István Nagy

University of Kaposvár

40 Guba S. str., H-7400 Kaposvár, Hungary

Dear Dr. Nagy

I am glad to inform you that your manuscript No. 1221 entitled "Genetic evaluation of litter size traits in Pannon White rabbits" has been accepted for publication in Agriculturae Conspectus Scientificus as an Original Scientific Paper.

Thank you for your interest in Agriculturae Conspectus Scientificus. I am looking forward to collaborating with you in the future.

Kind regards,

Professor Zlatko Šatović

ACS Editor in Chief

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'Zlatko Šatović'.

Prof. dr. sc. Zlatko Šatović

ACS Editor in Chief