

MTA DOKTORI ÉRTEKEZÉS

**KVANTITATÍV GENETIKAI VIZSGÁLATOK
MULTIPARA ÁLLATFAJOKBAN**

DR. NAGY ISTVÁN
Ph.D., mezőgazdaságtudomány

KAPOSVÁR
2016

Tartalom

1. BEVEZETÉS	4
1.1 Előzmények.....	4
1.2. Célkitűzés.....	5
2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS	5
2.1 A sertés nemzetközi és hazai gazdasági jelentősége	5
2.2 A nyúl nemzetközi és hazai gazdasági jelentősége	6
2.3. A sertés és nyúltenyésztés fontosabb értékmérő tulajdonságai	6
2.3.1. Reprodukciós értékmérő tulajdonságok	6
2.3.2. Növekedési értékmérő tulajdonságok	11
2.3.3. Vágási tulajdonságok.....	14
2.4. A hazai sertésállomány genetikai értékelésének történeti áttekintése.....	15
2.5. A Kaposvári Egyetemen nemesített nyúlállományok kialakításának és genetikai értékelésének történeti áttekintése.	21
2.6. A genetikai variabilitás tenyésztési módszerekkel történő megőrzése	23
2.6.1. A populáción belüli genetikai variabilitást kifejező paraméterek	24
2.6.1.1. A pedigré alapján számított Wright-féle beltenyésztési együttható (F)	24
2.6.1.3. A pedigré alapján számított parciális beltenyésztési együttható (pF)	24
2.6.2. A populációk közötti genetikai variabilitást kifejező paraméterek	27
3. ANYAG ÉS MÓDSZER	27
3.1. Vizsgált állományok, értékelt tulajdonságok.....	27
3.1.1. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságai	27
3.1.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságai.....	28
3.1.3. Pannon fehér nyúlállomány reprodukciós, értékmérő tulajdonságai.....	28
3.2. Statisztikai analízis	28
3.2.1. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságainak leíró statisztikai jellemzése	28
3.2.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságainak leíró statisztikai jellemzése	46
3.2.3. Pannon fehér nyúlállomány reprodukciós értékmérő tulajdonságainak leíró statisztikai jellemzése.....	46
3.3. Genetikai paraméterbecslés és tenyészértékbecslés.....	47
3.3.1. Sertés állományok reprodukciós értékmérő tulajdonságainak genetikai paraméterbecslése és tenyészértékbecslése	47
3.3.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságainak genetikai paraméterbecslése és tenyészértékbecslése	57
3.4. Pedigréanalízis.....	58
3.4.1. Pannon fehér nyúlállomány pedigréanalízise	58

3.5. Beltenyésztéses leromlás	58
3.5.1. Pannon fehér nyúlállomány állomány reprodukciós értékmérő tulajdonságaiban tapasztható beltenyésztéses leromlás becslése	59
4. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK	60
4.1. Genetikai paraméterek	60
4.1.1. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságainak genetikai paramétei	60
4.1.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságainak genetikai paramétei	79
4.2. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságait értékelő egyedmodellek illesztésvizsgálata	84
4.3. Tenyésztérbecslés	85
4.3.1. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságainak tenyésztérbecslése	85
4.3.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságainak tenyésztérbecslése	95
4.4. Pedigréanalízis	96
4.4.1. Pannon fehér nyúlállomány pedigréanalízise	96
4.5. Beltenyésztéses leromlás	101
4.5.1. Pannon fehér nyúlállomány állomány reprodukciós értékmérő tulajdonságaiban tapasztható beltenyésztéses leromlás becslése	101
5. ÖSSZEFOGLALÁS	105
6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	106
7. GYAKORLATBAN HASZNOSÍTHATÓ EREDMÉNYEK	108
8. IRODALOMJEGYZÉK	109
9. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS	125
10. Mellékletek	126

1. BEVEZETÉS

A kvantitatív genetikai módszereit az állattenyésztők több évtizede folyamatosan alkalmazzák annak érdekében, hogy a vizsgált állományban az aktuálisan javítandó tulajdonságokban (tenyészcél) generációról generációra a lehető legnagyobb előrehaladást lehessen elérni. A különböző, gazdasági szempontból jelentős - úgynevezett értékmérő - tulajdonságok genetikai paramétereinek meghatározásával (pl. öröklődhetőségi érték, genetikai korrelációs együttható) egyértelművé válik, hogy a tenyésztői munka során melyek azok az eljárások (pl. sajátjeljesítmény-vizsgálat, ivadékteljesítmény-vizsgálat), amelyek megfelelő eredménnyel kecsegtetnek.

Állatnemesítési szempontból az elmúlt évszázad vélhetően legjelentősebb teljesítménye volt a Legjobb Lineáris Torzítatlan Becslés (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP) módszer kidolgozása, melynek segítségével a tenyészcél alapján legjobb egyedek az adott állományban hatékonyan kiválogathatók. Ezzel egy időben a javítandó tulajdonságot befolyásoló környezeti tényezők jelentőségéről is pontos információt kapunk, és a becslést torzító hatásukat kiküszöbölhetjük.

Annak ellenére, hogy a BLUP módszert Charles Henderson már az 1970-es években kidolgozta, a gyakorlati alkalmazása csak az 1990-es évektől vált lehetségessé, ugyanis ekkora készültek el a hozzá szükséges szoftverek.

A módszer elterjedésével a BLUP szinte valamennyi gazdasági állatfaj esetében a szelekció legfontosabb eszközévé vált. A módszer alkalmazása, kedvező sajátosságainak köszönhetően általában jelentős szelekciós előrehaladást eredményezett, azonban a nem kellő körültekintéssel végzett BLUP tenyészérték alapú szelekciónak kedvezőtlen hatásai is lehetnek. Ilyen például a genetikai variabilitás jelentős csökkenése, a beltenyésztési együttható, illetve beltenyésztési ráta gyors emelkedése, valamint az ezzel gyakran együtt járó beltenyésztéses leromlás.

1.1 Előzmények

Kutatómunkám során az 1990-es évek közepétől kezdtem foglalkozni a kvantitatív genetikai állattenyésztési alkalmazásával. PhD hallgatóként a magyar merinó állományt elsőként értékeltem egyedmodell alkalmazásával (Nagy és mtsai, 1999a). A PhD fokozat megszerzését (Nagy, 2000) követően 2000-től a hazai fajtatiszta sertésállományok majd 2004-től ezzel párhuzamosan a Pannon Nyúltenyésztési Programban szereplő nyúlajták genetikai értékelését végzem.

A magyar sertésajták genetikai értékelésével kapcsolatban a legfontosabb szempont az volt, hogy a hazai tenyésztői körben a BLUP módszerrel szemben megfigyelhető bizalmatlan hozzáállást (melyet leginkább az információhiány okozott) megszüntessük. A fontosabb kutatott területek a tenyészetek kapcsoltsága, a BLUP tenyészértékek lehetséges torzítottsága, a közvetlenül mérhető, valamint a több tulajdonság alapján képzett értékmérő tulajdonságok genetikai sajátosságainak vizsgálata voltak. A BLUP módszerrel kapcsolatos kutatások összességében eredményesek voltak, hiszen Magyarországon 2008 január elsejétől a teljesítményvizsgálatok értékelését hivatalosan BLUP módszer alapján végzik. A Pannon Nyúltenyésztési Program keretében a világon egyedülálló módon az izom (húsmennyiség) növelésére végzünk szelekciót a Kaposvári Egyetemen nemesített Pannon fehér és Pannon nagytestű fajtákban. A Pannon Ka, a Pannon fehér és Pannon nagytestű nyúlajtáknak a

tenyésztési programjában a tenyészértékbecslésért vagyok felelős, ezen kívül nemesítőként vettem részt a Pannon nagytestű nyúlfajta létrehozásában.

1.2. Célkitűzés

Az értekezéshez kapcsolódó kvantitatív genetikai vizsgálatok céljai az alábbiak voltak:

- Különböző modellvariációk kidolgozása és összehasonlítása a hazai fajtatiszta és keresztezett sertésállományok, valamint a Pannon Nyúltenyésztési Programban szereplő nyúlfajták szelekciós kritérium (szaporasági, növekedési, vágási, illetve húsminőségi) tulajdonságaira nézve.
- A modellvariánsok alapján a vizsgált állományokra, illetve tulajdonságokra genetikai paraméterek, tenyészértékek, illetve genetikai trendek becslése.
- A Pannon fehér nyúlfajtában végzett szelekció populációszerkezetre kifejtett hatásának értékelése pedigreanalízis alapján.

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1 A sertés nemzetközi és hazai gazdasági jelentősége

A sertéságazat nemzetközi és hazai szinten egyaránt jelentős. 2013-ban a világ sertéslétszáma közel egymilliárd (977 millió) volt. Ebben az évben a világ sertésállományának legnagyobb hányadát (60,2%) Ázsia területén tartották. A kontinensek közül sertéslétszámban Európa volt a második legjelentősebb (184 millió). Amerikában az európai létszámot megközelítő volt a sertéslétszám (164 millió), míg Afrikában (35 millió), illetve Óceániában (5,2 millió) a többi kontinenshez viszonyítva a sertéslétszámok lényegesen kisebbek voltak. A 2013-as adatok alapján világ teljes sertésállományának közel kétharmadát (63%) négy országban tartották, melyek közül a legjelentősebb volt Kína (482 millió), ezt követte az Amerikai Egyesült Államok (65 millió), Brazília (39 millió) és Németország (28 millió) (FAOSTAT, 2014). 2013-ban Magyarországon a sertéslétszám 2,935 millió volt (ebből 187 ezer koca), ami a világon található összlétszámnak mintegy 0,3%-a (Novozánszky, 2014). A hazai sertéslétszám 2002 és 2013 között folyamatos csökkenést mutatott és 2002 decemberhez képest (5,08 millió) közel a felére csökkent. Ez a csökkenő tendencia remélhetően megszűnik és a 2012-ben elindított sertésprogram hatására a sertésállomány a jövőben növekedni fog. A program pozitív hatása már a 2014. december 1-én közölt hazai sertéslétszámban is érzékelhető volt, hiszen az (3,136 milliós állomány, a kocalétszám 200 ezer) a 2013 decemberi állományt 131 ezerrel haladta meg (KSH, 2015). A kocalétszámnak mintegy 15%-a áll törzskönyvi ellenőrzés alatt. Az ellenőrzött kocaállomány nagyrésze (66%) magyar nagy fehér hússertés, magyar lapálysertés, illetve ezek keresztezéséből származó úgynevezett F₁ koca. A mangalica aránya az ellenőrzött kocaállományban 23%. A Topigs hibrid, illetve a Rattlerow Seghers hibridkonstrukciók az összes ellenőrzött kocaállomány 4,6 és 6%-át adják (Novozánszky, 2014).

A termelt sertéshús mennyisége az állatlétszámokhoz hasonló tendenciát mutatott. 2012-ben a világ összes sertéshústermelésének Ázsia adta az 55,5%-át (60,6 millió tonna). Európa 25%-kal (27,2 millió tonna) a második legjelentősebb termelő volt. Amerika a termelt sertéshús mennyiségét tekintve elmaradt Európához képest és az össztermelésnek mintegy 18%-ával

rendelkezett 2012-ben (19,6 millió tonna). Afrika (1,1%) és Óceánia (0,5%) hústermelése a többi kontinenshez viszonyítva jelentéktelen. 2012-ben a világ össztermelésének 63%-át négy ország adta (Kína 49 millió tonna, Amerikai Egyesült Államok 10,55 millió tonna, Németország 5,47 millió tonna és Brazília 3,46 millió tonna). Magyarország 2012-es sertéshústermelése mintegy 394 ezer tonna volt, ami a világ termelésének 0,36%-a (FAOSTAT, 2014). A hazai húsfogyasztásban a sertéshús jelentős szerepet játszik. 2012-ben az egy főre jutó sertéshúsfogyasztás 24,5 kg volt (KSH, 2014), ami az összes hazai húsfogyasztás 43,4%-a volt. Ez alig marad el a baromfihús 2012. évi egy főre jutó átlagos fogyasztásától (25,4 kg), míg jelentősen meghaladja a marhahús (2,4 kg), a hal (3,5 kg), illetve az egyéb állatok (ló, juh, nyúl) húsnak (2,0 kg) fogyasztást (KSH, 2014).

2.2 A nyúl nemzetközi és hazai gazdasági jelentősége

A világ nyúlhústermelése 2013-ban mintegy 1,74 millió tonna volt (FAOSTAT, 2014). A sertéshústermeléshez hasonlóan ennek több mint felét (50,8%) Ázsiában állították elő. Európa, illetve Amerika nyúlhústermelése 2013-ban a világ össztermelésének sorrendben 27,4%-át, illetve 17%-át tette ki. Ezzel szemben (összhangban a sertéshústermelésnél megfigyelt tendenciákkal) Afrika nyúlhústermelése a többi kontinenshez viszonyítva elhanyagolható, 2013-ban az világ nyúlhústermelésének csupán 4,8%-át adta. A világ legfontosabb nyúlhústermelő országai Kína (724 ezer tonna), Olaszország (262 ezer tonna), Spanyolország (64 ezer tonna), Egyiptom (54 ezer tonna), illetve Franciaország (52 ezer tonna). Ennek az öt országnak az együttes nyúlhústermelése a világon előállított nyúlhúsnak 66,5%-át teszi ki (FAOSTAT, 2014). Magyarország a nyúlhústermelő országok között a 14. helyet foglalja el (6,4 ezer tonna) (Szendrő, 2014). Mivel a belföldi nyúlhúsfogyasztás elhanyagolható, a termelt mennyiség 98%-a a nemzetközi piacokon jelenik meg (Juráskó, 2014). Emiatt a nyúlhús exportáló országok versenyében, az importált mennyiségeket is figyelembe véve, Magyarország az előkelő második helyen áll (Szendrő, 2014). Az importra történő korrekció nélkül Magyarország Kína, Franciaország és Belgium mögött a negyedik legnagyobb nyúlhúsexportőr és az exportált mennyiség a világ teljes nyúlhúsexportjának 13,4%-át teszi ki (Szendrő és Szendrő, 2012). A nagyüzemi nyúltelepek nyúlállományának közel felét (47%) a Kaposvári Egyetemen nemesített és fenntartott Pannon fajták adják. Jelentős hányaddal (40%) részesedik még a Hycol hibrid, míg a Zika (9%) és a Hyla (1%) hazai szerepe elhanyagolható (Juráskó, 2014).

2.3. A sertés és nyúltenyésztés fontosabb értékmérő tulajdonságai

2.3.1. Reprodukciós értékmérő tulajdonságok

2.3.1.1. Fialásonkénti alomlétszám

Az élve született malacok, illetve fiókák száma a sertés-tenyésztésben, illetve a nyúl-tenyésztésben rendkívül fontos értékmérő tulajdonság, ugyanis a takarmányértékesítés mellett ennek a tulajdonságnak a legnagyobb az ökonómiai súlya (Amer és mtsai, 2014; Houska és mtsai, 2010; Cartuche és mtsai, 2014).

Sertés-tenyésztésben, illetve nyúl-tenyésztésben évtizedek óta ismert, hogy a keresztezés a szaporasági teljesítmény növelésének hatékony eszköze (Anker, 1973a; Anker, 1974; Sellier, 1976), melynek eredményeképpen a keresztezett állomány teljesítménye az apai és anyai populáció átlagát meghaladja. A jelenséget heterózisnak nevezzük. Az alomnagyság esetében

a jobb teljesítmény részben a született keresztezett végtermék egyedeknek (egyedi heterózis), részben – és ennek a szerepe sokkal nagyobb - a keresztezett nőivarú szülőpár tenyészállatoknak (anyai heterózis) köszönhető (Bidanel, 2011). A hazai sertésenyésztésben igen nagy jelentősége volt a folytatható (kontinuens) keresztezésnek, amely módszer alapján a Kaposvári Egyetem jogelődjén a KA-HYB sertést nemesítették (Anker, 1973b). Ez a sertéshibrid egészen az ezredfordulóig Magyarország sertésállományának egyik legjelentősebb szereplőjének számított. Jelenleg Magyarországon nincs hazai tenyésztésű sertéshibrid tenyésztésben, ezért a fajtatiszta tenyésztés mellett a háromfajtás, illetve négyfajtás keresztezés az általánosan alkalmazott tenyésztési eljárás (Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete, 2009). A keresztezések eredményeként a születéskori alomszámban kimutatott heterózis nagysága Ibériai vonalak között García-Casco és mtsai (2012) szerint 7,6% volt. Hasonló nagyságú heterózistról számolt be Bidanel (2011) európai és amerikai fajták keresztezésekor, ugyanakkor nagy fehér hússertés és meishan sertés keresztezése esetén az alomnagyságban 20%-os heterózist értek el (Bidanel, 2011). A nyúltenyésztésben jelenleg általánosan alkalmazott háromvonalas (háromfajtás) keresztezésnél (Baselga, 2004) az első keresztezés során két anyai vonal egyedait (melyeket az alomnagyságra szelektálnak) párosítják egymással. A második keresztezésnél a keresztezett szülőpár anyákat egy harmadik vonal bakjaival (amelynél a szelekció alapja általában a súlygyarapodás) párosítják (Baselga, 2004). A keresztezés célja az egyedi, illetve anyai heterózis kihasználása. Baselga és mtsai (2003), illetve Al-Saef és mtsai (2008a) közlése alapján az egyedi, illetve anyai heterózis nagysága az élve született fiókák számában mintegy 5-10%. Ezzel szemben Brun és Baselga (2005) az élve született fiókák számára nézve a korábban említett szerzőkhöz képest jelentősen nagyobb (24,4%) heterózist tapasztaltak.

A fialási alomlétszám öröklődhetősége sertésre (Bidanel, 2011) és nyúlra (Khalil és Al-Saef, 2008) vonatkozó kutatások összefoglaló értékelése alapján általában csekély (0,1 vagy annál kisebb). Mivel a fialási alomszám a nőivarú tenyészállat ismétlődő termelési tulajdonsága felmerül a kérdés, hogy az ismételt méréseket ugyanazon tulajdonság ismétléseiként, vagy genetikai korrelációban levő, de különböző tulajdonságokként kell-e kezelni. A kérdés jelentőségét az adja, hogy amennyiben az ismételt alomszámok közti genetikai korreláció szoros ($>0,8$) abban az esetben nem várható, hogy az egyes fialási sorszámokon belüli alomlétszám alapján megállapított tenyészállatsorrendek között érdemleges különbségek legyenek (Falconer, 1952; Bidanel és Ducos, 1996), vagyis ekkor a többtulajdonságos egyedmodell alkalmazása nem célszerű. Sertésenyésztésben számos szerző foglalkozott az egyes fialások alomszáma közti genetikai korreláció vizsgálatával. Wolf és mtsai (2005) cseh lapálysertés, illetve cseh nagy fehér hússertés vizsgálata során a fialásokat két csoportra osztották: az első csoportba az első fialás, a másodikba a későbbi fialások tartoztak. Az így meghatározott tulajdonságok között, mindkét fajta esetében, szoros genetikai korrelációkról (0,80-0,99) számoltak be. Alfonso és mtsai (1997) lapálysertések öt fialását, Hananberg és mtsai (2001) valamint Noguera és mtsai (2002) lapálysertések hat fialását elemezték. Az egymást közvetlenül követő fialások közötti genetikai korrelációk általában igen szorosak (0,75-0,97), míg az egymástól időben távoli fialások között a becsült genetikai korrelációk lazábbak voltak (0,49-0,82). A kérdést a nyúltenyésztésben először Baselga és mtsai (1992) vizsgálták, akik az egyes fialásokat külön-külön tulajdonságként értelmezték és egytulajdonságos modellek segítségével tulajdonságokként eltérő öröklődhetőségeket becsültek (első fialás esetében 0,10-0,14; harmadik fialás esetében 0,01-0,07). Baselga és mtsai (1992) közvetett módszerek alapján arra a következtetésre jutottak, hogy az ismételt fialások alomnagyságai közötti genetikai korreláció vélhetően kisebb, mint 1,0 azaz az egyes fialások során mért alomnagyságok eltérő tulajdonságként értékelhetők. Az alkalmazott modell azonban helytelen volt, mivel a második, illetve harmadik fialás esetében a korábbi időszakban végzett

szelekció hatását nem vették figyelembe. A kapott eredmények ezért fenntartással kezelendők. Az élve született fiókák számára vonatkozóan többtulajdonságos egyedmodellt csupán Piles és mtsai (2006a), valamint Nagy és mtsai (2011) alkalmaztak. Piles és mtsai (2006a) az egyes fialások alomnagyságai között szoros ($>0,8$) genetikai korrelációt állapítottak meg az egyik vonalban, míg a másik két vonalban ennél gyengébb genetikai korrelációkról számoltak be (0,39-0,82). Nagy és mtsai (2011) Pannon fehér és Pannon Ka anyák első négy fialásának alomszámaikat elemezték, és többségében szoros genetikai korrelációkat kaptak (0,56-0,98). A közvetlenül egymást követő fialások között volt a legszorosabb genetikai korreláció (0,88-0,98). Ezzel szemben az első és negyedik fialás alomszámai között mindkét fajtában sokkal lazább genetikai korrelációt becsültek (0,56, illetve 0,64). A genetikai paraméterbecslések mellett Nagy és mtsai (2011) modellillesztés vizsgálatokat is végeztek, melynek során megállapították, hogy a többtulajdonságos modellekhez viszonyítva az ismételhetőségi modellek átlagos négyzetes hibái hasonlóak, azonban az ismételhetőségi modellek alkalmazása esetében a mért és a modell alapján becsült alomnagyságok közötti korrelációk jelentősen szorosabbak voltak. Összességében a fenti tanulmányok alapján megállapítható volt, hogy bár az egyes fialások során rögzített alomszámok között nem kaptak egységesen egyhez közeli genetikai korrelációt, az élve született malacok, illetve fiókák számának genetikai értékeléséhez az ismételhetőségi egyedmodell alkalmazása megfelelő.

2.3.1.2. Alomsúly

A születéskor, a laktáció egy adott napján (pl. a 21. napon), vagy a laktáció végén (választáskor) mért alomsúly szintén fontos tulajdonságnak számít, ugyanis közvetett módon az anya tejtermelő képességét, illetve egyéb anyai tulajdonságokat is jellemez (pl. anyai gondoskodás). Hasonlóan az alomlétszámhoz, az alomsúly fialásonként mérhető, ami lehetővé teszi az ismételhetőségi modell alkalmazását, vagy az egyes fialások alomsúlyának önálló tulajdonságként történő kezelését. Pannon fehér nyulak 21 napos alomsúlyát elemezve, Gyovai és mtsai (2012) az első négy fialás során mért alomsúlyokat külön-külön tulajdonságként kezelve becsülték az alomsúlyok közti genetikai korrelációkat. A szerzők azt tapasztalták, hogy a közvetlenül egymást követő fialások alkalmával mért 21 napos alomsúlyok között igen szoros (0,84-0,89) volt a genetikai korreláció. Ezzel szemben az egymástól időben távolabb eső fialások alkalmával mért 21 napos alomsúlyok között mérsékelten szoros (0,47-0,54) genetikai korrelációkat kaptak. Az eredmények alapján a nem egymást követő fialások alomsúlya genetikai értelemben nem tekinthető azonos tulajdonságnak. Ettől függetlenül az ismételhetőségi modellek egyéb kedvező tulajdonságai miatt az alomsúlyt gyakorlatilag egységesen ismételhetőségi modellel értékelik a sertés és nyúltenyésztés gyakorlatában. A 21 napos alomsúly öröklődhetősége a Pannon fehér fajtában az első és negyedik fialások között gyenge-közepes (0,10-0,17) értékeket mutatott (Gyovai és mtsai, 2012). Új-zélandi fehér nyúlajtában, illetve szaudi vonalakban a 21 napos alomsúlyra az előző szerzőkhöz hasonló (0,10 és 0,17) öröklődhetőségről számoltak be Ayyat és mtsai (1995), illetve Al-Saef és mtsai (2008a). Fialáskor mért alomsúlyok esetében Hycol hibridállományban Lenoir és mtsai (2011) gyenge öröklődhetőséget (0,12) becsültek. Sertésnél a nyúltenyésztéshez hasonlóan a fialási (0-13-0,14), a 21 napos (0,10) és a választási (0,14) alomsúlyokban egyaránt gyenge öröklődhetőségi értéket becsültek (Huby és mtsai, 2003; Merour és mtsai, 2008a; Merour és mtsai, 2008b; Wolf és mtsai, 2008). A három különböző időpontban mért alomsúlyok közül a 21 napos és a választási alomsúlyok a köztük tapasztalt igen szoros (0,97) genetikai korreláció alapján gyakorlatilag azonos tulajdonságnak tekinthetők (Huby és mtsai, 2003). Ezzel szemben a fialáskor mért alomsúly csak közepes genetikai korrelációban volt a 21 napos (0,34), illetve a választási (0,41) alomsúllyal (Huby és mtsai, 2003).

A keresztezés eredményeként sertés- és házinyúl alomsúlyában is heterózist mutattak ki. Választási alomsúlyban Cassady és mtsai (2002) nagy fehér hússertés, lapálysertés, yorkshire sertés és chester fehér hússertés fajták 14 napos, illetve a választási alomsúlyokban 13,7% és 14,8%-os egyedi heterózist becsülték. Nagyságrendben ezzel megegyező eredményről (11,6%) számoltak be a választási súly esetében duroc, lapálysertés és yorkshire sertés keresztezései során Cutshaw és mtsai (2014).

A szaporaságra végzett szelekció ismertetett előnyei mellett kedvezőtlen következményekről is beszámoltak nagy fehér hússertés, illetve lapálysertés fajtákban (Merour és mtsai, 2008b). A szerzők azt tapasztalták, hogy az élve született malacok száma mindkét vizsgált fajtában negatív genetikai korrelációt (-0,32, illetve -0,24) mutatott a születés és választás közötti túlélési aránnyal. Az összesen született malacok számának növekedésével a fialás is hosszabb ideig tartott (a genetikai korreláció 0,23 és 0,33 volt). Az élve született malacsám igen szoros (0,85), kedvezőtlen irányú genetikai korrelációt mutatott a születéskori almon belüli egyedi malacsúlyok szórásával. A kapott eredmény azért kedvezőtlen, mert az egyedi súlyok homogenitásának csökkenése a malackori túlélési arány romlásával járt, bár a becsült genetikai korrelációk viszonylag lazák voltak (-0,28, illetve -0,21). Szintén sertéseken végzett vizsgálatok alapján többen (Sell-Kubiak és mtsai, 2015; Canario és mtsai, 2010; Damgard és mtsai, 2003) mérsékelt szoros genetikai korrelációt tapasztaltak a születési súly és annak variabilitása között (0,36-0,62). A kapott kapcsolat kedvezőtlen, mert ezek szerint a születési súly növekedése esetén nő az almon belüli változékonyság is. Ezek alapján az alomkiegyenlítésre és a születési súlyra együttesen célszerű szelektálni, egy szelekciós index alkalmazásával (Canario és mtsai, 2010). Az almokon belüli változékonyság a nyulakban is fontos tényező, ugyanis ezzel a fialás és választás közötti elhullás nagymértékben összefügg. Poigner és mtsai (2000) eredménye szerint adott alomban a leggyengébb fióka versenyhátrányban van erősebb testvéreivel és emiatt gyakrabban elpusztul.

A választásig bekövetkező veszteségek csökkentése céljából az almokon belüli egyedi súlyok homogenitására végzett szelekció javasolható, mely gazdasági és welfare szempontból egyaránt jelentős. A szelekció eleméleti alapjait SanCrisobal-Gaudy és mtsai (1998) dolgozták ki, melynek értelmében más-más gének játszanak szerepet a teljesítmény szintjének, illetve variabilitásának meghatározásában. A születési súly almon belüli variabilitásának genetikai paramétereit többen is becsülték sertés és nyúl fajtákban. Különböző sertésfajtákban a tulajdonság öröklődhetősége 0,08-0,12 között volt (Canario és mtsai, 2010; Sell-Kubiak és mtsai, 2015; Maignel és mtsai, 2011). Ezzel szemben nyulak teljesítményeit vizsgálva egy francia nyúhibrid-vonalban a születési súly almon belüli variabilitásának öröklődhetőségére Garreau és mtsai (2008a) rendkívül kis értéket kaptak (0,012). A genetikai paraméterek meghatározása után 4 generáción át kétirányú szelekciót folytattak az alomkiegyenlítés növelése (homogén vonal) és csökkentése (heterogén vonal) érdekében. A születési súly almon belüli variabilitására becsült tenyészártékek alapján megállapítható volt, hogy a szelekció hatékony volt, mert a homogén és heterogén vonalak egyedeinek átlagos tenyészártéke már az első generációban 4,25 additív genetikai szórásnak megfelelő különbséget mutatott. A születési súly almon belüli szórásának különbsége a negyedik generációra 1,2 grammra a tizedik generációra (Bodin és mtsai, 2010) 3,9 grammra nőtt. Garreau és mtsai (2008a) a negyedik generációban a heterogén vonal egyedeihez viszonyítva a homogén vonal esetében kisebb arányú elhullást tapasztalt mind a születéskor mind a születés és a választás között, az utóbbi esetben a különbség jelentősebb volt (17,7%, illetve 32,7%). Kanadai sertésállományokban ezzel szemben Maignel és mtsai (2011) nem találtak összefüggést a születési súly homogenitása és a születéskori elhullás között. Garreau és mtsai (2008a) által vizsgált adatbázist egyéb szempontok alapján elemezve Bolet és mtsai (2007) megállapították, hogy a homogén vonal

egyedei hosszabb és rugalmasabb méhszarvakkal rendelkeznek a heterogén vonalba tartozó nyulakhoz képest. Ezzel azonos eredményről számoltak be INRA 1777 vonalba tartozó anyanyulak vizsgálata során Bolet és mtsai (2013). Garreau és mtsai (2008a) nem találtak különbséget a homogén és heterogén vonalba tartozó egyedek születési és választási súlyában, továbbá az élve született fiókák számában, illetve a választási alomszámában. A kapott eredmények eltérnek Sell-Kubiak és mtsai (2015), Canario és mtsai, (2010), illetve Damgard és mtsai (2003) eredményeitől, azonban kedvezőek, hiszen ezek alapján a vizsgált nyúlvonásban a születési súly almonkon belüli variabilitásának csökkentése nem okoz csökkenést sem az egyedi születési súlyokban, sem az alomlétszámban.

2.3.1.3. Termelésben töltött időszak hossza

A sertés és nyúlállományokra egyaránt jellemző, hogy a termelő kocák, illetve anyák éves selejtezési aránya igen nagy. Sertésállományokban az évente selejtezett kocák aránya mintegy 45-50% (Balogh és mtsai, 2015; Engblom és mtsai, 2007), míg francia, illetve spanyol nyúlvonalakban az évente selejtezett anyák aránya 115-140% között volt (Garreau és mtsai, 2010; Lenoir és mtsai, 2013; Piles és mtsai, 2006b). A selejtezések döntő hányada nem a tenyésztő előzetes tervezésének a következménye (pl. adott számú termelési ciklus elérésekor), hanem valamilyen egészségügyi probléma eredménye, melyek többségükben a korai termelési időszakban következnek be (Engblom és mtsai, 2007; Rossel és mtsai, 2009). Hazai sertésállományok esetében a leggyakoribb selejtezési okok közé a szaporasági problémák és a lábhibák tartoztak (Balogh és mtsai, 2015). A sertésenyésztésben az optimális termelési ciklusok száma 5-7 (Sobczynska és mtsai, 2013). Ezzel szemben a realizált termelési ciklusok száma ennél gyakran kevesebb (Engblom és mtsai, 2007). A termelésben töltött idő hossza ezért ökonómiai és állatjóléti szempontból egyaránt nagy jelentőséggel bír (Aasmundstad és mtsai, 2014). A termelésben töltött idő jelentősége ellenére eddig még nem vált általánossá a tenyésztési programban való szerepeltetése, aminek az egyik lehetséges oka, hogy az általánosan alkalmazott lineáris (úgynevezett vegyes) modellek e tulajdonságnál nem alkalmazhatók. A tulajdonság értékeléséhez az esetek többségében túlélés-beclést (survival analysis) végeznek, ami olyan tulajdonságok elemzését teszi lehetővé, mely a vizsgálat megkezdésének időpontjától egy adott esemény (pl. elhullás vagy selejtezés) bekövetkeztéig eltelt időtartammal jellemezhető (Nagy és mtsai, 2002a). A módszer igen kedvező sajátossága, hogy kezelni tudja azokat a mérési eredményeket is, ahol a vizsgálat végén az esemény még nem következett be. Amennyiben a vizsgált esemény az elhullás várható időpontja, akkor az állat termelési ideje nem ismert pontosan (cenzorált adat). Ennek több oka is lehet (pl. az állat eladása, illetve a vizsgálat végén az állat még életben van és termel). A túlélés beclés sajátossága, hogy az ismert és ismeretlen termelési idejű állatokat külön kategóriákba sorolja. Más statisztikai eljárások nem rendelkeznek ezzel a kedvező sajátossággal (Nagy és mtsai, 2004a). A tulajdonságot leíró modellben szereplő tényezőkre nézve a túlélés beclés úgynevezett esélyhányadosokat ad meg, amely alapján ismerté válik, hogy az adott modellben szereplő tényezők egyes szintjeinek változásával hányszor lesz nagyobb az elhullás, illetve a selejtezés esélye (Nagy és mtsai, 2010a). Sertésenyésztésben a termelésben töltött idő hosszát jellemző modellek tényezői között általában a fialási év-hónap, tenyészet, tenyészet-év, az első fialás alomnagysága, az első fialás életkora, illetve a modelltípustól függően különböző véletlen hatások (egyed, apa, apai nagyapa) szerepelnek (Guo és mtsai, 2001; Engblom és mtsai, 2009; Mészáros és mtsai, 2010; Serenius és mtsai, 2006; Serenius és Stalder, 2007; Sobczynska és mtsai, 2013). A nyúltenyésztésben alkalmazott modellek hasonlóak a sertésenyésztésben alkalmazottakhoz. A fontosabb tényezők a fialási sorszám, első fialáskori alomnagyság, életkor az első inszemináláskor, inszeminálás hónapja (Garreau és mtsai, 2008b; Larzul és mtsai, 2014; Sanchez és mtsai, 2004). A sertésenyésztéssel kapcsolatos eredmények nem teljesen

egységesek. Bayes statisztikát alkalmazva, Guo és mtsai (2001) arról számoltak be, hogy az első termékenyítéskori életkor nem befolyásolta a kocák termelésben töltött idejét, ezzel szemben Mészáros és mtsai (2010) eredményei szerint a selejtezés esélyét egyaránt növelte, ha a sertések első fialása túl fiatal (52 hét és annál fiatalabb), valamint a túl idős korban (59 hét és annál idősebb) történt. Ezzel ellentétben Serenius és Stalder (2007) az első fialáskori életkor növekedésével párhuzamosan a selejtezési esély folyamatos növekedését tapasztalta. Nyulak esetében Serenius és Stalder (2007) eredményeihez hasonlóan, több szerző (Lenoir és mtsai, 2013; Piles és mtsai, 2006c) azt tapasztalta, hogy az első termékenyítéskori életkor növekedése az anyák termelésben töltött időszakának hosszát csökkenti. A kocák első fialáskori kis alomnagysága növelte a selejtezés valószínűségét (Guo és mtsai, 2001). Nyulak esetében ezzel azonos eredményekről számoltak be Lenoir és mtsai (2013), Piles és mtsai (2006c), Sanchez és mtsai (2004). A termelésben töltött idő hosszát az anyanyulaknál a zsírdepók mennyisége, illetve annak mobilizálása is erősen befolyásolja. A kérdéskört többen (Garreau és mtsai, 2009; Garreau és mtsai, 2010; Theilgaard és mtsai, 2006) vizsgálták. Garreau és mtsai (2009) a zsírdepókat TOBEC készülékkel mérték az első, a második és a harmadik fialáskor, valamint az első és második inszenináláskor, illetve választáskor. Theilgaard és mtsai (2006) ezzel szemben a vese körüli zsír vastagságát mérték a fialás után 10 nappal. A zsírdepók mobilizációját mindkét szerzőcsoport a laktáció 10-21 napjai között vizsgálta. Az eredmények alapján Garreau és mtsai (2009), illetve Theilgaard és mtsai (2006) pozitív összefüggést kaptak a termelésben töltött idők hossza és a zsírdepók képzése, illetve mobilizálása között. A sertéseknél a tulajdonság öröklődhetősége 0,05 és 0,25 közötti (Guo és mtsai, 2001; Engblom és mtsai, 2009; Mészáros és mtsai, 2010; Serenius és mtsai, 2006; Serenius és Stalder, 2007; Sobczynska és mtsai, 2013). A különböző vizsgálatok között tapasztalt jelentős eltéréseket részben a vizsgált tulajdonság eltérő értelmezése magyarázhatja. Sobczynska és mtsai (2013) a termelésben töltött időszakot mint az első és utolsó fialások között eltelt napok számát adták meg. Ez a definíció azonban nem számol a korábban említett cenzorált adatokkal, mely Mészáros és mtsai (2010) szerint az adatoknak mintegy negyedét tették ki. Nyulak esetében a cenzorált adatok aránya esetenként meghaladta az 50%-ot (Piles és mtsai, 2006c). Mészáros és mtsai (2010) az általánosan alkalmazott értelmezéssel szemben a termelésben töltött időszak egyik lehetséges kifejezésként a kocák élete során elért fialások számát adták meg. Ezt azzal magyarázták, hogy az általánosan használt definíció során a produktív és nem produktív napok összekeverednek, ezért azokról nincs közvetlen információ. A különböző szerzők közül egyedül Serenius és mtsai (2006) vizsgálták a dominancia-hatás nagyságát, és megállapították, hogy a termelésben töltött időszak hosszát a dominancia az additív genetikai hatást (0,05-0,07) meghaladó mértékben (0,10-0,12) befolyásolta. Nyulak esetében az öröklődhetőség értéke 0,08 és 0,24 közötti (Piles és mtsai, 2006c; Lenoir és mtsai, 2013; Sánchez és mtsai, 2004). A tulajdonságra való szelekció sikeres, melyet az alomnagysággal történő korrelációvizsgálattal (Sánchez és mtsai, 2006), divergens szelekcióval (Larzul és mtsai, 2014), szuperszaporító vonal kialakításával, a termelésben eltöltött időtartamának nyomon követésével (Sánchez és mtsai, 2008), valamint közvetlen szelekcióval (Lenoir és mtsai, 2013) bizonyították.

2.3.2. Növekedési értékmérő tulajdonságok

2.3.2.1. Átlagos napi súlygyarapodás

Mint azt már a szaporasági tulajdonságokkal kapcsolatosan említettem, a nyúltenyésztésben jelenleg általánosan használt háromvonalas (háromfajtás) keresztezésnél (hibridnél) a második (befejező) keresztezés apai vonalát általában a súlygyarapodásra szelektálják (Baselga, 2004). A súlygyarapodás a sertésenyésztésben is az egyik legfontosabb növekedési tulajdonság, mely indirekt módon (a BLUP hízekonysági indexben nem közvetlenül a súlygyarapodásként, hanem

az életnapok számaként szerepel) a hazai sertésenyésztés tenyészcélját kifejező BLUP indexben (összevont tenyészérték) jelentős, 19-24%-os súllyal szerepel (Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete, 2013). A nemzetközi sertésenyésztés szakirodalmi eredményeit összesítve Clutter (2011) arról számolt be, hogy ad libitum takarmányozás mellett a súlygyarapodás öröklődhetősége 0,03-0,49 közötti, átlagosan 0,29. Korlátozott takarmányozás esetén az átlagos súlygyarapodás öröklődhetőségi értéktartománya eltér az étvágy szerinti takarmányozáskor kapott értékektől (0,14-0,76), azonban az átlag gyakorlatilag ugyanaz (0,30). A hazai sertésállományokban becsült öröklődhetőségi értékek hasonlóak, bár az irodalomban közöltekénél valamivel kisebbek (0,18-0,22) (Farkas 2008; Nagy és mtsai, 2008). A Pannon fehér fajtában mért adatok alapján az átlagos súlygyarapodás öröklődhetőségi értékét elsőként Szendrő és mtsai (1988) becsülték apai féltestvér csoportok adatainak varianciaanalízise alapján (0,36). Ugyanebben a nyúlfaftában az első egyedmodell alapján becsült öröklődhetőségi értéket Garreau és mtsai (2000) közölték és a korábbinál valamivel kisebb, közepes (0,25) öröklődhetőségi értéket kaptak. A Pannon fehér fajtában végzett későbbi elemzések során Nagy és mtsai (2006a), illetve Gyovai és mtsai (2012) hasonló értékekről (0,21-0,21) számoltak be. Pannon nagytestű fajtában az átlagos súlygyarapodás öröklődhetősége szintén közepes (0,25; Nagy és mtsai, 2013a).

2.3.2.2. Takarmányértékesítés

A takarmányértékesítés a sertés és nyúltenyésztésben egyaránt fontos tulajdonságnak számít, ugyanis a takarmányozási költségek az összes költségnek jelentős hányadát teszik ki (Drouilhet és mtsai, 2013). Nyúltenyésztésben ennek ellenére viszonylag kevés az e tulajdonsággal kapcsolatban publikált öröklődhetőségi érték, mivel az általánosan használt csoportos tartás esetén az egyedi takarmányfogyasztás nem mérhető. Francia és spanyol hibrid vonalakban Drouilhet és mtsai (2013), illetve Piles és mtsai (2004) közepes (0,22-0,31) öröklődhetőségi értékeket becsülték. A sertésenyésztéssel kapcsolatos szakirodalmi feldolgozás alapján Clutter (2011) arról számolt be, hogy a takarmányértékesítés öröklődhetősége ad libitum takarmányozás mellett 0,12-0,58, míg korlátozott takarmányozás esetén 0,16-0,56 közötti. A becsült h^2 értékek átlagai 0,30, illetve 0,29 voltak. A magyar nagy fehér hússertés és a magyar lapálysertés állományokra becsült öröklődhetőségi értékek tartománya (0,26-0,45) megfelelt az irodalomban leírtaknak (Groeneveld és mtsai, 1996; Farkas, 2008; Nagy és mtsai, 2008). Groeneveld és mtsai (1996) alapján a takarmányértékesítés nem hagyományos értelemben is kifejezhető, mint a központi ivadékvizsgálat során összesen fogyasztott takarmány súlya (takarmánymennyiség). Az ilyen módon közvetlenül mért értékmérő tulajdonság kedvezőbb statisztikai sajátosságokkal rendelkezik a képzett (több tulajdonság hányadosként kifejezett) tulajdonsághoz képest (Groeneveld és mtsai, 1996). A központi ivadékteljesítmény-vizsgálat során fogyasztott takarmánymennyiség öröklődhetősége a hazai sertésállományokban 0,22-0,50 közötti értékeket vett fel (Groeneveld és mtsai, 1996; Nagy és mtsai, 2008). A takarmányértékesítés hagyományos, illetve közvetlenül mérhető formái között Nagy és mtsai (2008) igen szoros (0,83-0,86) genetikai korrelációról számoltak be, vagyis a kétféle megközelítés genetikai szempontok alapján azonos tulajdonságot takar. Az utóbbi években nyúltenyésztésben és sertésenyésztésben a takarmányértékesítést az úgynevezett reziduális takarmányfelvétellel is jellemezték (Larzul és de Rochambeau 2005; Drouilhet és mtsai, 2013; Boddicker és mtsai, 2011), ami leegyszerűsítve testsúly alapján számított és a ténylegesen felvett takarmány különbségeként fejezhető ki. Drouilhet és mtsai (2013) francia hibrid nyúl vonalban becsülte a tulajdonság genetikai paramétereit és a takarmányértékesítéshez viszonyítva valamivel alacsonyabb értékeket (0,10-0,16) kaptak. Érdekes eredményt adott a takarmányértékesítés és a reziduális takarmányfelvétel tulajdonságok közötti genetikai korrelációvizsgálata, mely takarmánykorlátozás mellett súlygyarapodásra szelektált vonalban

közepes (0,43), míg ha a nyulakat a reziduális takarmányfelvételre szelektálták, a takarmányértékesítés és a reziduális takarmányfelvétel között becsült genetikai korrelációs koefficiens alapján (0,97) a két tulajdonság genetikai értelemben azonos.

2.3.2.3. Színhús százalék

A hazai sertésenyésztésben a színhús százalék az egyik fontos tulajdonság, ennek megfelelően a tenyészcélt kifejező BLUP indexben (összevont tenyészérték) jelentős (16-20%) súllyal szerepel (Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete, 2013). A különböző hazai sertésfajtákra nézve a becsült öröklődhetőségek nagysága kicsi vagy közepes (0,11-0,45; Csató és mtsai, 2002; Farkas és mtsai, 2008; Nagy és mtsai, 2008). A kapott értékek némileg elmaradnak a cseh (0,30-0,54; Wolf és mtsai, 2000; Wolf és mtsai, 2001; Wolf és mtsai, 2005), illetve a szlovák (0,30-0,36; Pescovicova és mtsai, 2002) sertésfajtákban becsült értékektől. A hazai sertésenyésztésben a színhús százalék értékelését nehezítette, hogy esetenként ennek megállapításához különböző tenyészetekben eltérő műszereket (pl. szűrő szonda, illetve ultrahangos berendezés) használtak, melyek becslése között Kövér és mtsai (2002) BLUP módszer alapján több mint 1%-os különbséget találtak. Felmerült, hogy az ultrahangos mérések pontatlanok lehetnek (Csató és mtsai, 2002). A módszer torzító hatásnak elkerülése érdekében a hazai hivatalos tenyészértékbecslő modell az ultrahangozást végző személy kódját is tartalmazza (Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete, 2013).

2.3.2.4. CT-vel mért hosszú hátizom átlagos keresztmetszeti felszíne (L-érték)

Az L-érték (a 2. és 3. illetve a 4. és az 5. ágyékcsigolya találkozásánál CT segítségével mért hosszú hátizom metszési felszínének átlaga) öröklődhetőségi értéke közepes (0,33; Nagy és mtsai, 2006a). BAYES statisztikai közelítés alapján az öröklődhetőségi érték 95%-os valószínűséggel 0,25-0,42 közé esik, illetve 95%-os valószínűséggel értéke legalább 0,26. A Kaposvári Egyetemen az L-érték viszonylag rövid ideig volt szelekciós kritérium, más országokban pedig a nyúltenyésztésben nem alkalmazzák a CT-t ezért nem áll rendelkezésre összehasonlító irodalmi adat.

2.3.2.5. CT-vel mért combizom-térfogat

A combizom-térfogat (melynek értékét a csípőlapát és a térdízület között teljes átfedéssel 10 mm-es szeletvastagsággal készített 10-12 CT felvétel alapján határozzák meg) öröklődhetősége a Pannon fehér és a Pannon nagytestű fajtában egyaránt közepes (0,19-0,21, illetve 0,25; Gyovai és mtsai, 2008; Gyovai és mtsai, 2012; Nagy és mtsai, 2013a), kisebb, mint az L-érték h^2 értéke. A combizom-térfogat méréséhez sokkal több (10-12) CT felvételre van szükség, mint az L-értékhez, ezért elképzelhető, hogy az előbbi tulajdonságra pontatlanabban mérhető. A CT mérések pontosságát Gyovai és mtsai (2013), illetve Czakó és mtsai (2015) vizsgálták. Gyovai és mtsai (2013) 554 nyúl CT és vágási adatait elemezve, a combizom-térfogat és combhústömeg között igen szoros (0,95) fenotípusos korrelációt kaptak. Ha a nyulak súlyát is figyelembe vették, a parciális korrelációs együtthatók csak minimális mértékben csökkentek (0,91), illetve ha a nyulak közül csak az átlagos súlytartományban (2,4-2,6 kg) ismételték meg a számítást, a kapott összefüggés nagyos szoros (0,92) maradt. Czakó és mtsai (2015) 316 nyúl CT vizsgálatakor a hátsó láb izomtörfogata és vágáskor mért hústömege között rendkívül szoros (0,94) genetikai korrelációt becsültek. A kapott eredmények alapján bizonyos esetekben a CT vizsgálatok feleslegessé tehetik a próbavágást. Hasonlóan az L-értékhez, a combizom-térfogatra vonatkozóan sem jelent meg más, a Kaposvári Egyetemen kívüli szerzők által közölt öröklődhetőségi érték, amihez eredményeinket hasonlíthatnánk.

2.3.3. Vágási tulajdonságok

2.3.3.1. Vágási kitermelés

Más vágási tulajdonságokhoz viszonyítva, a sertésenyésztésben a vágási kitermelés egy viszonylag kevésbé használatos értékmérő tulajdonság. A nemzetközi szakirodalmi adatokat feldolgozva Ciobanu és mtsai (2011) közepes öröklődhetőségi értékekről (0,30-0,36) számoltak be. Ezzel szemben a nyúltenyésztésben a vágási kitermelés fontos tulajdonságnak számít. Ennek ellenére általában nem szelektálnak vágási tulajdonságokra, mivel a szelekció közvetlen módon csak ivadékvizsgálat esetén végezhető, ami drága és megnő generáció-intervallum (Szendrő és mtsai, 1988; Varewyck és mtsai, 1986). A vágási kitermelés öröklődhetősége a szakirodalom alapján széles tartományban (0,17-0,70) mozog (Al-Saef és mtsai, 2008b; Ferraz és mtsai, 1992; Garreau és mtsai, 2008c; Krogmeier és mtsai, 1994; Larzul és mtsai, 2005; Lukefahr és mtsai, 1996; Nagy és mtsai, 2006a; Nagy és mtsai, 2006b; Varewyck és mtsai, 1986). A közölt értékekkel kapcsolatban meg kell jegyezni, hogy azok összehasonlítása fenntartással kezelendő, mert esetenként jelentősen eltért a vágási kor, az alkalmazott vágási és darabolási technika, az alkalmazott becslési modell, valamint az egyszerre eltérő számú fajtát vizsgáltak. Részben emiatt az 1990-es évek elején egy egységes vágási és darabolási módszert dolgoztak ki, amit a World Rabbit Science Association (WRSA) ajánlásaként vezettek be (Blasco és mtsai, 1993; Blasco és Ouhayoun, 1996).

A növekedési tulajdonságoknál már említettem, hogy az apai vonalakat általában súlygyarapodásra szelektálják. Amennyiben a vágás azonos súlyban történik, a szelekció hosszú távon a vágott nyulak vágási érettségére is hatással van. Különböző kifejlett kori testsúlyú fajtákat azonos vágási súlyban összehasonlítva az érettségi fok eltérő lesz. A kisebb kifejlett kori súlyú fajták vágásra érettebbek (Blasco és mtsai, 1996; Piles és mtsai, 2000), ami jobb vágási kitermelést eredményez emellett kisebb a vágott test elülső nagyobb a hátulsó rész karkaszhoz viszonyított aránya és több a vese körüli zsír mennyisége (Gómez és mtsai, 1998; Hernández és mtsai, 2006; Pla és mtsai, 1996). Ha a különböző kifejlett kori testsúlyú nyulafajtákat azonos korban vágják, hasonló tendenciák érvényesülnek, mint azonos súly esetén, azonban az eltérések kevésbé kifejezettek, mert az azonos kor az egyes fajták hasonló érettségi szintjét eredményezi (Hernández és mtsai, 2006). Mivel különböző kifejlett kori súlyú fajták azonos korban történő összehasonlítása esetén a kapott különbségeket részben az eltérő súlyok okozzák egyes szerzők (Metzger és mtsai, 2006a; Metzger és mtsai, 2006b) az eredmények értékelése során a testsúly alapján korrekciót végeztek, ami az eredményekre gyakorolt hatást megszüntette. A kor és a súly hatásának elkülönítésére Metzger és mtsai (2011), illetve Pla és mtsai (1998) tettek kísérletet, amikor számos előre rögzített súly és kor kategóriába eső egyedek vágási eredményeit hasonlították össze. Metzger és mtsai (2011) vizsgálatai során a nyulakat három különböző életkorban (74, 84 és 94 nap) vágták, ahol minden életkorban öt súlykategóriát hoztak létre (0,3 kg különbséggel). Az eredmények alapján megállapítható, hogy a vágási kitermelés az életkor növekedésével minden súlykategóriában javuló tendenciát mutatott. Ezzel szemben a vágott test elülső részének arányát a vágási súly befolyásolta, statisztikailag igazolt különbségeket csak a kisebb súlykategóriákban kaptak (Metzger és mtsai, 2011). A vágott test középső részének arányát az életkor nem befolyásolta de a nyulak növekvő súlyával párhuzamosan a középső rész arányában is növekvő tendencia volt megfigyelhető. A vágott test hátsó részének aránya a kor előrehaladtával lett nagyobb, viszont ez a tendencia megfordult és idősebb korban már csökkenés figyelhető meg.

2.3.3.2. Értékes húsrészek súlya, illetve aránya

A hazai sertésenyésztésben az értékes húsrészek (comb, karaj, lapocka és tarja) súlya fontos értékmérő tulajdonságnak számít, ennek megfelelően a magyar sertésenyésztés tenyészcélját kifejező BLUP indexben jelentős (30-35%) súllyal szerepel (Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete, 2013). Magyar nagy fehér hússertés és magyar lapálysertés adatai alapján megállapítható, hogy az értékes húsrészek aránya, illetve súlya egyaránt jól öröklődik ($h^2=0,38-0,72$, illetve $0,54-0,66$) (Groeneveld és mtsai, 1996; Nagy és mtsai, 2008; Radnóczy és mtsai, 2009). Apai sertésfajták esetén cseh fajtatiszta és keresztett állományok adatai alapján Wolf és mtsai (2000) az értékes húsrészek súlyára nézve a magyar eredményekhez hasonló nagy (0,56) öröklődhetőségi értékről számoltak be. A korábbi eredményekkel teljes összhangban Pescovicova és mtsai (2002) lapálysertések értékes húsrészeinek súlyára nagy (0,54) öröklődhetőségi értéket állapítottak meg. Ezzel szemben a fehér hússertések értékes húsrészeinek arányára gyengébb (0,38) öröklődhetőségi értéket kaptak. Az értékes húsrészek súlya, illetve aránya a közt becsült genetikai korrelációk (0,89-0,90) alapján genetikai értelemben ezek a tulajdonságok azonosnak tekinthetők (Nagy és mtsai, 2008).

2.4. A hazai sertésállomány genetikai értékelésének történeti áttekintése.

A magyarországi sertésenyésztésben már az 1970-es évek elején elkezdődött az úgynevezett kétlépcsős tenyészértékbecslési rendszer bevezetése, melynek első lépcsője a sajátteljesítményvizsgálat, a második lépcső pedig az ivadékteljesítményvizsgálat volt (Csató és Baltay, 1990). A két lépcső együttes alkalmazásának szükségességére Csató és mtsai (1984) mutattak rá, hiszen a tenyészérték meghatározásának legmegbízhatóbb módszere az ivadékvizsgálat, mely lehetővé teszi annak vizsgálatát, hogy a pluszvariáns szülőktől származó ivadékok örökítik-e utódaikban szüleik és saját előnyös gazdasági tulajdonságait. Az ivadékvizsgálatnak azonban előnyei mellett számos hátránya (értékelhető egyedek korlátozott száma, az információ hosszú idő után áll rendelkezésre) miatt egy kiegészítő előszelekcióra (sajátteljesítményvizsgálat) is szükség van, melynek célja a pluszvariáns szülők célpárosításából származó tenyészállatjelöltek tenyésztésre való alkalmasságának megállapítása (Csató és mtsai, 1984). Az 1970-es évektől tehát a hazai sertésenyésztésben a legfontosabb értékmérő tulajdonságokra vonatkozó adatokat a jelenlegi rendszerhez (lényegét tekintve) hasonló módon a teljesítményvizsgálatok keretében gyűjtötték. A teljesítményvizsgálatok során a fontosabb tulajdonságokra feljegyzett adatokat gazdasági súlyozás alapján képzett indexek segítségével összesítették, melyeket abban az időben „tenyészértékként” használtak a szelekciós döntések meghozatalakor. A teljesítményvizsgálatok során mért eredményeket sajnos a számos környezeti tényező befolyásolja, melyek közül egyebek mellett legfontosabb a súly (Csató és mtsai, 1984) az ivar (Horn és mtsai, 1988), illetve a hónaphatás (Tran, 1992a). A hagyományos teljesítményvizsgálati indexek csak akkor fejezik ki korrekt módon az állatok tenyészértékét, ha a befolyásoló környezeti hatások alapján a teljesítményvizsgálat során mért adatokra vonatkozóan előzetes korrekciót végeznek. A korrekció a fontosságára többen is felhívták a figyelmet (Csató és Baltay, 1990; Tran, 1992b). Sajnos a sertésenyésztésben alkalmazott teljesítményvizsgálatokban az összes befolyásoló hatásra nem lehet korrekciót végezni. A legfontosabb befolyásoló környezeti tényezők a tenyészet, és a vizsgáló állomás, melyekre nem végeztek előzetes korrekciót. Ennek eredményeképpen a különböző telepeken, illetve különböző vizsgáló állomásokon értékelt sertések index pontszámai nem hasonlíthatók össze egymással. A hazai sertésenyésztésben a figyelem ezért a bevezetésben már említett BLUP módszer (Henderson, 1975) felé fordult (Csató, 1992). A módszer neve „Best Linear Unbiased Prediction” azaz legjobb (a valódi és a becsült tenyészértékek közötti korreláció maximális), lineáris (a becsült tenyészértékek az adatok lineáris függvényeként fejezhetők ki), torzítatlan (a

valódi tenyésztértékek a becsült tenyésztértékek körül helyezkednek el, vagyis alá és fölé becslés lehetséges, azonban ezek iránya véletlenszerű és nem szisztematikus), becslés (a módszer becsült tenyésztértékeket eredményez). A módszernek ekkor már számos sertésenyésztési alkalmazásáról számoltak be külföldi tanulmányokban (Hudson és Kennedy, 1985; Mabry és mtsai, 1987). A BLUP módszer ugyanakkor Magyarországon sem volt ismeretlen, hiszen azt a tejlő szarvasmarhák tenyésztértékbecslésében már alkalmazták.

A BLUP módszer lehetővé teszi a teljesítményvizsgálati eredményeket befolyásoló valamennyi környezeti hatás számszerűsítését és azok kiszűrését, illetve ezzel egyidejűleg a tenyésztértékek nagy pontosságú becslését, majd ezt követően a részténysztértékek gazdasági súlyozása után az egyetlen értékszámra sűrített úgynevezett összesített tenyésztérték megadását (Csató, 1992). A BLUP módszer kedvező matematikai tulajdonságait és annak különböző modell típusait Kennedy és mtsai (1988) valamint Szőke és Komlósi (2000) részletesen ismertetik. Csató (1992) véleménye szerint a BLUP módszer egyértelműen gyorsabb genetikai előrehaladást tesz lehetővé, mint a hagyományos teljesítményvizsgálati indexekre alapozott szelekció. Ennek oka az, hogy az első tenyésztértékbecslési lépcsőt jelentő saját teljesítmény-vizsgálati eredményt kifejező indexpontszám csupán előszelekcióra szolgált. A sertéseknek el kellett érniük egy meghatározott minimumteljesítményt, ezt követően azonban ennek az indexnek a szelekcióban nem volt további szerepe. Az ivadékok teljesítménye alapján számított indexpontszám a végleges tenyésztértéket jelentette, azaz a kanok esetében azok élete során az indexpontszám már nem változott. Egyedül a szaporasági és felnevelési teljesítményvizsgálat során módosultak az ismételt fialások után a számított indexpontszámok. Csató (1992) a BLUP módszer legnagyobb előnyét abban látta, hogy a teljesítményvizsgálati adatok gyűjtésével az adatbázis folyamatosan nő, és a rokonsági kapcsolatok alapján a tenyésztérték ismételt kiszámítása még azoknak az állatoknak is pontosítja a becsült tenyésztértékét, melyek saját mérési eredményekkel nem is rendelkeznek. A fentiek alapján a BLUP módszer országos szintű bevezetését javasolta. A bevezetés feltételeinek (hardver, adatáramlás, szelekciós kritériumok, modellek, ökonómiai súlyozó faktorok) megteremtése után megtörtént az első hazai egyedmodell alkalmazás (Groeneveld és mtsai, 1996). 1996 január 1.-től negyedévente történtek a teljesítményvizsgálati adatbázis alapján végzett tenyésztérték becslések, és az eredmények a származásigazolásokon is megjelentek (Radnóczy és mtsai, 1999). Ezek alapján a BLUP módszer ekkorra a hazai és sertésenyésztésben egyértelműen bevezethető lett volna, a hagyományos indexpontszámok helyett. Ha ez a váltás időben megtörtént volna, Magyarország az európai országok között tartósan vezető helyet foglalhatott volna el.

Annak érzékeltetésére, hogy a hagyományos teljesítményvizsgálati pontszám, illetve a BLUP alapú tenyésztérték egymással milyen szoros kapcsolatban van, Nagy és Csató (2004) öt éves időtartamra (1996-2001) nézve értékelte az üzemi saját teljesítmény-vizsgálat (ÜSTV) során számított indexpontszám és ugyanezen teljesítményvizsgálat adatainak BLUP értékelésével a színhús százalékra kapott tenyésztértékek kapcsolatát. 212 tenyészkán eredménye alapján megállapították, hogy a két módszer alapján felállapított sorrend részben független volt egymástól. Az eredmények alapján bár nem túl nagy számban léteztek olyan tenyészkánok is, melyek mindkét módszer alapján a legjobb 20% között szerepeltek. Nagy és Csató (2004) ezért az óvatos tenyésztőknek, akik szelekciós döntéseik során nem mernek teljesen elvonatkoztatni a hagyományos teljesítményvizsgálati pontszámoktól azt javasolták, hogy válasszanak olyan tenyészkant, melynek ÜSTV indexpontszáma a legjobb 20% között van, de a BLUP által becsült tenyésztérték alapján a színhús százalékra nézve is a legjobb egyedek között van. Meg kell jegyezni, hogy a két módszer alapján legjobb 6-6 kan tenyésztértéke alapján a színhús százalékban jelentősnek számító 1,4%-os különbséget mutatottak ki. Nem nehéz ezek alapján belátni, hogy milyen veszteségeket okozott országos szinten a hagyományos

teljesítményvizsgálati indexek alapján végzett szelekció, amikor a BLUP módszer bevezetésének minden feltétele adott volt. A módszer hivatalos bevezetése egészen 2008-ig kellett várni, aminek számos oka volt. A legfontosabb ezek közül a szelekciós kritérium megváltoztatása az üzemi sajátteljesítmény-vizsgálat során mért tulajdonságok esetében (OMMI, 1995; OMMI, 1997). Az átlagos hátszalonna-vastagságot (mar, hát és ágyék) két oldalszalonna vastagság és karajvastagság alapján becsült színhús százalék váltotta fel (OMMI, 2000). A változtatás miatt a tenyésztértékebecsléshez az addig rendelkezésre álló adatbázist már nem lehetett használni. A színhús százalékra történő szelekcióhoz szükséges rekordszám összegyűjtéséhez több évre volt szükség. Ez alatt az idő alatt a BLUP módszert nemcsak a fejlett sertésenyésztéssel rendelkező nyugat-európai és észak-amerikai, hanem a környező esetenként Magyarországtól kisebb sertésállománnyal rendelkező országok (Csehország, Szlovákia) is bevezették (Pescovicova és mtsai, 1999; Wolf és mtsai, 1998).

A fentiekén kívül a hazai sertésenyésztésre jellemző volt az egyes tenyészetek közötti kismértékű genetikai kapcsolat, azaz a tenyészetek genetikai értelemben zártak voltak. Ez a BLUP alkalmazása szempontjából kedvezőtlen, mert ilyen esetben a BLUP módszerrel becsült tenyészethatások, illetve a becsült tenyésztértékek között hatáskeveredés (confounding) léphet fel, ami a becsült tenyésztértékek pontosságát ronthatja. Erre a problémára többen is felhívták a sertésenyésztők figyelmét (Thompson és Meyer, 1986; Csató, 1992; Csató és mtsai, 1999; Radnóczy és mtsai, 1999). A tenyészetek közötti genetikai kapcsolatok hiánya a hazai juhtenyésztésben is megfigyelhető volt, ami a tenyésztértékebecslés szempontjából szintén kedvezőtlen (Nagy és mtsai, 1999b). A probléma megoldására Nagy és mtsai (1999b) egy olyan egyszerű módszert dolgoztak ki, mely megmutatja, hogy adott tenyészetben a vizsgált periódus során hány hímivarú tenyészállatot használtak, továbbá, hogy bármely két tenyészet között hány olyan hímivarú tenyészállat volt, melynek mindkét tenyészetben volt ivadéka. A kapott eredménytáblázatnak (azaz mátrixnak) értelemszerűen a tenyészetek számával megegyező sora és oszlopa van. A mátrix főátlójában a tenyészeteken belüli az átló feletti elemek a tenyészetek közötti hímivarú tenyészállat-használatra adnak információt. A Nagy és mtsai (1999b) által kidolgozott módszer elsősorban arra alkalmas, hogy kimutassa a tenyészetek közti genetikai kapcsolatok teljes hiányát. A nemzetközi szakirodalomban számos módszert dolgoztak ki a tenyészetek közti genetikai kapcsoltság jellemzésére. Kanadai és amerikai tenyészbikák közötti genetikai kapcsolat mértékének megállapítására Banos és Cady (1987) a rokonsági mátrix inverzét használták. Az bikák közti rokonságok átlagos értéke a szerzők szerint csupán $4,6 \times 10^{-5}$ volt, azonban a Banos és Cady (1987) szerint ez az érték elegendő ahhoz, hogy a kanadai és amerikai bikák tenyészértéke összehasonlítható legyen. Kennedy és Trus (1993) a tenyészetek közti genetikai kapcsoltság jellemzésére számos módszert dolgoztak ki. Ezek közül az egyik tenyészértékek becsült hibavarianciája a PEV. A PEV az a, variancia, mely a mért fenotípusos értékben jelentkezik és nem magyarázható az additív genetikai érték fenotípusra vonatkozó regressziójával. A PEV érték a tenyészértékek konfidencia intervalluma kiszámítására is használt paraméter, melynek értéke az állományok közötti genetikai kapcsolat növekedésével csökken (Kennedy és Trus, 1993). Bármely egyedre nézve minél kisebb a PEV értéke, annál szorosabb a korreláció az egyed becsült és valódi tenyészértéke között. Meg kell jegyezni, hogy a módszer nagy létszámú állományok esetében jelentős kapacitást igényel, ezért Kennedy és Trus (1993) számos alternatív paramétert is kidolgozott a tenyészetek közti genetikai kapcsolatok szorosságának mérésére (génáramlás módszer, genetikai drift variancia, a becsült tenyészethatásokra vonatkozó variancia). Nagy és mtsai (2001) két hipotetikus tenyészet származási adatainak alapján összehasonlította Nagy és mtsai (1999b) és Kennedy és Trus (1993) által kidolgozott módszereket. Eredményeik alapján mindegyik módszer alkalmas volt a genetikai kapcsolatok meglétének, illetve hiányának mérésére, azonban ezek közül csak a PEV adott numerikusan is értékelhető eredményt a tenyészértékben bekövetkező változásra

nézve, melyet a genetikai kapcsolatok számának növekedése okozott. Kennedy és Trus (1993) sem adtak azonban meg konkrét értéket, ami a genetikai kapcsolatok kívánatosnak tartott szintjére vonatkozott volna. A korábbi szerzők által kidolgozott módszerek közül Nagy és mtsai (2004b) az országos sertésenyésztési adatbázis alapján üzemi sajátteljesítmény- vizsgálatokat elemzett, ahol 9 fajta és fajtakonstrukcióra nézve írta le a tenyészetek közti genetikai kapcsolatokat Nagy és mtsai (1999b) valamint a PEV módszer (Kennedy és Trus, 1993) alapján. Nagy és mtsai (2004b) eredményei szerint egyes fajták esetében a tenyészetek között egyáltalán nem volt genetikai kapcsolat, ami a tenyészértékbecslés szempontjából kedvezőtlen. Azoknál a fajtaónál, illetve konstrukciónál, ahol a tenyészetek között kimutatható genetikai kapcsolat volt, a több tenyészetben is használt kanokra nézve a PEV (nagyobb volt a tenyészértékek megbízhatósága), mindig kisebb értéket mutatott azokhoz a kanokhoz viszonyítva, melyeket csak tenyészeteken belül használtak. Ugyanakkor Nagy és mtsai (2004b) egy érdekes jelenségre is felhívták a figyelmet, nevezetesen, hogy több esetben is megfigyelhető volt, hogy a több tenyészetben használt kan rosszabb tenyészértéket mutatott a vizsgált tulajdonságra nézve, mint a csupán tenyészeteken belül használt kan. A kapott eredménynek kétféle értelmezése is lehetséges. Ha a kanok szelekciója a hagyományos indexpontoszám alapján történt a tenyésztők nem feltétlenül voltak annak tudatában, hogy a genetikai kapcsolatok létrehozására nem a legnagyobb tenyészértékű kanokat választották ki. Ugyanakkor fontos tudni, hogy a tenyészetek közötti genetikai kapcsoltságot ökonómiai tényező, azaz a gazdasági verseny is befolyásolja. Hanocq és mtsai (1996) rámutattak, hogy a legjobb hímivarú tenyészállatok intenzív tenyészetek közti használata már két generáció alatt csökkentené a tenyészetek közti genetikai különbségeket. A sertésenyésztés külföldi gyakorlatában, ahol központi mesterséges termékenyítést alkalmaznak, egy-egy kan spermáját legfeljebb a kocaállomány 5%-ánál engedik felhasználni, a kapcsoltság ezáltal irányított (Nagy és mtsai, 2004b). A hazai sertésenyésztés számára Csató (1999), illetve Csató és mtsai (1999) a megfelelő genetikai kapcsolatok kialakításához a mesterséges termékenyítés populáción belüli 20%-os arányának elérését javasolták.

A BLUP módszer hazai bevezetésével kapcsolatban felmerült másik fontos kérdéskör (a tenyészetek genetikai kapcsoltsága mellett) a becsült tenyészértékek esetleges torzítottsága volt. Egyes vélemények szerint a BLUP módszer alkalmazásakor az úgynevezett javuló környezeti hatások figyelembe vétele során a tenyészértékek kedvezőtlenül változnak. A kedvező környezet a becsült tenyészethatásokban jelenik meg, ezért - a gondolatmenet alapján - a kedvező telepi környezet biztosítása csökkenti a becsült tenyészértéket (Nagy és mtsai, 2002b; Vígh és mtsai, 2005). Frey és mtsai (1997) szerint a BLUP akkor becsülhet torzított tenyészértékeket, ha az egyedek tenyészetek közötti eloszlása a becsült tenyészértékük alapján nem véletlenszerű. Ilyen helyzet leginkább akkor jöhet létre, ha a nagy tenyészértékű egyedek azokban a tenyészetekben termelnek, melyekben a legjobb körülményeket biztosítják számukra (Vígh és mtsai, 2005). Ezzel szemben a tenyészértékbecslés akkor tekinthető ideálisnak, ha az egyedek eloszlása tenyészértékük alapján a tenyészetek között véletlenszerű, tehát a legjobb és a legrosszabb tenyészértékű egyedek egyformán megtalálhatók a jó és a rossz körülményeket biztosító tenyészetekben (Nagy és mtsai, 2002b; Vígh és mtsai, 2005). Nagy és mtsai (2002b), illetve Vígh és mtsai (2005) anyai fajtákra, apai fajtákra és fajtakonstrukciókra, továbbá KA-HYB vonalakra vizsgálták a sertések becsült tenyészérték alapján vett eloszlásának véletlenszerűségét a tenyészetek között. Az értékeléshez a központi állomásokon végzett HVT vizsgálatok eredményeit használták fel, ugyanis ez a vizsgálat megbízható, mivel törekednek a befolyásoló környezet hatásának minimalizálására. A választott tulajdonságok a hizlalási napok száma, a vizsgálat alatt fogyasztott takarmány mennyisége és az értékes húsrészek mennyisége voltak. Nagy és mtsai (2002b) valamint Vígh és mtsai (2005) a vizsgálati tulajdonságok fenotípusos értékei, illetve a BLUP-al becsült tenyészethatások (ahonnan a vizsgálati egyedek

származtak) között - egyetlen eset kivételével - szignifikáns korrelációkat (0,08-0,53) kaptak. A kapott eredmények szerint a központi ivadékvizsgálat előtt a jó környezeti körülmények biztosítása a HVT eredményeket legalábbis részben befolyásolta, ezáltal a hagyományos HVT indexek környezeti hatásokkal módosíthatók voltak. Ezzel szemben Nagy és mtsai (2002b) valamint Vígh és mtsai (2005) azt tapasztalták, hogy a legtöbb tulajdonság esetében a vizsgált fajtától, fajtakonstrukciótól vagy vonaltól függetlenül a BLUP módszerrel becsült tenyésztértékek, illetve tenyésztethatások között nem volt szignifikáns összefüggés, vagy annak szorossága elhanyagolható volt (-0,22-0,20). Az eredmények alapján a becsült tenyésztértékek és tenyésztethatások gyakorlatilag függetlenek egymástól, ezért a vizsgálatot megelőző időszakban a jó környezeti körülmények biztosítása nincs hatással a tenyésztértékekre. Nagy és mtsai (2002b) valamint Vígh és mtsai (2005) megállapították, hogy mivel a sertések becsült tenyésztértékek alapján véletlenszerű eloszlást mutatnak a kedvező és kedvezőtlen környezeti körülményeket biztosító tenyésztetők között, a becsült tenyésztértékek várhatóan torzítatlanok. A torzítatlanság kérdéskörét Nagy és mtsai (2004c) egy másik közelítésben is megvizsgálták. A választott tulajdonságok hasonlóan a korábbi tanulmányokhoz, a hizlalási napok száma, a vizsgálat alatt fogyasztott takarmány mennyisége és az értékes húsrészek mennyisége voltak a vizsgált sertésfajta a magyar nagy fehér húsertés volt. A becsült tenyésztértékeket több megbízhatósági paraméterrel is jellemezték (átlagos négyzetes hiba, torzítottság, korreláció a mért és BLUP-al becsült mérési eredmények között), melyhez Frey és mtsai (1997) által ismertetett keresztvalidáció módszert alkalmazták. A vizsgálat során a tenyésztethatás fix illetve random hatásként is szerepelt a vizsgálati modellekben. Az eredmények alapján megállapítható volt, hogy egyik modell típus sem adott jobb megbízhatósági paramétereket, vagyis a tenyésztetők modellben történő szerepeltetése ezek alapján egyaránt lehet fix és random. Mivel a tulajdonságok kismértékű torzítottságot mutattak, ezért Visscher és Goddard (1993) javaslata alapján ilyenkor célszerű a tenyészteteket a modellben fix hatásként értelmezni.

Szelekciós döntések meghozatalakor gyakran merül fel az a kérdés, hogy a teljesítményvizsgálat során biztosított körülmények megegyezzenek-e azokkal a feltételekkel, melyeket a fejlesztendő populáció számára biztosíthatók, vagy térjenek-e el attól annak érdekében, hogy az értékelendő egyedek szelekciós tulajdonságokban mutatott teljesítménye minél jobban megnyilvánulhasson (Nagy és mtsai, 2003). Genetikai szempontból bármely tulajdonságot két eltérő környezetben mérve a két értékmérő külön tulajdonságként kezelhető (Falconer és Mackay, 1996). Ha az így meghatározott tulajdonságok között a becsült genetikai korreláció szoros, az értékelte tenyészállatok rangsora független lesz a környezettől (Csató és mtsai, 2004). Ezzel szemben a laza genetikai korreláció, vagy a tulajdonságok teljes függetlensége az jelenti, hogy a vizsgált tenyészállatok rangsora két eltérő környezetben értékelve jelentősen különbözhet (Csató és mtsai, 2004). Ahogyan arra Wittmann (1986) rámutatott a hazai sertésenyésztésben alkalmazott két lépcsős teljesítményvizsgálat, illetve tenyésztértékbecslés számos előnye mellett egy veszélyforrással is rendelkezik. Ha nem elhanyagolható a genotípus-környezet kölcsönhatás nagysága, a két teljesítményvizsgálat során ugyanarra a tulajdonságra megállapított tenyészállatok rangsor jelentősen eltérhet egymástól. Csató és mtsai (1990) különböző állomásokat, illetve mérési módokat összehasonlítva jelentős mértékű genotípus-környezet kölcsönhatásról számoltak be. Eredményeik szerint az élő állaton ultrahanggal végzett, majd a vágás után mérőszalaggal végzett mérések között különböző szalonna, illetve karajvastagságok esetében laza és szoros (0,10-0,56) korrelációkat mutattak ki. A kapott eredmény kedvezőtlen ugyanis az ultrahang készülékkel az élő állatokon (ami a hazai sertésenyésztésben az üzemi sajátjeljesítmény-vizsgálatban alkalmazott eljárás), illetve a vágott testen végzett mérés (ami a hízekonyság és vágóérték vizsgálat jellemzője) ilyen laza korrelációja alapján a központi ivadékteljesítmény-vizsgálatok során megállapított tenyészállatsorrend jelentős megváltozásának lehetőségét vetíti elő a sajátjeljesítmény-

vizsgálatban, illetve a termelésben. Az ultrahang alapú mérésekkel kapcsolatos esetleges pontatlansági problémákra több hazai szerző is felhívta a figyelmet (Tran és mtsai, 1993). Meg kell azonban jegyezni, hogy Csató és mtsai (1990) következtetéseiket fenotípusos korrelációk alapján vonták le, mely tendenciában nem feltétlenül azonos a tenyésztékek közötti, úgynevezett genetikai korrelációs együttthatókkal. A BLUP módszer, illetve a genetikai paraméterbecsléshez alkalmazott egyedmodellek további előnye a hagyományos teljesítményvizsgálati indexekhez képest, hogy ezek segítségével a sertésenyésztésben alkalmazott két lépcsős teljesítményvizsgálatok esetében megjelenő genotípus-környezet interakció a genetikai korrelációs együttthatók alapján egyértelműen számszerűsíthető. Az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által öt éven át gyűjtött hízekonysági és vágóérték vizsgálat, illetve üzemi sajátteljesítmény-vizsgálat adatait Nagy és mtsai (2003) annak érdekében elemezték, hogy meghatározzák a két teljesítményvizsgálat közötti genotípus-környezet kölcsönhatás nagyságát. A vizsgálatba a magyar nagy fehér hússertést, a magyar lapálysertést, illetve a KA-HYB hibrid egyik vonalát vonták be. A vizsgált tulajdonságok a maron, a hátón és az ágyékon mért szalonnnavastagságok voltak (OMMI, 2000). A szerzők az üzemi és a központi teljesítményvizsgálat eredményei között jelentős eltéréseket találtak. Megállapították, hogy az üzemi vizsgálat keretében mért szalonnnavastagságoknak kisebb az öröklődhetősége (0,19-0,35), mint a központi teljesítményvizsgálat során azonos helyeken mért tulajdonságoknak (0,41-0,75). Szintén jelentős különbséget találtak az egyes szalonnnavastagságok közötti genetikai korrelációban, ugyanis a központi teljesítményvizsgálat során mért szalonnnavastagságok igen szoros (0,67-0,98) kapcsolatot mutattak, szemben az üzemi-teljesítményvizsgálat során tapasztalt lazább (0,44-0,90) összefüggésekkel. Genotípus-környezet interakciót mutattak ki a két teljesítményvizsgálat során azonos pontokon a vizsgált szalonnnavastagságok között. Nagy és mtsai (2003) többségében laza (0,20-0,64) korrelációkat becsültek, ami azt mutatja, hogy a vágott testen mért szalonnnavastagság egyértelműen más tulajdonság, mint az üzemi körülmények között, élő egyedeken ultrahang készülék segítségével mért szalonnnavastagság. Csató és mtsai (2004) apai fajtákon ismételték meg Nagy és mtsai (2003) vizsgálatait és azzal nagyon hasonló tendenciákat kaptak. Az eredmények alapján Nagy és mtsai (2003) megállapították, hogy célszerű lenne növelni a két teljesítményvizsgálat közti hasonlóságot azáltal, hogy mindkét rendszerben kiscsoportos elhelyezést alkalmaznak. Ez esetben azonban a központi ivadékvizsgálat során olyan speciális etető berendezésekre van szükség, mely az egyedi takarmányfogyasztást regisztrálni tudja. A hazai sertésenyésztésben volt is ilyen törekvés, Herceghalomban a központi ivadékteljesítmény-vizsgálatban alkalmazták is az említett etetési rendszert. Sajnos az utóbbi években a pénzhiány miatt a központi ivadékteljesítmény-vizsgálat jelentősége a hazai sertésenyésztésben jelentősen csökkent, 2013-ban csak 588 mérést végeztek (Novozánszky, 2013), ami kétséges teszi ennek az igen megbízható teljesítményvizsgálatnak a hosszabb távú megmaradását.

A hazai sertésenyésztésben a teljesítményvizsgálati adatok BLUP módszerrel történő értékelését hivatalosan 2008-ban vezették be (MGSZH, 2009). Radnóczy és mtsai (2009) részletesen bemutatták az egyes teljesítményvizsgálatok során mért tulajdonságok értékeléséhez alkalmazott modelleket, az azokban szerepeltetett környezeti tényezőket, illetve a becsült tenyésztékek gazdasági súlyozása alapján képzett BLUP indexeket, valamint az egyes értékmérő tulajdonságokban tapasztalható szelekciós előrehaladásokat (genetikai trendeket). Ez utóbbiak sajnos elmaradtak a nemzetközi szakirodalomban közzétett értékektől, azonban ahogyan Radnóczy és mtsai (2009) megemlégették, az akkor ismertett szelekciós előrehaladások még nem a BLUP alapú tenyésztéteken, illetve indexeken alapultak, ezért remélhető, hogy azok a jövőben javulni fognak.

2.5. A Kaposvári Egyetemen nemesített nyúlállományok kialakításának és genetikai értékelésének történeti áttekintése.

A Pannon fehér nyúlfajta kialakítása az 1980-as évek végén kezdődött. Az első szakaszban (1988-1990) az állomány mintegy 100 új-zélandi fehér anyából állt, melyeket az átlagos súlygyarapodás és a vágási kitermelés tulajdonságok javítására ivadékvizsgált baknyulakkal termékenyítettek (Szendrő és mtsai, 1988). Ezt követően 1991-ben új-zélandi fehér és kaliforniai típusú állományokat reciprok módon kereszteztek, majd a született egyedek közül a legjobb átlagos súlygyarapodást és vágási arányt elérő nyulak ivadékaik képezték a Pannon fehér fajta kiindulási állományát (Nagy és mtsai, 2010b). A Kaposvári Egyetemen 1990-ben létesített Diagnosztikai Központ lehetővé tette a röntgen komputeres tomográfia (CT) állattenyésztési alkalmazását, melynek módszertani és technikai vonatkozásait Horn (1991), később pedig Romvári (2005) részletesen ismertette. A digitális képalkotás lehetőségeit kihasználva 1991-től megkezdődött a Kaposvári Egyetemen a nem-invazív technikák állattenyésztési célú használata (Romvári és mtsai, 2000). Amint Romvári és mtsai (2000) megjegyezték, a CT állattenyésztési alkalmazásához jó alapot jelentett, hogy a Kaposvári Egyetemen található az államilag elismert Pannon fehér fajta tenyésztésének központja, ezért a nyulak viszonylag nagy létszámban használhatók fel kísérleti célokra, illetve az állomány kialakítása óta az egyedek minden fontos termelési eredményét számítógépen tartják nyilván (Romvári és mtsai, 2000). A CT technika nyúltenyésztési alkalmazása többirányú lehet (Nguyen és mtsai, 2013). Az egyik ezek közül a testösszetétel vizsgálat vagy a CT mérés pontosságának más technikák (pl. próbavágás) segítségével történő ellenőrzése, melynek nyúltenyésztési alkalmazásairól Romvári és mtsai (1996; 1998) számoltak be. A CT technika a testösszetétel változás folyamatos monitorozására is használható. Milisits és mtsai (1996, 1999) a termékenyített anyanyulak vemhesség és szoptatás során bekövetkező testösszetételének változásait jellemezték. Szelekciós szempontból legfontosabb terület a CT mérési adatok felhasználása a tenyésztési programban. Az első lépés a megfelelő CT-vel mérhető értékmérő tulajdonságok meghatározása volt, melynek érdekében Szendrő és mtsai (1992) 55, 12-13 hetes Pannon fehér nyúl részletes CT és vágási adatának (36 vágási és 14 CT-vel mért tulajdonság) korrelációvizsgálata alapján megállapította, hogy a vágási kitermelést a hosszú hátizom két anatómiai pontján (2-3, illetve 4-5 ágyékcsigolyák között) CT segítségével mért keresztmetszeti felszínek átlaga (L-érték) alapján lehet a legpontosabban becsülni. A Pannon fehér nyúlfajta szelekciójának harmadik szakaszában (1992-2004) az átlagos súlygyarapodás és a CT segítségével mért L-érték voltak a szelekciós kritérium tulajdonságok (Nagy és mtsai, 2006a). Az L-értéket 2004-től a CT-vel mért combizom-térfogat váltotta fel (Nagy és mtsai, 2010b), mivel ez utóbbi tulajdonság az értékes húsrészek nagyobb részét jellemzi. Az utóbbi években (2010-) a szelekciós kritérium tulajdonságokban az 5-10 hetes korban mért átlagos súlygyarapodást a 21 napos alomsúly váltotta (Matics és mtsai, 2014). 2004 előtt súlygyarapodás esetén tömegszelekciót végeztek, míg az L-érték értékelésekor a testsúlyra történő lineáris regresszió alapján történő illesztése során mért és számított combizom-térfogatok különbsége (reziduál) adta meg a nyulak teljesítményét (Szendrő és mtsai, 1996). Szendrő és mtsai (1996) által alkalmazott metodikát már korábban is alkalmazták. Rouvier (1970) a vágott test darabolása során kinyert hús, zsír és csont tömegeket lineáris regresszióval a vágott test súlyára illesztette és az értékelés a regresszió során kapott reziduális értékek nagysága alapján történt. 2004 óta a Pannon fehér fajtában a szelekciós kritérium tulajdonságokra kapott eredmények BLUP módszerrel történő értékelése alapján történik a tenyészállatok kiválasztása (a kiválasztás módszerét Nagy és mtsai, 2006a közzétették). A generációk folytonosak. Az állomány beltenyésztettségének elkerülése érdekében az állományt rokonság alapján 4 alcsoportra osztották és az egyes csoportok egyedeit meghatározott párosítási rend alapján termékenyítik ($1\text{♀} \times 4\text{♂}$; $2\text{♀} \times 1\text{♂}$; $3\text{♀} \times 2\text{♂}$; $4\text{♀} \times 3\text{♂}$).

A párosításokból született ivadékok az apa csoportjával megegyező csoportszámot kapnak (Nagy és mtsai, 2010b).

A Pannon Ka (anyai fajta), kialakítása 1995-ben kezdődött egy szapora nyúl fajta spermaintportjának felhasználásával. A spermával a Pannon fehér anyákat inszeminálták, azonban a született ivadékok közül viszonylag kis számban hagytak meg egyedeket továbbtenyésztésre (Nagy és mtsai, 2011). 1999-ben néhány nagy szaporaságú nyulat importáltak, melyeket részben egymás között párosítottak, részben a nagy szaporaságú Pannon fehér nyulakkal keresztezték ezeket. Az így kapott ivadékok képezték a fajta kiindulási állományát. A Pannon Ka állomány hivatalosan 2003-ban ismerték el önálló nyúl fajtaként. A szelekciós kritérium 1999-2014 között az élve született nyulak száma volt (Nagy és mtsai, 2011), melyet 2014-ben a 21 napos alomsúly váltott (Matics és mtsai, 2014). A szelekciós kritérium tulajdonságban mért teljesítményt BLUP módszer segítségével értékelik, a fajtában a Pannon fehérenél ismertetett párosítási módszert alkalmazzák (Nagy és mtsai, 2011).

A Pannon nagytestű (befejező apai fajta) szelekciója az átlagos napi súlygyarapodásra és a CT-vel becsült combizom-térfogat növelésére történik 2005-óta (Szendrő és mtsai, 2015). A szelekció első lépéseként a növendék nyulak súlygyarapodását 5 és 10 hetes kor között mérik, ezt követően a legjobb súlygyarapodású egyedeket vizsgálják CT-vel 10,5 hetes korban (Szendrő és mtsai, 2015). A szelekciós kritériumtulajdonságokra vonatkozó eredmények értékelése BLUP módszerrel történik. Ennél a fajtánál is a Kaposvári Egyetem által nemesített másik két nyúl fajtával megegyező párosítási módszert alkalmaznak (Nagy és mtsai, 2013a).

A Kaposvári Egyetemen folyó nemesítési program eredményességét számos, egymástól teljesen különböző módon igazolták. A fenotípusos teljesítmény évenkénti változása alapján a Pannon fehér állomány 5 és 10 hetes között mért átlagos súlygyarapodása 1988 és 1996 között évente 1,3-1,4 grammal javult (Szendrő és mtsai, 1997). Ezen kívül nagyobb lett a 10 hetes és a kifejelettkori testsúly, nőtt az alomlétszám és a 21 napos alomsúly (Szendrő és mtsai, 1997).

A CT alapú szelekció sikerességének igazolására először Szendrő és mtsai (1996) végeztek kétirányú szelekciós kísérletet. Az L-értékben 1,1 cm², a vágási kitermelésben 2%, a középső és a hátsó részek súlya sorrendben 22 és 14 g különbséget kaptak. Szendrő és mtsai (2012) megismételték a három generáción át tartó combizom-térfogatra alapján végzett kétirányú szelekciós kísérletet. A harmadik generációban nagy különbség (25 cm³) alakult ki a combizom-térfogatban. Ezen kívül további kedvező eredményt is tapasztaltak: a nagyobb combra szelektált csoportban kisebb volt a napi takarmányfogyasztás (128 vs. 138 gramm) és jobb volt a takarmányértékesítés (2,81 vs. 3,01 kg). Az elülső (29,4% vs. 30,1%), és hátulsó (28,7% vs. 26,9%) rész karkaszhoz viszonyított aránya a nagyobb combizom-térfogatra szelektált csoportban alakult kedvezőbben. A vese körüli (1,90% vs. 2,40%) és vállövi zsír (0,49% vs. 1,07%) aránya (a referenciakarkaszban) szintén a pozitív irányba szelektált csoportban volt kedvezőbb (Szendrő és mtsai, 2012).

A BLUP módszer alapján becsült tenyésztési értékek éves átlagait a megfigyelés éveire (lineáris regresszió alkalmazásával) illesztve a Pannon fehér fajtában az 5 és 10 hetes kor közötti átlagos súlygyarapodásban az éves javulás (genetikai trend) 0,64-1,05 g volt (Garreau és mtsai, 2000; Gyovai és mtsai, 2008). A Pannon fehér fajta L-értékének átlagos tenyésztési értékei Nagy és mtsai (2004d) vizsgálatában 2001 és 2003 közötti időszakban évente 0,66 cm²-rel nőtt. A Pannon fehér (2003-2007), illetve a Pannon nagytestű (2006-2011) fajtákban a combizom-térfogat becsült genetikai trendjei sorrendben 4, illetve 5,8 cm³ voltak (Gyovai és mtsai, 2008; Nagy és mtsai, 2013a). A Pannon tenyésztési programban a Pannon fehér fajtában a BLUP módszer

alapján becsült éves genetikai trendek nagysága az 5 és 10 hetes kor közötti átlagos napi súlygyarapodásban a külföldi eredményekkel megegyező (0,6-1,0 g) volt (Garreau és mtsai, 2000; Gyovai és mtsai, 2008), míg a Pannon nagytestű fajtában Nagy és mtsai (2013a) jelentős nagyságú szelekciós előrehaladásról (1,5 g) számoltak be.

A Kaposvári Egyetemen végzett elemzések alapján a Pannon fajtában Nagy és mtsai (2006a) a CT-vel meghatározott L-érték és a vágási kitermelés között kedvező irányú és nagyságú (0,47) genetikai korrelációról számoltak be. BAYES statisztika alkalmazása alapján a kapott genetikai korreláció értéke 95%-os biztonsággal legalább 0,19 volt. Az eredmény szerint az L-értékre végzett szelekció a vágási kitermelést is növeli. Ezzel szemben egy másik vizsgálatban a Pannon fehér fajtában a vágási százalék nem volt genetikai korrelációban a CT-vel meghatározott combizom-térfogattal (Nagy és mtsai, 2006b). A Pannon fehér fajtában a combizom-térfogat ugyanakkor mérsékelten szoros (0,59) genetikai korrelációt mutatott a vágott test hátulsó részének arányával (Nagy és mtsai, 2010c), ami kedvező eredmény.

A Pannon fehér fajta teljesítményét keresztezési és fajtaösszehasonlító vizsgálatok is elemezték (Metzger és mtsai, 2006a; Metzger és mtsai, 2006b; Szendrő és mtsai, 2010). Metzger és mtsai (2006a) első kísérletükben az egyik ismert francia hibrid a Hyplus nyulakkal (PS59 bakokkal, illetve PS19 anyákkal) keresztezték a Pannon fehérét. A Pannon fehér fajta egyértelmű javító hatással volt a vágási kitermelésre és a hosszú hátizom súlyára (Metzger és mtsai, 2006). A második kísérletben Metzger és mtsai (2006b) Hyplus anyákat Zika apai vonalú bakok, illetve Pannon fehér bakok spermájával termékenyítették. A referencia karkaszhoz viszonyítva megfigyelhető volt a Pannon fehér apaságú nyúlcsoporthoz képest a hosszú hátizom arányában (11,2% vs. 10,5%). Az anyai és apai keresztezési partner fajtájának hatását elemezve Szendrő és mtsai (2010) Pannon Ka és pannon fehér anyákat termékenyített Pannon nagytestű és hibrid apai vonalú bakok spermájával. A kapott eredmények alapján az anyai partner hatását vizsgálva megállapítható volt a Pannon fehér fajta javító hatása az átlagos napi súlygyarapodásban (5,7%), illetve a takarmány-értékesítésben (6,2%). Az apai fajta hatásával kapcsolatban megállapították, hogy a Pannon fehér apaságú ivadékcsoportnak volt a legnagyobb a vágott testben a hátulsó rész aránya a referencia karkaszhoz viszonyítva, mely eredmény egyértelműen a CT mérések alapján végzett szelekciónak volt köszönhető. A fentiek alapján egyértelműen megállapítható, hogy a CT alapján izomfelszínre, illetve izomtérfogatra végzett szelekció hatékony, mely a mért tulajdonságokon kívül egyéb vágási tulajdonságokra nézve is kedvező változásokat okoz.

2.6. A genetikai variabilitás tenyésztési módszerekkel történő megőrzése

A genetikai variabilitás a genetikai alapú képesség a változásra, melyeket a környezeti változások, illetve a tenyészcélban bekövetkezett változtatások válthatnak ki (de Rochambeau és mtsai, 2000). A tenyésztő számára fontos tulajdonságok genetikai variabilitása a tenyésztési program jövőbeni sikerességének alapja (Groeneveld és mtsai, 2010). A genetikai variabilitással kapcsolatos fontosabb kihívásokat Meuwissen (2009) foglalta össze, aki szerint a legfontosabb probléma a világ népességének várható növekedése (2050-re 9 milliárd), és ennek megfelelően a szükséges táplálék előállítás. Meuwissen (2009) alapján csak néhány kereskedelmi cég hoz létre olyan új fajtákat, melyek nagy termelékenységűek, ugyanakkor megfigyelhető, hogy ezek az intenzív (gazdasági haszon előállításra képes) fajták kiszorítják a helyi adott környezeti viszonyokhoz jól alkalmazkodott fajtákat. Ez azonban kockázati tényezőt hordoz magában, ugyanis ha az intenzív fajták a tenyésztése során genetikai jellegű problémák lépnek fel, abban az esetben tenyésztési alternatívák, a helyi fajták már nem fognak rendelkezésre állni.

2.6.1. A populáción belüli genetikai variabilitást kifejező paraméterek

2.6.1.1. A pedigré alapján számított Wright-féle beltenyésztési együttható (F)

A beltenyésztés egymással rokon egyedek párosodását jelenti, ami korlátozott populációlétszám esetén egy idő után elkerülhetetlen. A beltenyésztési együttható annak a valószínűsége, hogy egy adott lokusz két allélja származásilag azonos (Wright, 1922). A beltenyésztési együtthatót az alapító populációhoz viszonyítjuk, melyet ismeretlen származású egyedek alkotnak, ahol szükségszerűen feltételezett az alapító egyedek közötti rokoni kapcsolatok hiánya (Kristensen és Sorensen, 2005). Az említett sajátosság alapján a beltenyésztési együttható csak korlátozottan használható az autozigozitás jellemzésére, hiszen annak értéke a pedigré hosszától, illetve pontosságától függ (Gulisija és mtsai, 2006, Lutaaya és mtsai 1999). A beltenyésztési együttható számítását ezért célszerű több generáció alapján végezni. A beltenyésztési együttható mellett a számításhoz felhasznált pedigré hosszára és teljességére vonatkozó paramétereket is szükséges közölni (Farkas és mtsai, 2007; Nagy és mtsai, 2010b).

2.6.1.2. A pedigré alapján számított Ballou-féle (F_{BAL}), Kalinowski-féle (F_{KAL}), illetve Baumung-féle (F_{BAUM}) beltenyésztési együtthatók

A beltenyésztés hatásait vizsgálva Ballou (1997) arra a következtetésre jutott, hogy az őseket ért beltenyésztésnek jelentős hatása van a vizsgált egyedre nézve ezért ennek kifejezésére bevezette az úgynevezett ősi (ancestral) beltenyésztési együtthatót (F_{BAL}), amely az egyed genomjának az a kumulatív hányada, mely beltenyésztési hatásoknak volt kitéve az egyed őseiben. Alternatív megfogalmazásként a beltenyésztési együttható (F_{BAL}), annak a valószínűsége, hogy bármely allél legalább egyszer származásilag homozigóta állapotban volt a korábbi generációk során (Suwanlee és mtsai, 2007). Kalinowski és mtsai (2000) azonos megközelítést alkalmaztak, azonban a beltenyésztési együtthatót részben eltérően értelmezték mint Ballou (1997). A Wright-féle hagyományos beltenyésztési együtthatót két részre osztották, ezek alapján a származásilag azonos allélek egy része a múltban már átesett beltenyésztésen (F_{KAL}), míg az allélek másik része először került származásilag azonos állapotba ($F_{KAL_ÚJ}$). Baumung és mtsai (2015) megfogalmazása alapján (F_{KAL}) annak a valószínűsége, hogy a jelenleg származásilag azonos allélek a korábbi generációk során már legalább egyszer voltak ilyen állapotban. Baumung és mtsai (2015) az előző megközelítésekhez képest (Ballou, 1997, Kalinowski és mtsai, 2000) - ahol a beltenyésztési együttható egy 0 és 1 közötti valószínűséget fejez ki – a beltenyésztési együtthatót bármely egyed adott alléljére nézve úgy határozták meg, hogy megszámozták, hogy az egyed származását rögzítő pedigrében az adott adott allél hányszor volt származásilag azonos allélpár formában (F_{BAUM}). A számítási módból egyértelműen következik, hogy ellentétben az eddigi beltenyésztési együttható definíciókkal, Baumung és mtsai (2015) által meghatározott együttható értéke meghaladhatja az 1-et.

2.6.1.3. A pedigré alapján számított parciális beltenyésztési együttható (pF)

A parciális beltenyésztési együttható (pF) annak a valószínűsége, hogy egy egyed alléljai származásilag azonosak és egy adott ősől származnak. Az összes ős alapján számított parciális beltenyésztési együttható összege a Wright-féle beltenyésztési együtthatót adja (Lacy és mtsai, 1996).

2.6.1.4. Molekuláris genetikai módszerek alapján számított beltenyésztési együttható (F_{ROH})

Amikor a származást rögzítő pedigrék nem állnak rendelkezésre a beltenyésztési együttható kiszámításához alternatív módszerekre van szükség. A molekuláris genetikai fejlődése lehetővé tette az egy pontos nukleotid polimorfizmus (SNP) markerek alkalmazását, melyek a beltenyésztési együttható kifejezésére is alkalmasak (Ferencakovic és mtsai, 2013). Az SNP adatok alapján a beltenyésztési együtthatót úgy számítható ki, hogy elosztjuk a genom folyamatos megszakítás nélküli homozigóta szakaszainak hosszát a genom teljes hosszával, melyet az SNP markerek lefednek (Ferencakovic és mtsai, 2013; Curik és mtsai, 2014).

2.6.1.5. F -statisztika

A Wright-féle beltenyésztési együttható (F) alapján Wright (1943; 1951; 1965) kidolgozta a populációk szerkezetét jellemző indexeket. A mutatók pedigré és markerek alapján egyaránt kiszámíthatók. A szerző a populáció egészére vonatkozó beltenyésztési együtthatókat két részre osztotta. Az első a populáció alegységén (fragmentum) belüli beltenyésztési együttható (F_{IS}). A második rész az úgynevezett fixációs index (F_{ST}), mely a populáció alegységeinek differenciálódása eredményeképpen megjelenő beltenyésztést jellemzi. A fixációs index nulla és egy közötti szám, ahol a nulla közeli értékek kis mértékű differenciálódást jelentenek, míg az egyhez közeli értékek az alegységek közötti jelentős genetikai differenciálódásra utalnak (Pecsenye, 2006). Bár a fixációs index értéke függ a populáció alegységein belüli diverzitástól (Meirmans és Hedrick, 2011), ennek ellenére alkalmazása a populációszerkezet mérésére javasolható (Neigel, 2002).

2.6.1.6. Átlagos rokonsági fok (AR)

A populáció bármely egyedére nézve az átlagos rokonsági fok annak a valószínűsége, hogy a teljes populációt jellemző pedigréből véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik. A beltenyésztési együtthatóval együtt értékelhető, viszont hiányos és/vagy rövid pedigré esetén önállóan is jellemzi a populáció szerkezetét (Gutierrez és mtsai, 2005).

2.6.1.7. Alapító ősök effektív létszáma (f_e)

Az alapító ősök azok az egyedek, melyeknek a pedigrében nem rendelkeznek ismert ősökkel. A populáció teljes génkészlete visszavezethető az alapító ősökig, melyek különböző mértékben járulnak hozzá az állomány genetikai variabilitásához. Ezt a mutatót oly módon lehet konvertálni, mintha az alapító ősök egyenlő mértékben járulnának hozzá a genetikai változatossághoz. Az ilyen módon konvertált értéket nevezzük az alapító ősök effektív létszámának. A számításmenet metodikájának következményeképpen az alapító ősök effektív létszáma kisebb, mint az alapító ősök létszáma (Lacy, 1989; 1995).

2.6.1.8. Nem alapító ősök effektív létszáma (f_a)

A nem alapító ősök effektív létszáma azon – nem feltétlenül alapító – ősök minimális létszámát jelenti, amellyel a populáció teljes genetikai diverzitása (Maignel és mtsai, 1996; Boichard és mtsai, (1997) magyarázható. A nem alapító ősök a populációhoz történő genetikai hozzájárulásuk alapján választhatók ki, azonban mivel egyes egyedek nem feltétlenül alapító ősök, a rokonsági kapcsolatok miatt a genetikai hozzájárulások között átfedések lehetnek (tehát ezek összessége több lehet, mint 100%). Így a nem alapító ősök esetében a marginális

hozzájárulásukat kell figyelembe venni (a genetikai hozzájárulások átfedés-mentes részét). A nem alapító ősök létszáma kevesebb (vagy egyenlő) az alapító ősök effektív létszámánál.

2.6.1.9. Alapító ősök effektív genom ekvivalens értéke (N_g)

Az alapító ősök effektív genom ekvivalens értéke azt mutatja meg, hogy az alapító ősök által meghatározott populációban egy adott allélnek mennyi a fennmaradási valószínűsége a referencia populációban (Maignel és mtsai, 1996; Boichard és mtsai, (1997). Referencia populáción a teljes populációnak egy adott időtartamban megszületett egyedeit értjük. A paraméter meghatározása sztochasztikus módszerek alkalmazása alapján történik (MacCluer és mtsai, 1986). Mivel az alapító ősök effektív genom ekvivalens értéke minden olyan hatást figyelembe vesz, mely a génkészlet csökkenésében szerepet játszott, az N_g érték általában kisebb, mint az alapító ősök effektív létszáma és a nem alapító ősök effektív létszáma (Sölkner és mtsai, 1998)

Az alapító ősök effektív létszáma, nem alapító ősök effektív létszáma, valamint alapító ősök effektív genom ekvivalens értéke nemcsak önmagukban, hanem egymáshoz viszonyítva is információt közölnek. Vígh és mtsai (2008) szerint az f_a/f_e hányados amennyiben egynél kisebb, az az úgynevezett palacknyak effektus jelenségre utal, azaz a populáció létszámának és génkészletének beszűkülését jelzi. Az N_g/f_e hányados pedig a genetikai sodródás kifejezésére alkalmas, melynek mértéke követi az f_a/f_e hányadost, és azzal arányosan változik (Vígh és mtsai, 2008).

2.6.1.10. Effektív populációméret (N_e)

Az állattenyésztésben az egyes tenyészállatok általában nem egyenlő mértékben vesznek részt a következő generáció kialakításában. A populációt jellemző beltenyésztési együttható generációnkénti növekedése (beltenyésztési ráta) megegyezik a valós populációmérettől kisebb, azonban ideális szerkezetű populációban mért értékkel. Ez utóbbi populáció nagysága az effektív populációmérettel egyenlő. Az effektív populációméret a generációnkénti beltenyésztési ráta alapján számolható (Falconer és Mackay, 1996). Az így meghatározott effektív populációméret hátránya azonban, hogy a populáció beltenyésztési rátájának csökkentése esetén (pl. beltenyésztési szint csökkentése érdekében bevezetett tenyésztési eljárások eredményeképpen) nem értelmezhető. Annak érdekében, hogy ezt a lehetséges hibaforrást kiküszöböljék, az effektív populációméret kiszámítására más módszereket is kidolgoztak (Pérez-Enciso, 1995; Cervantes és mtsai, 2008; Gutiérrez és mtsai., 2008), ahol a kapott effektív populációméret a beltenyésztési szint csökkenése esetén is eredményt ad. Gutiérrez és mtsai (2008) szerint az úgynevezett realizált effektív populációméret kedvező tulajdonságokkal rendelkezik, ugyanis figyelembe veszi az egyes egyedek beltenyésztési együtthatóját meghatározó pedigré jelleimzőit (González Recio és mtsai, 2007).

2.6.1.11. Generáció-intervallum (L)

A generáció-intervallum a szülők átlagos életkora azon ivadékok megszületésekor, amelyek részt vesznek a következő generáció létrehozásában (James, 1977). Fajonként és fajtánként biológiailag meghatározott. A generáció-intervallumot a programok négy leszármazási úton számolják: apa–fiú, apa–lány, anya–fiú, anya–lány, a regisztrált egyedek és azok apjának és anyjának születési dátumát felhasználva. A generáció-intervallum alternatív megfogalmazását Gáspárdy és mtsai (2003) adták meg, akik szerint a generáció-intervallum a szülő születése és

a „tenyésztődjai” születése között eltelt idő, vagyis a szülőpárok – továbbszaporodó (effektív) utódaik számával súlyozott – átlagos életkora az utódok megszületésekor.

2.6.2. A populációk közötti genetikai variabilitást kifejező paraméterek

Amennyiben a különböző populációk (fajták) genetikai diverzitását nemcsak a populációkon belül, hanem a populációk között is vizsgáljuk a populáción belüli és az azok közötti diverzitás adja meg a teljes genetikai diverzitást. A fajták közti diverzitás jelentősége, hogy alternatívát kínál olyan helyzetekre, amikor adott fajta genetikai eredetű problémákkal szembesül (pl. genetikai drift) vagy ha a termelési rendszerekben olyan változások következnek be, melyek eredményeképpen olyan új tulajdonságok kerülnek előtérbe, melyekben az adott fajta gyenge teljesítményt mutat (Meuwissen, 2009). A fajták közti genetikai diverzitás megőrzésére Weitzman (1992; 1993; 1998) dolgozott ki eljárást, melynek az állattenyésztésben történő alkalmazását Thaon d'Arnoldi és mtsai (1998) tették lehetővé. A Weitzman módszer lényege, hogy minden fajta esetében értékeli, hogy annak kihalása esetén a fajták összes genetikai diverzitása mennyivel csökken. A módszer sajátossága, hogy bármely fajta kihalása esetén a teljes variabilitásnak csökkennie kell (Ollivier és Foulley, 2005). Az eljárást számos kutató bírálta (Faubel és mtsai, 2004; Ollivier és Foulley, 2005; Toro és Caballero, 2005), mivel a fajtán belüli genetikai diverzitást egyáltalán nem veszi figyelembe (azt nullával súlyozza). Weitzman (1992; 1993; 1998) elsősorban azokat a fajtákat tekinti leginkább jelentősnek a genetikai diverzitás szempontjából, melyek a többi fajtával a legnagyobb genetikai távolságot mutatják, illetve erősen beltenyésztettek (Toro és Caballero, 2005). Ollivier és Foulley, (2005) kidolgozták az úgynevezett összesített genetikai diverzitást, ahol a populációkon belüli, illetve populációk közötti genetikai variabilitást a Wright féle fixációs index alapján súlyozták. Ezáltal meghatározható minden populáció (fajta) hozzájárulása a fajtákon belüli, illetve fajták közötti genetikai diverzitáshoz. Mivel a fajták génmegőrzésére fordítható források nagysága korlátozott, az egyes fajták kihalási valószínűségét is célszerű figyelembe venni a források felhasználásának tervezésekor, melyre Simianer és mtsai (2003), valamint Reist-Marti és mtsai (2006) dolgoztak ki eljárásokat. Ahogyan Toro és Caballero (2005) rámutatott, attól függően, hogy a fajtákon belüli, illetve közötti genetikai diverzitást hogyan súlyozzák, adott fajtákra vonatkozóan teljesen eltérő genetikai szempontú prioritás sorrend alakulhat ki.

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1. Vizsgált állományok, értékelt tulajdonságok

3.1.1. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságai

A reprodukciós teljesítményt jellemző adatokat a szaporasági és felnevelési teljesítmény vizsgálat (SZFTV) keretében a Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete 90 tenyésztetben gyűjtötte 2004 és 2014 között. A vizsgálatba magyar nagy fehér hússertés koca, magyar lapálysertés koca, valamint a magyar nagy fehér hússertés és magyar lapálysertés fajták keresztezésből született F1-es koca 230766 fialási adatát vontam be. Az értékelt kocák származását tartalmazó pedigrében összesen 93592 egyed volt. A vizsgálati egyedek elhelyezése, takarmányozása az SZFTV vizsgálatra vonatkozó előírásoknak megfelelően történt, melyeket a Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex (MFSE, 2013) rögzít. Az értékelt tulajdonságok az alábbiak voltak: élve született malacok száma, nevelt malacok száma (a

laktáció 28. napján), átlagos alomsúly (a laktáció 28. napján) és az alomsúly (a laktáció 28. napján).

3.1.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságai

A Kaposvári Egyetem Kísérleti Nyúltelepén a Pannon nyúltenyésztési program keretében gyűjtött reprodukciós, növekedési és vágási teljesítményt jellemző adatokat értékeltem, a Pannon fehér és a Pannon nagytestű nyulfajtákra. A vizsgált periódus a Pannon fehér nyulak esetében 1992-2014, a Pannon nagytestű nyulaknál 2005-2014 volt. Az értékelt Pannon fehér és Pannon nagytestű egyedek származását rögzítő pedigrében összesen 125645, illetve 31567 egyed volt. Az értékelt tulajdonságok az alábbiak voltak: átlagos napi súlygyarapodás (5 és 10 hetes korban mért testsúlyok alapján), combizom-térfogat (11-12 Computer tomográf felvétel alapján, a csípőlapát és a térdízület között teljes átfedéssel, 10 mm-es szeletvastagsággal) és a 21 napos alomsúly.

3.1.3. Pannon fehér nyúlállomány reprodukciós, értékmérő tulajdonságai

A vizsgálat keretében a beltenyésztéses leromlás meghatározásához az 1992-2014 között született Pannon fehér nyulak szaporasági adatait értékeltem 1992 és 2016 között. A pedigré megegyezett a 3.4. pontban megadottakkal.

3.2. Statisztikai analízis

3.2.1. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságainak leíró statisztikai jellemzése

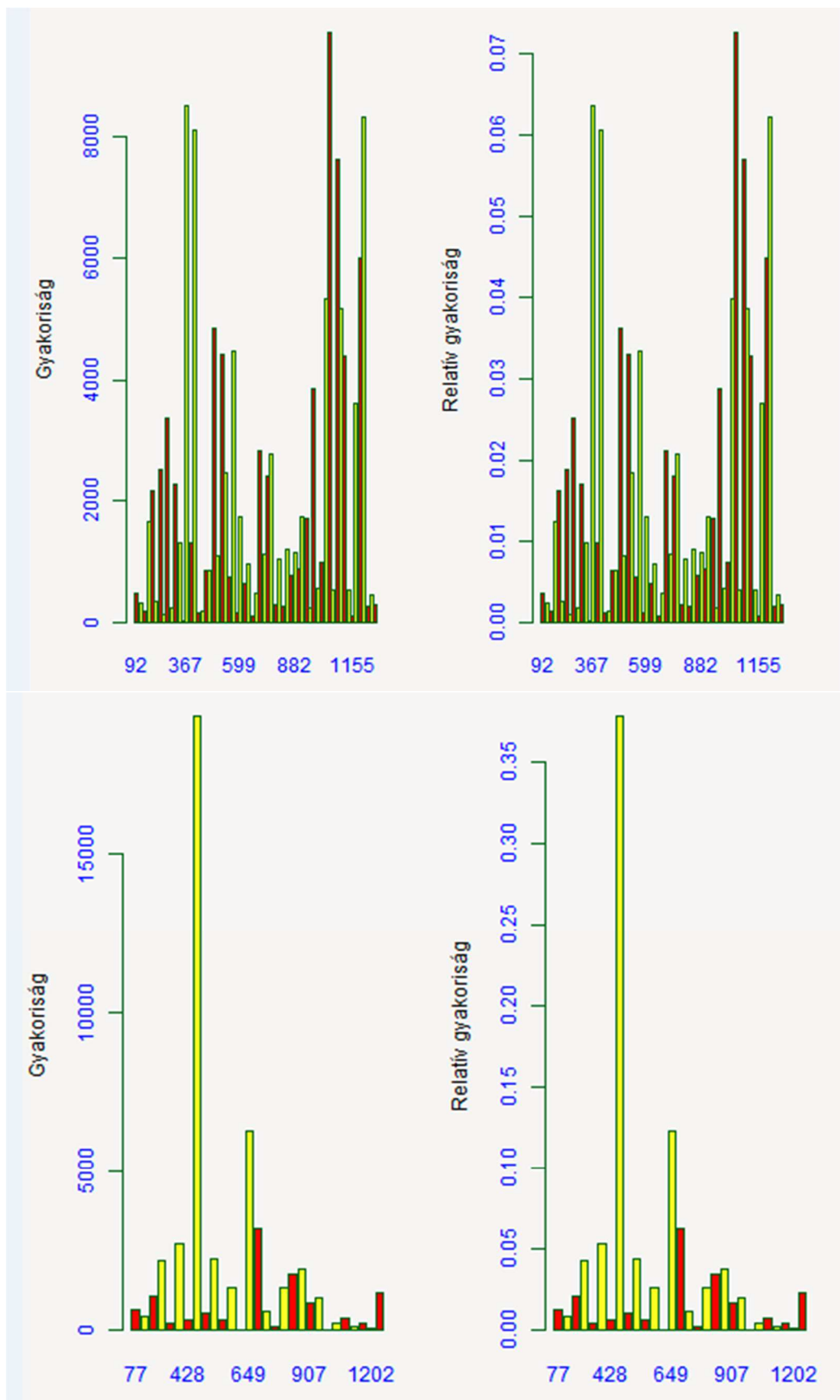
A fialási adatok fajtánkénti és tenyészetenkénti eloszlását az 1. táblázatban adtam meg. Az egyes fajták és fajtakonstrukciók fialási eloszlásának részletes grafikus ábrázolását az alábbi faktorok alapján végeztem el: tenyészet, fialási év-hónap, választási év-hónap, fialási sorszám (1-8. ábrák).

1. táblázat – Fialási adatok (2004-2014) megoszlása

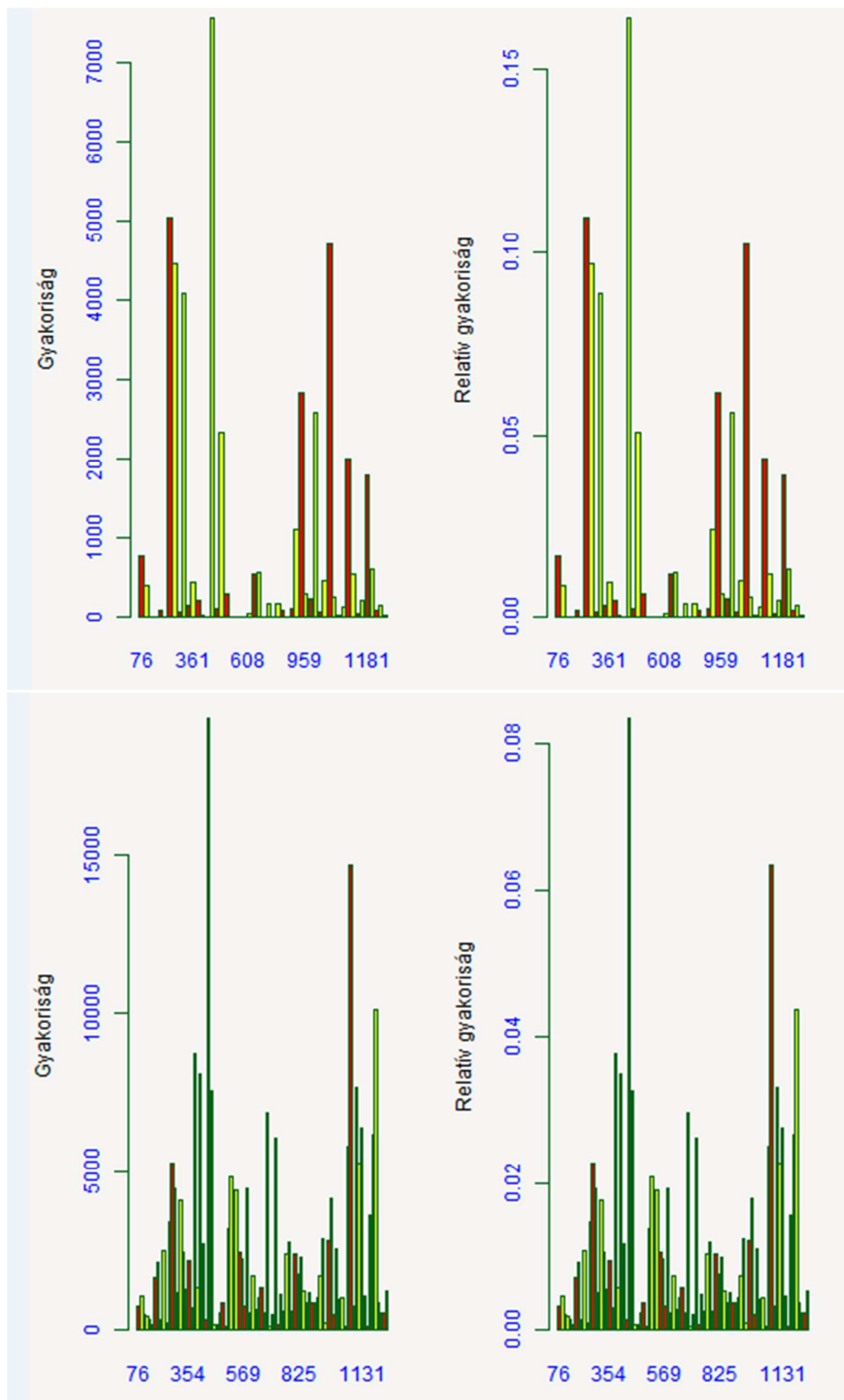
Fajta/konstrukció megnevezése	Tenyészet	Koca	Fialás
magyar nagy fehér hússertés (MNF)	63	40431	133604
magyar lapálysertés (ML)	29	14608	51025
F1 (MNF × ML)	53	17679	46137
Összesen	90	72718	230766
MNF és ML	10		
MNF és F1	38		
ML és F1	13		
MNF, ML és F1	6		

Az 1. táblázat, illetve az 1-8. ábrák alapján az értékelt fialások eloszlása egyetlen vizsgált faktorra nézve sem mutatott egyenletes eloszlást. A fialások több mint 50%-át a magyar nagy fehér hússertések adták (1. táblázat). A magyar lapálysertések és az F1-es kocák fialásai a vizsgált adatbázisban hasonló nagyságrendet képviseltek (1. táblázat). A tenyészetek esetében (1-2. ábrák) mindegyik fajta és fajtakonstrukció esetében megfigyelhető olyan tenyészet, amelyben a többi tenyészethez képest jóval több fialás történt. A tapasztalt aránytalanság

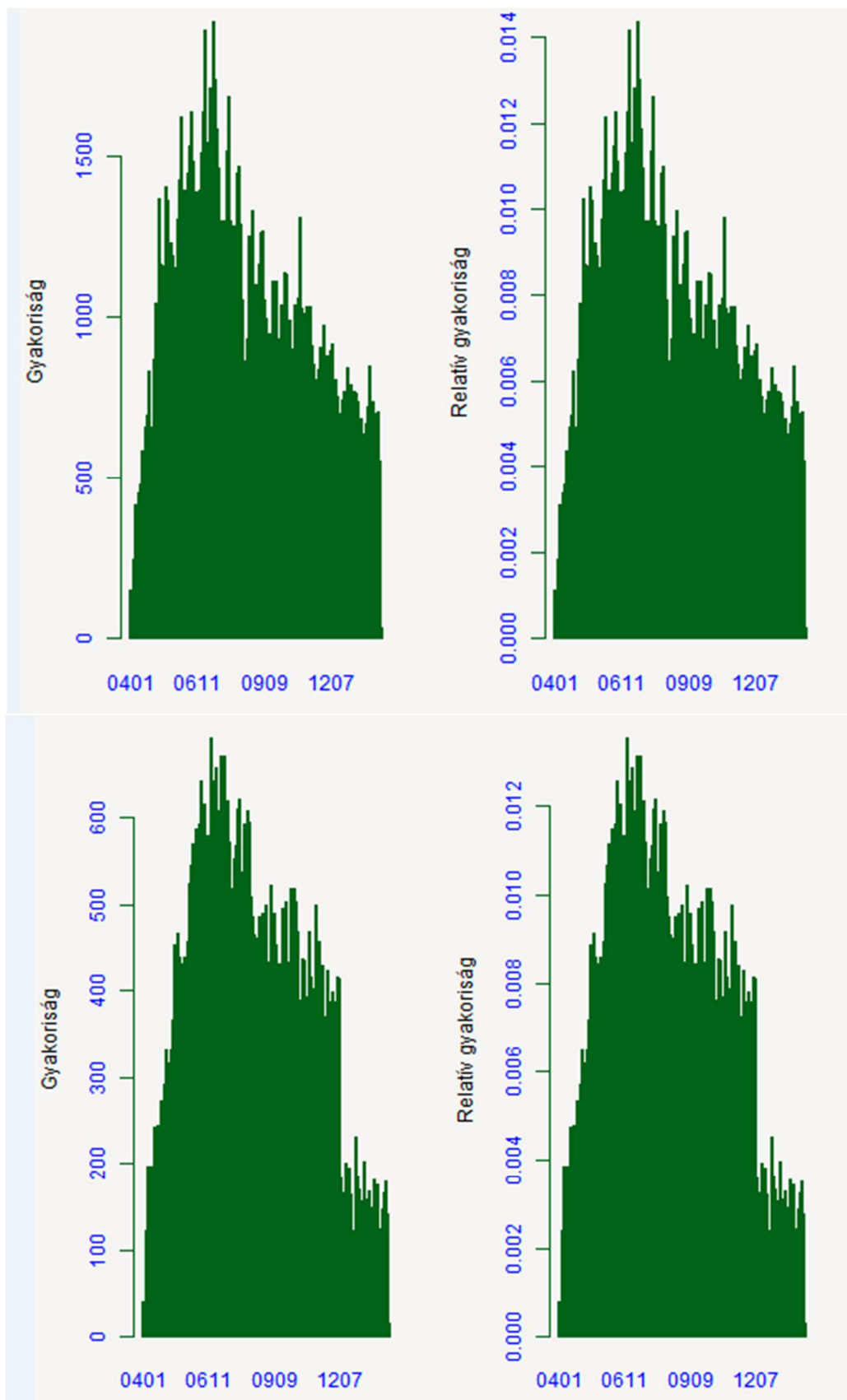
különösen nagy volt a magyar lapálysertés esetében, ahol az egyik tenyészetben a fialások relatív gyakorisága mintegy 40% volt. Ugyanez a mutató valamivel kisebb aránytalanságot jelzett az F1-es kocák esetében (ahol a legtöbb fialást regisztráló tenyészethez köthető az összes fialás mintegy 20%-a). Ezzel szemben a magyar nagy hússertés kocák fialásai jóval egyenletesebben oszlottak meg a tenyészetek között. A fialások relatív gyakorisága a legtöbb fialást regisztráló tenyészet esetében is kisebb volt mint 10%. A fialási (3-4. ábrák), illetve a választási (6-7. ábrák) év-hónapok eloszlásából kitűnik, hogy a legtöbb egy hónapra eső fialást 2006-2007-es években lehetett tapasztalni, majd ezt követően a fialások havi gyakorisága egy folyamatosan csökkennő tendenciát mutatott. A fialások döntő hányadát (mintegy 80%-át) az első négy fialás teszi ki (7-8. ábrák). Függetlenül az értékelt fajtáktól és fajtakonstrukciótól az ötödik, illetve a későbbi fialások relatív gyakorisága fialási sorszámonként nem éri el a 10%-ot sem. A vizsgált adatbázisban szereplő reprodukciós tulajdonságok fenotípusos értékeinek eloszlásai, illetve ezeknek a vizsgált faktorok szintjeihez kapcsolódó eloszlásai az élve született malacok száma esetében a 9-16. ábrákon, a többi tulajdonság esetében a 1-24. mellékletben látható. A statisztikai analízishez az R-Project szoftvert, illetve a szoftver kiegészítő csomagját (R-Commander) használtam (R-Core team, 2016).



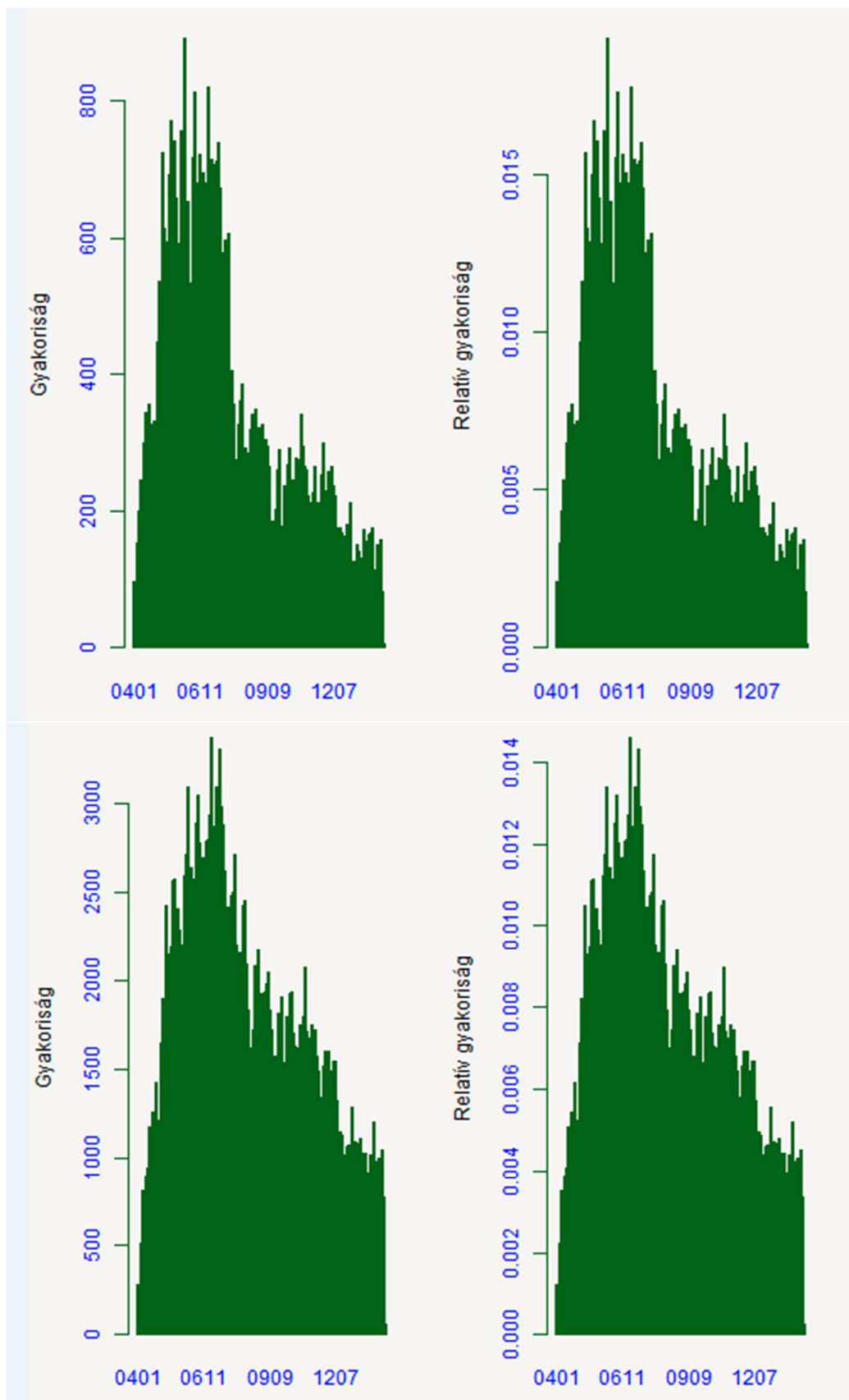
1. ábra - Magyar nagy fehér hússertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák fialásainak eloszlása, tenyészetek alapján



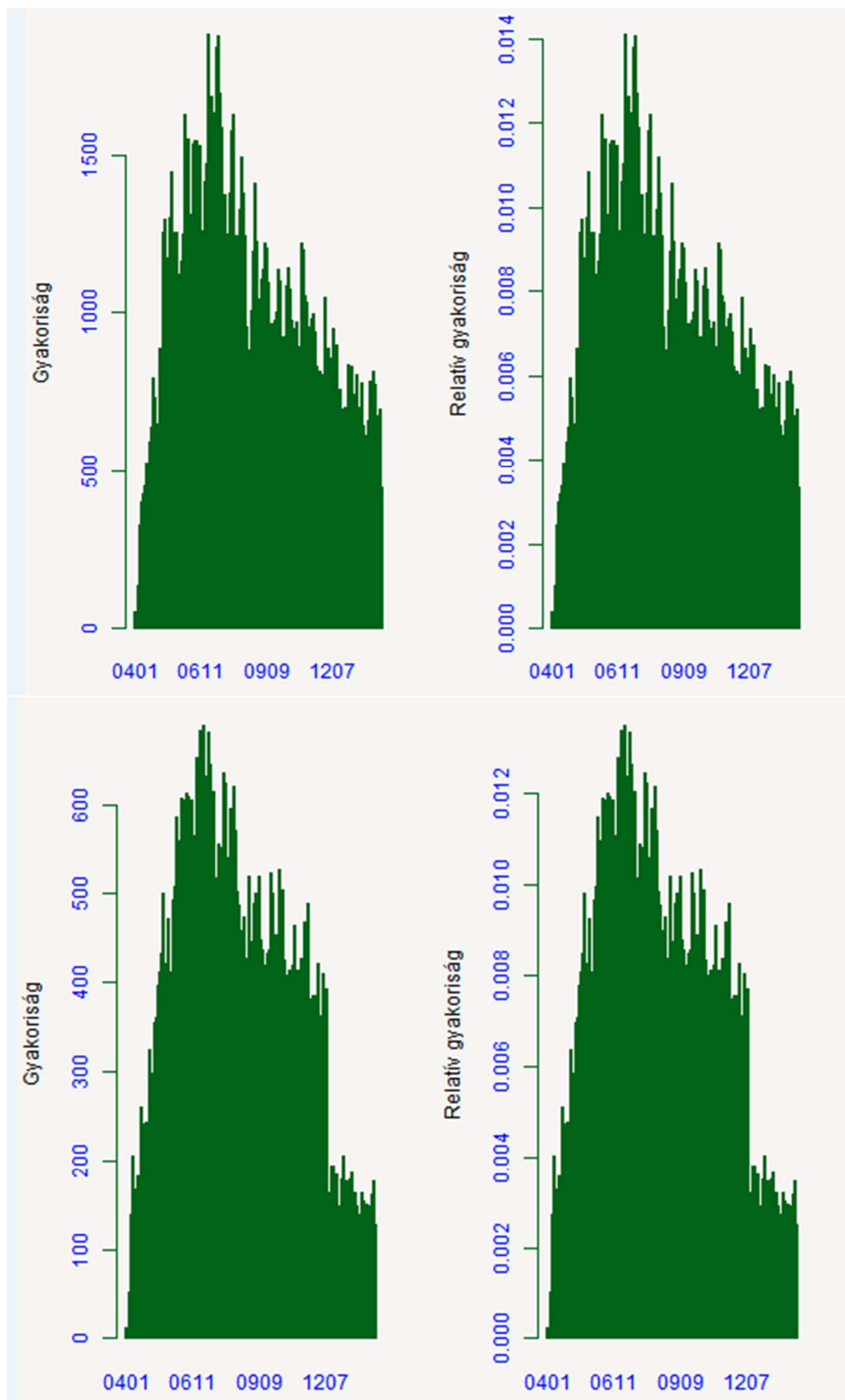
2. ábra - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák fialásainak eloszlása, tenyészetek alapján



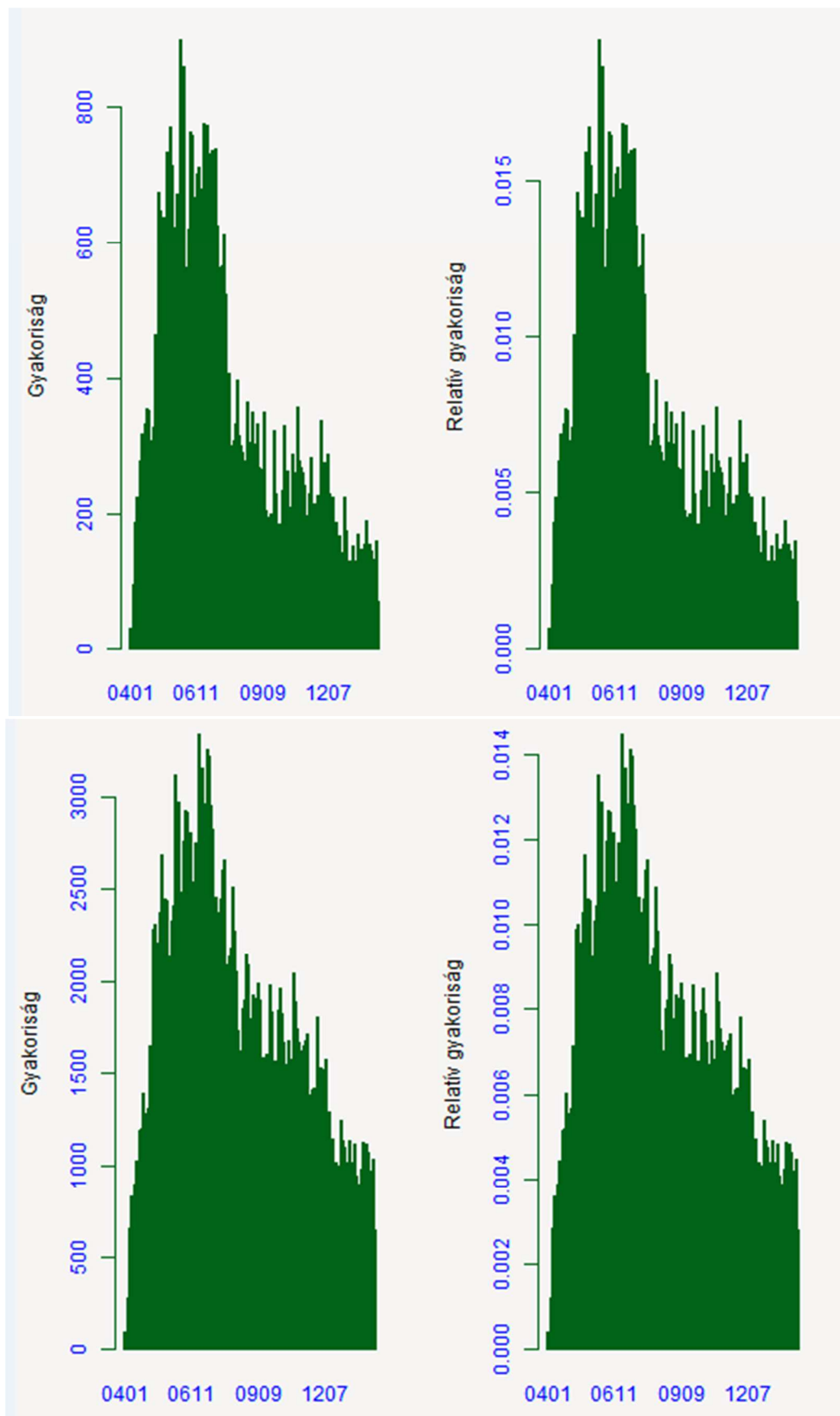
3. ábra - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák fialásainak eloszlása, fialási év-hónap alapján



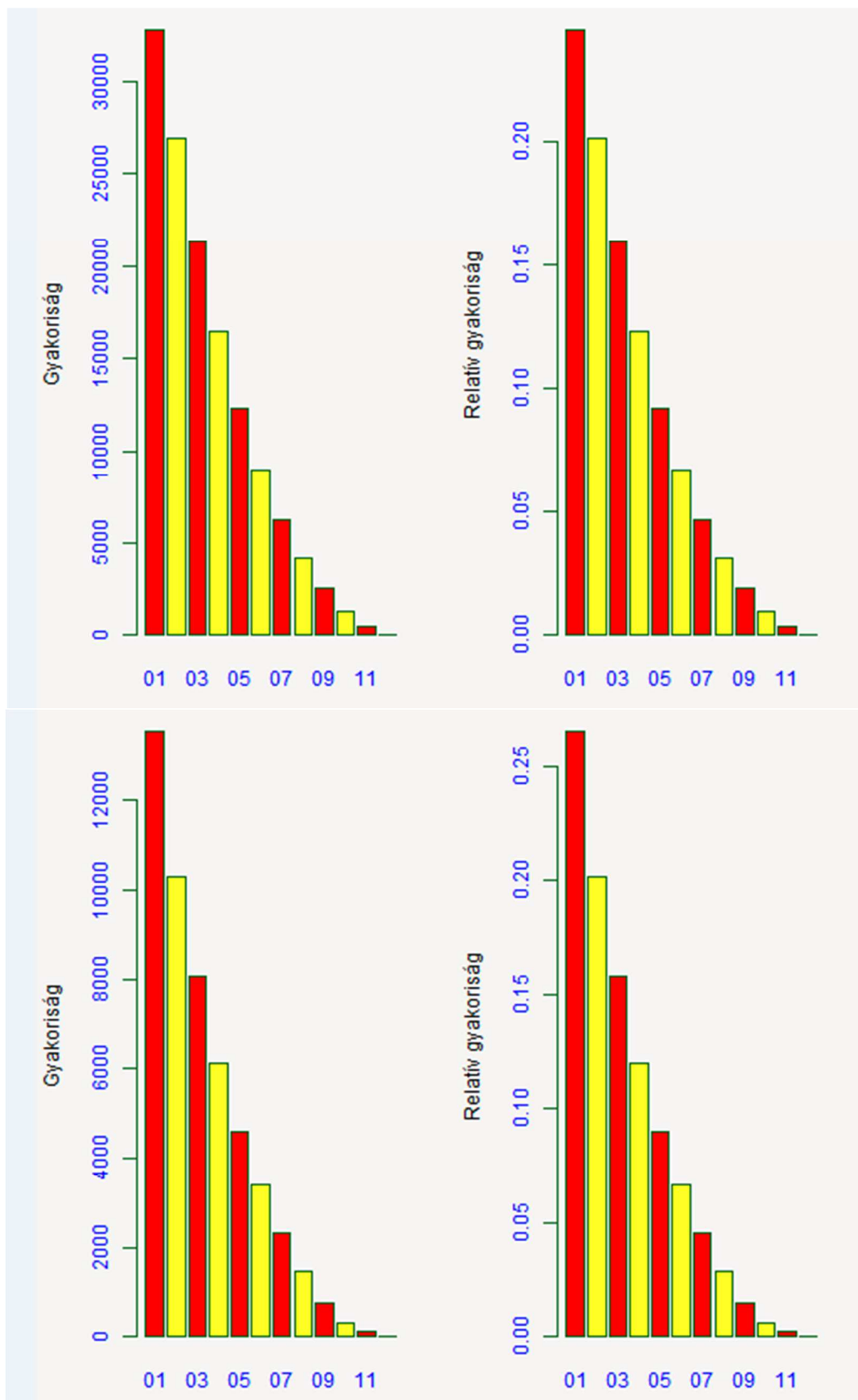
4. ábra - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kócák fialásainak eloszlása, fialási év-hónap alapján



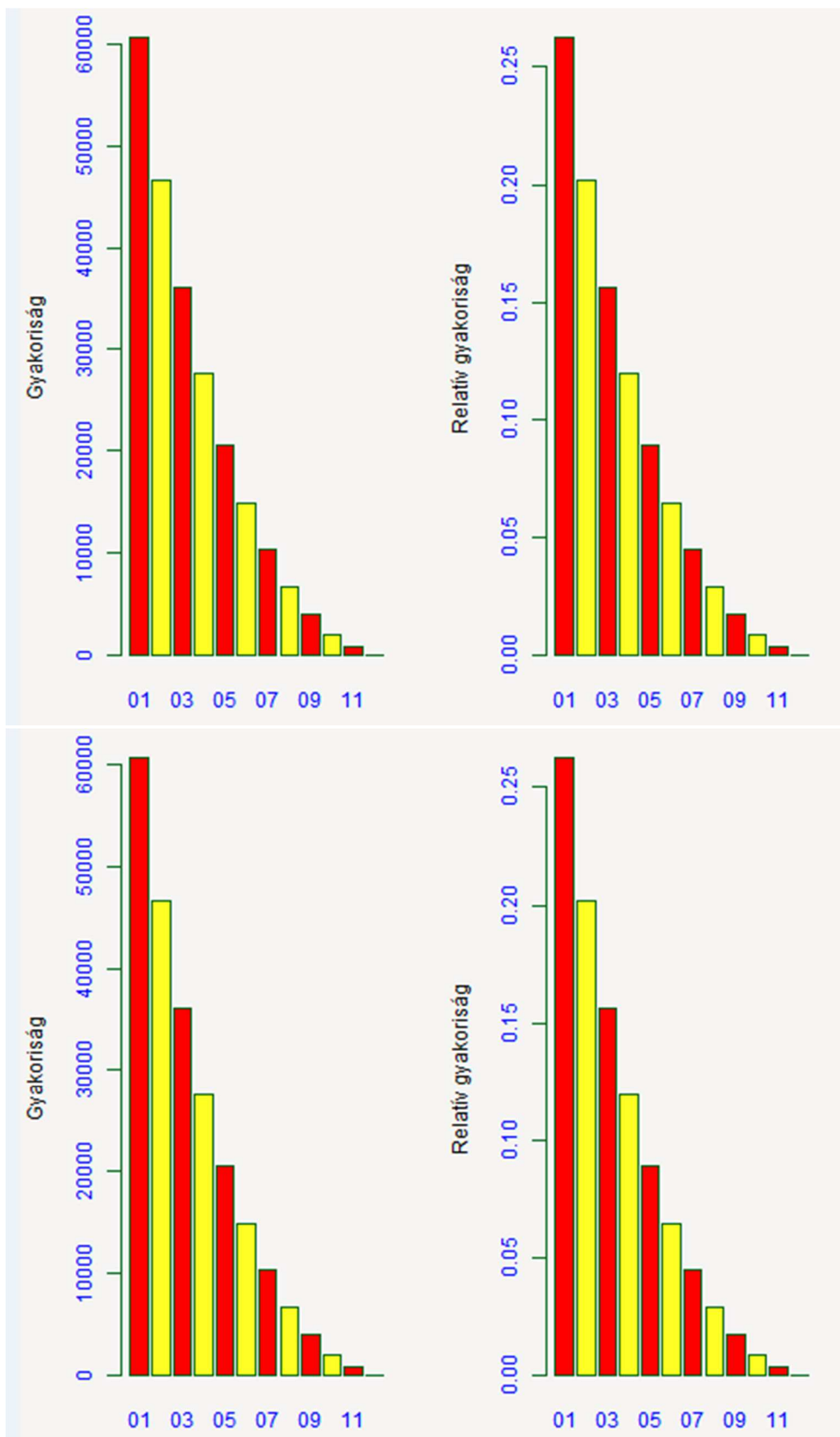
5. ábra - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák fialásainak eloszlása, választási év-hónap alapján



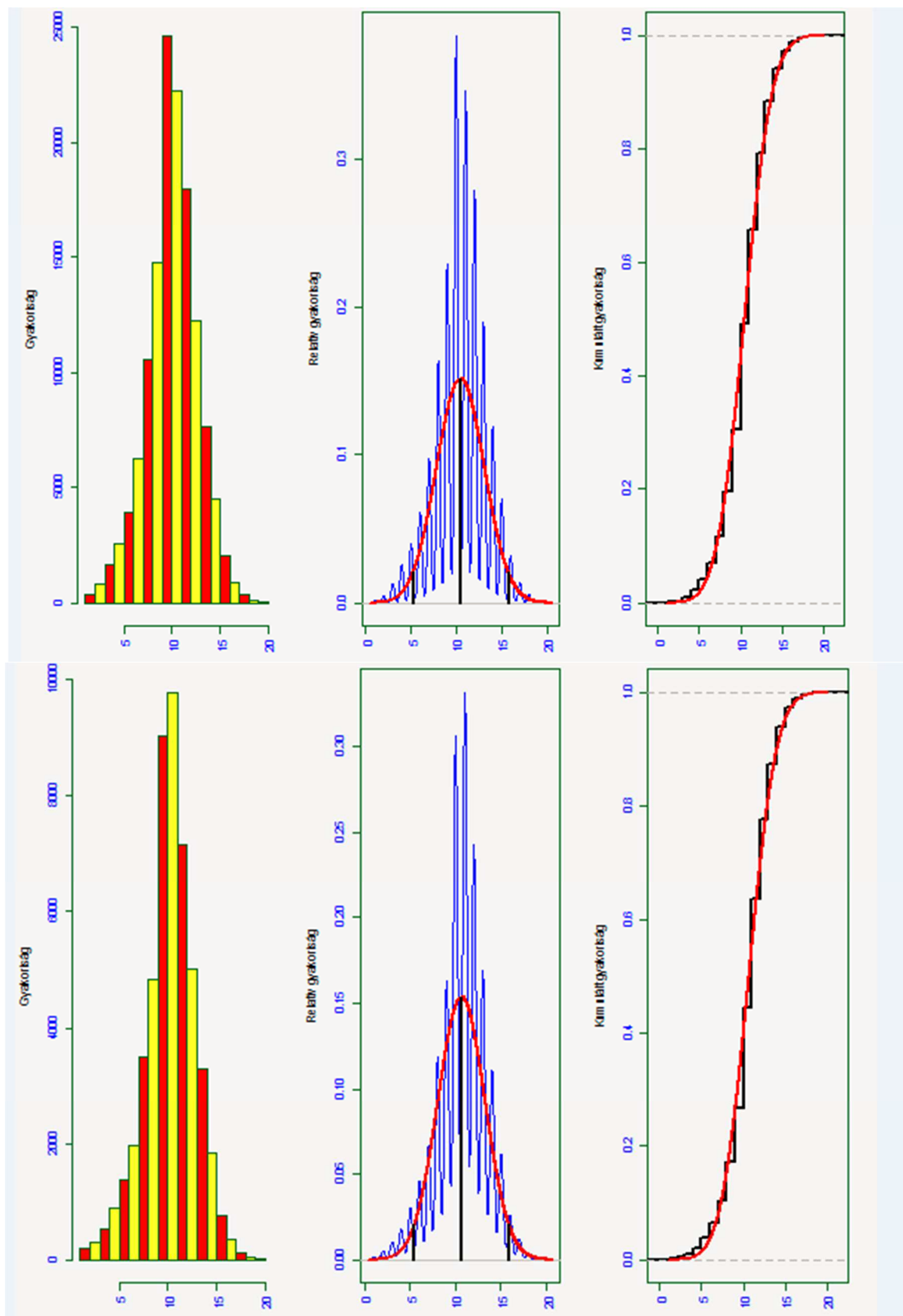
6. ábra - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák fialásainak eloszlása, választási év-hónap alapján



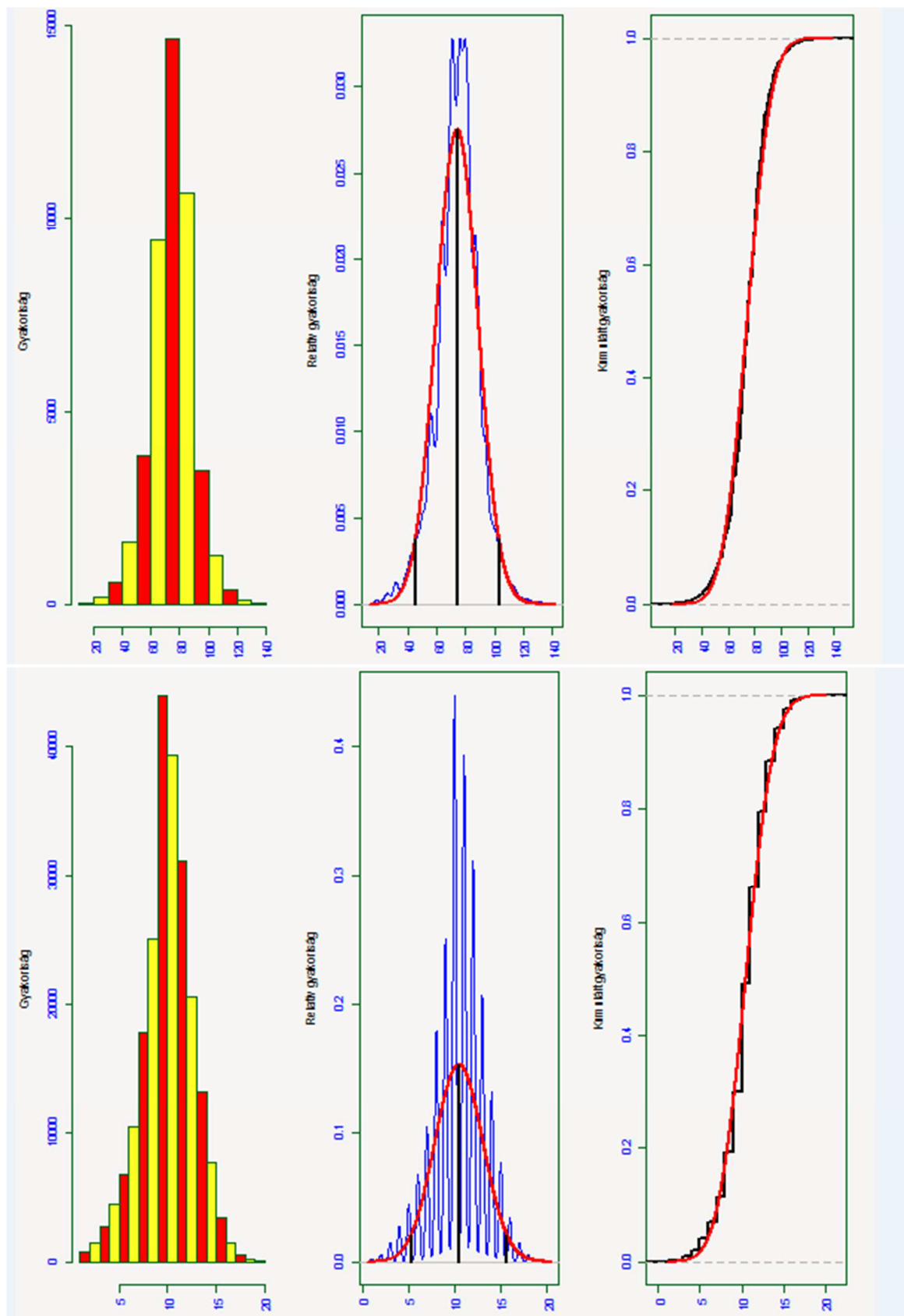
7. ábra - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysértés (alsó rész) kocák fialásainak eloszlása, fialási sorszám alapján



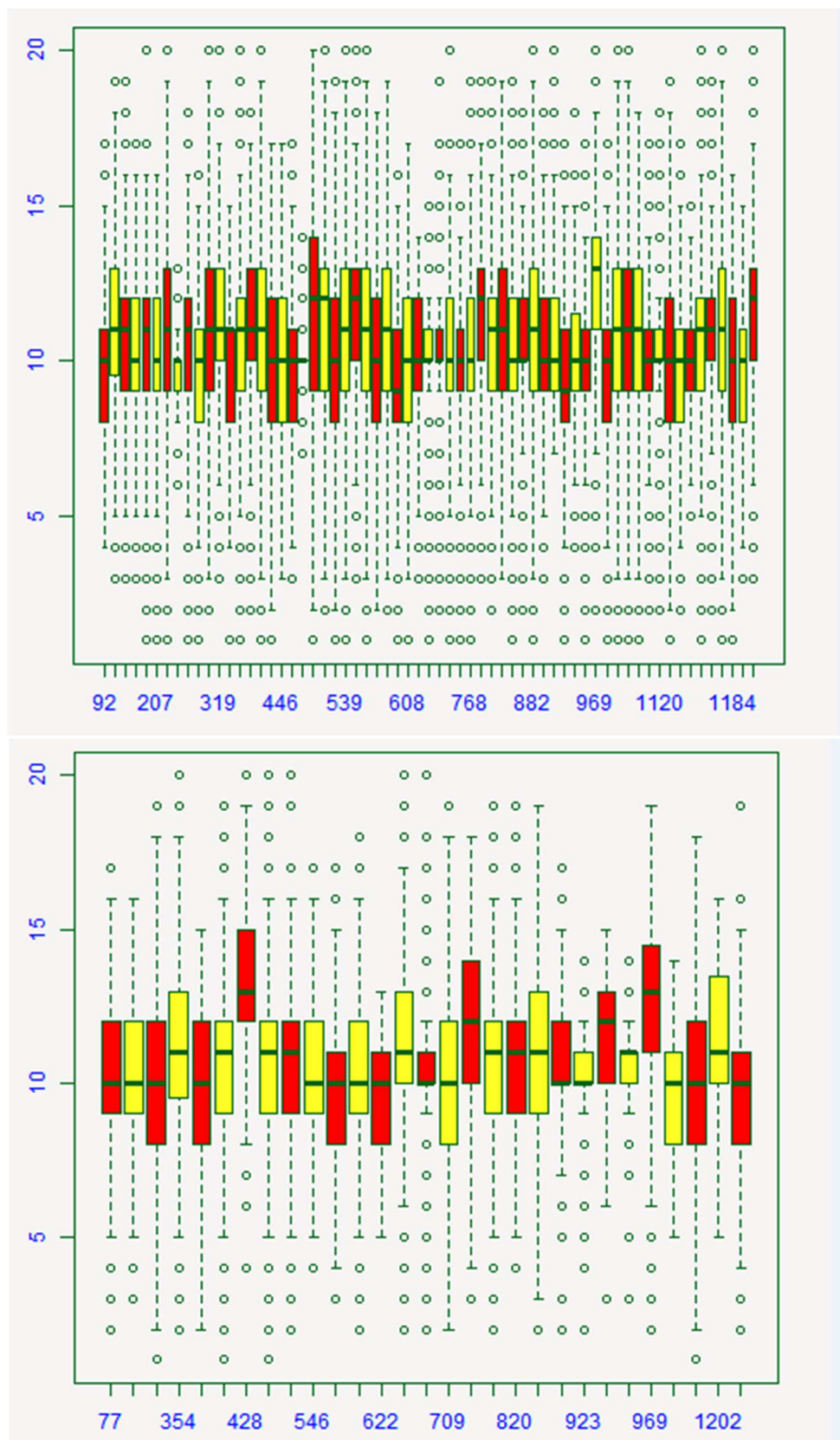
8. ábra - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák fialásainak eloszlása, fialási sorszám alapján



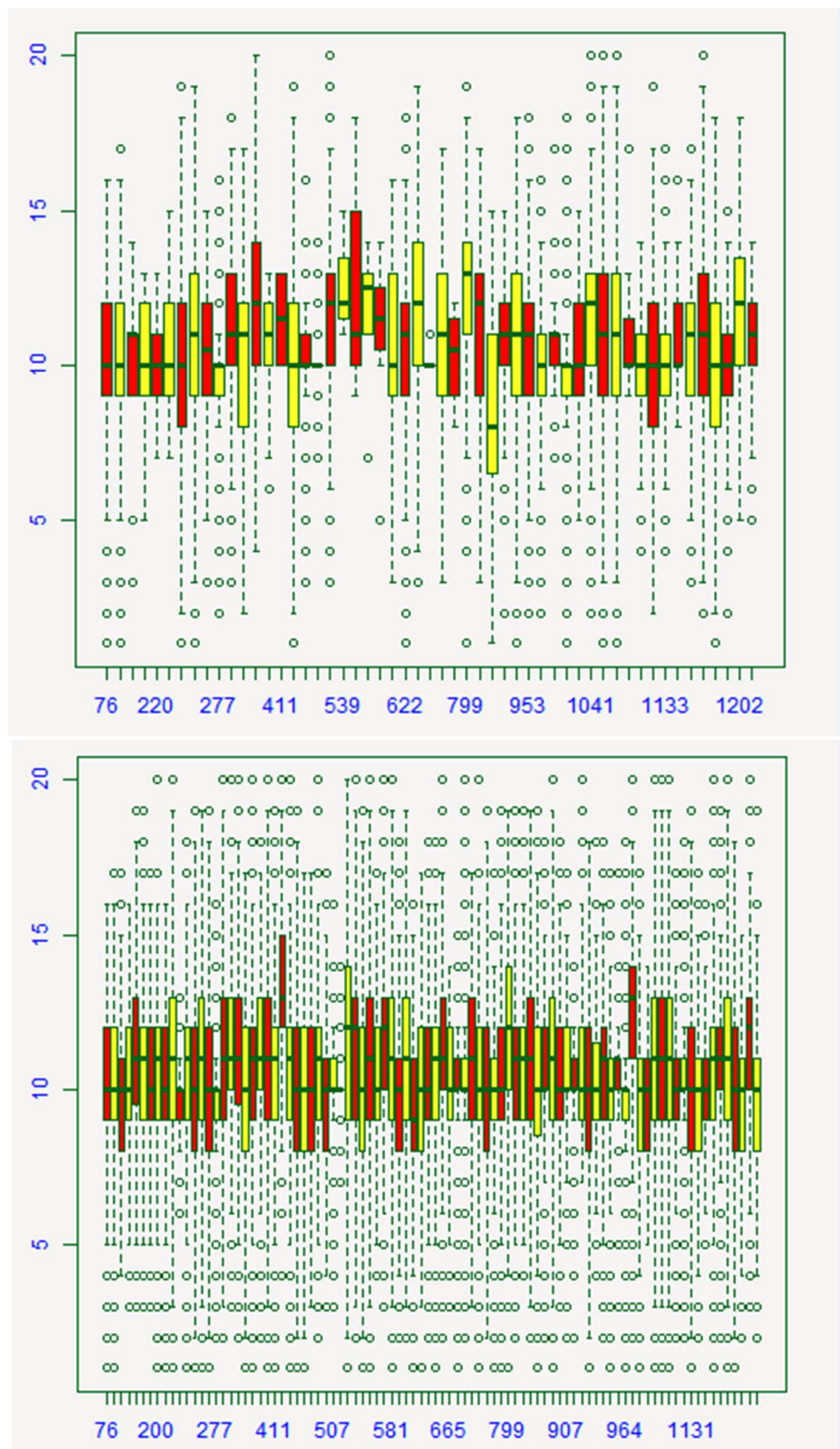
9. ábra - Magyar nagy fehér hűsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák élve született malacszámanak hisztogramja, sűrűség és eloszlásfüggvénye



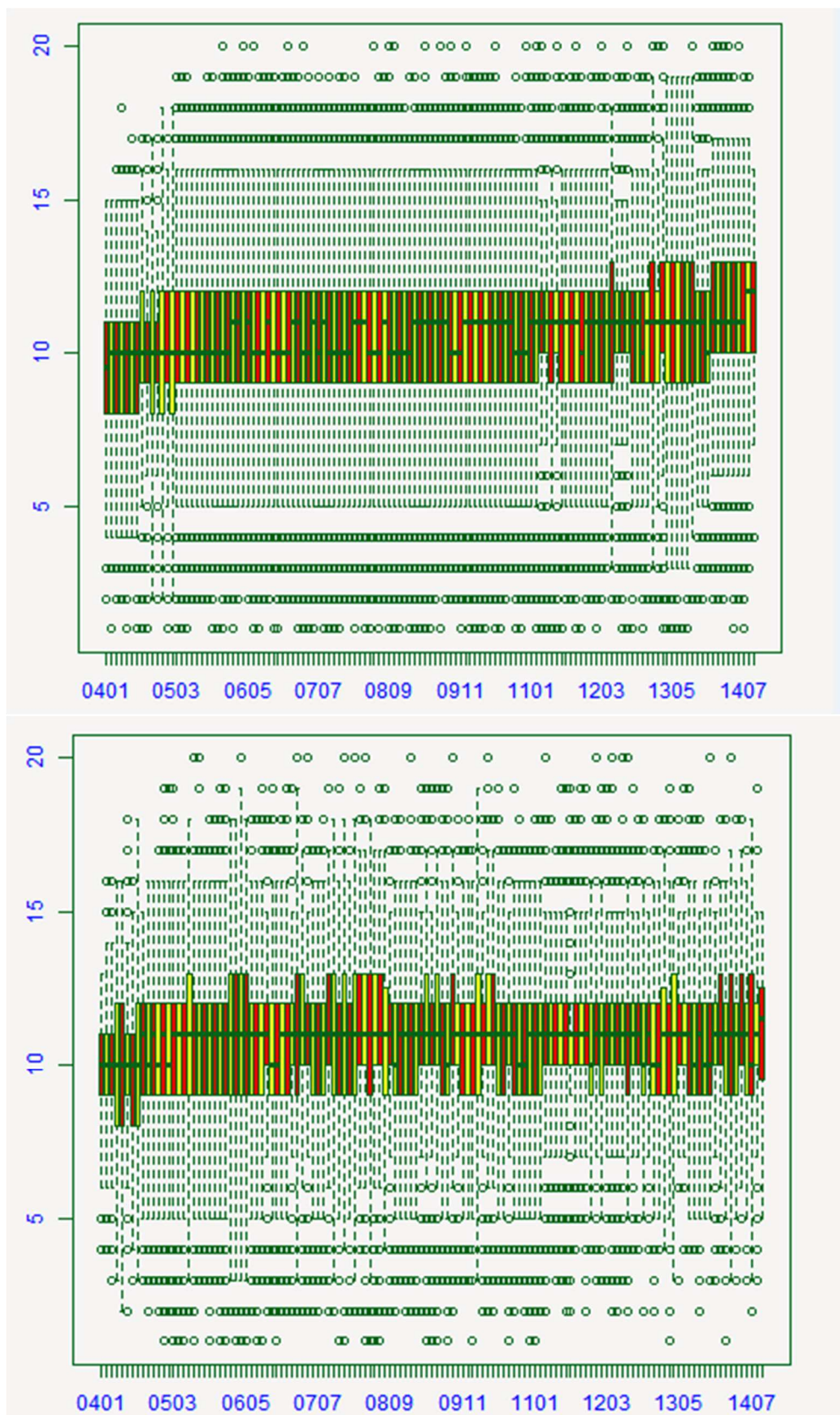
10. ábra - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák élve született malacszámának histogramja, sűrűség és eloszlásfüggvénye



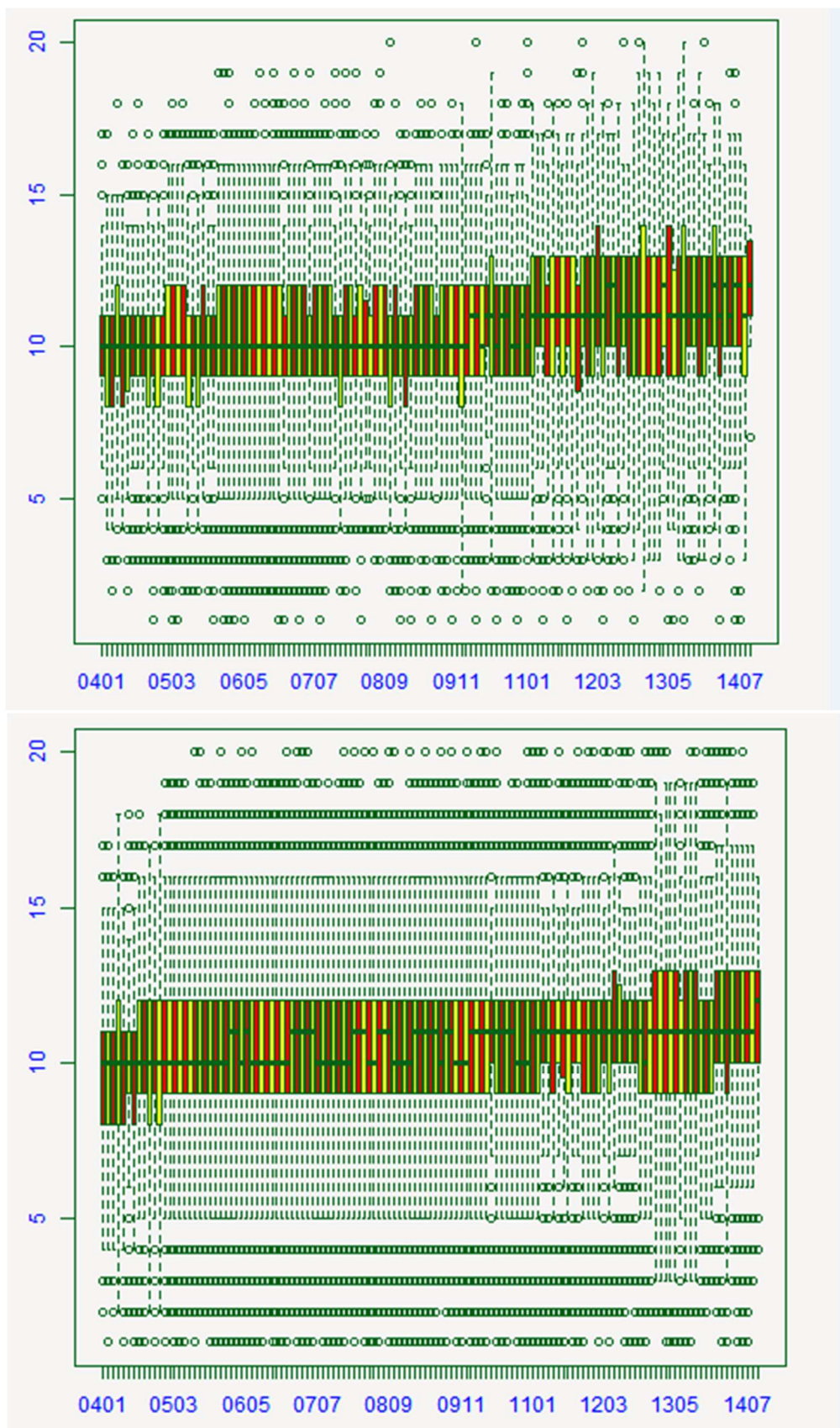
11. ábra - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák élve született malacszámaának eloszlása, tenyészetek alapján



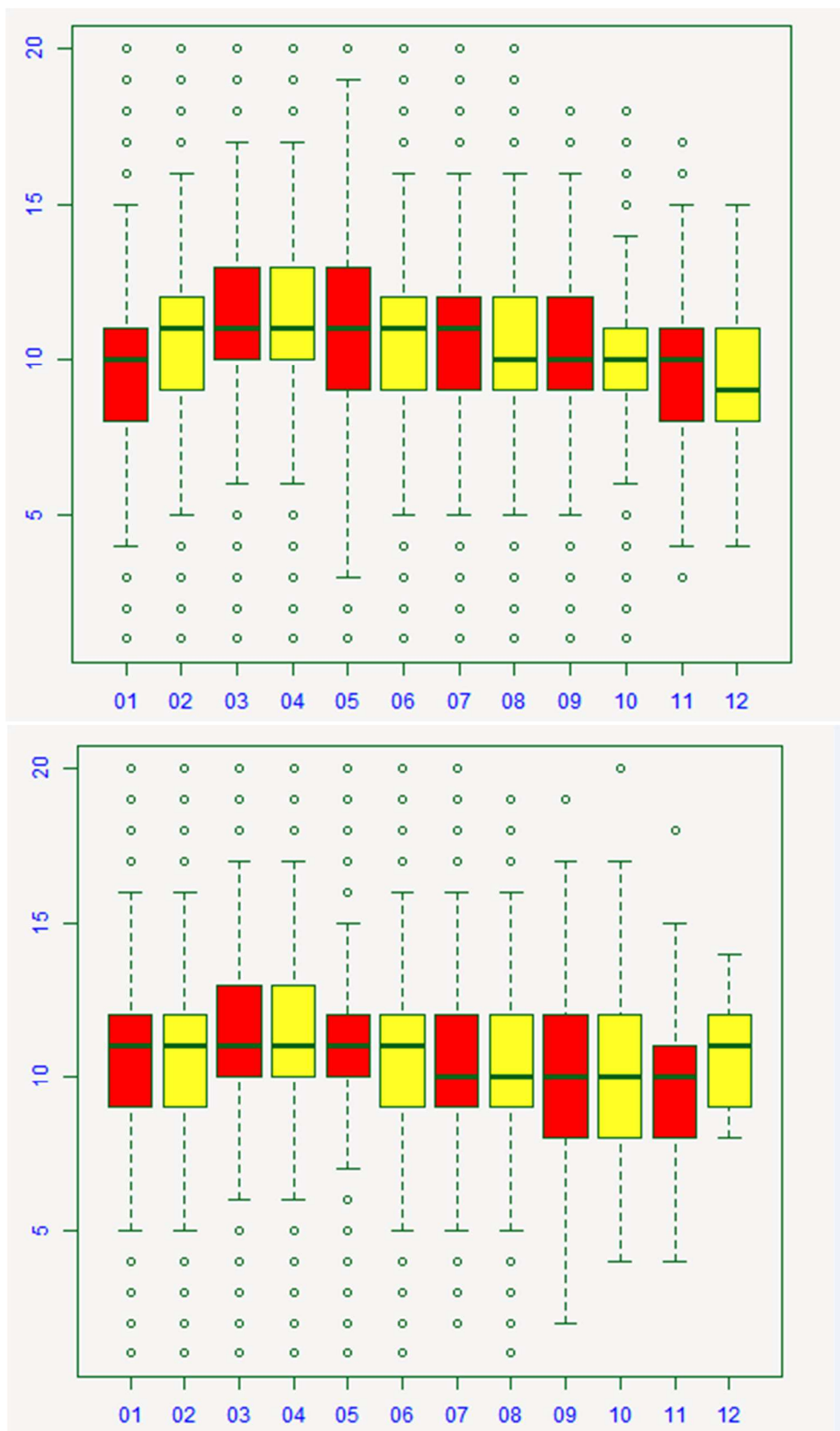
12. ábra - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák élve született malacs számának eloszlása, tenyészetek alapján



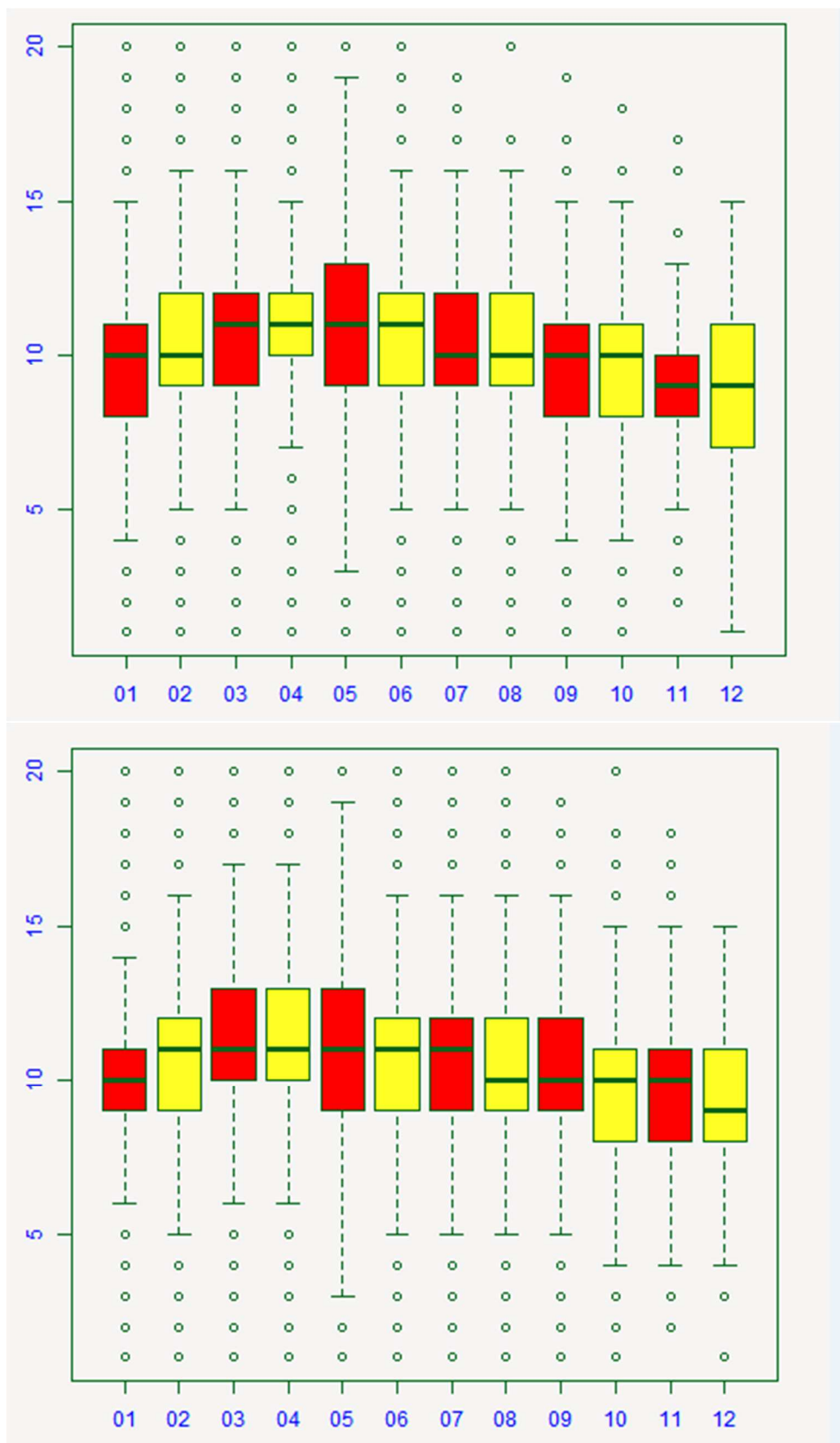
13. ábra - Magyar nagy fehér hússertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák élve született malacszámának eloszlása, fialási év-hónap alapján



14. ábra - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák élve született malacsának eloszlása, fialási év-hónap alapján



15. ábra - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák élve született malacsámának eloszlása, fialási sorszám alapján



16. ábra - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák élve született malacszámának eloszlása, fialási sorszám alapján

3.2.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságainak leíró statisztikai jellemzése

A vizsgált értékmérő tulajdonságok leíró statisztikáit a 2. táblázatban közöltem.

2. táblázat – A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikai jellemzői

Fajta	Tulajdonság	Elemsszám	Átlag	Szórás
Pannon fehér	SÚLY	6369	2,61	0,21
	SGY	125511	40,9	7,40
	COMB	6369	334	37,8
	NF21	18973	7,42	1,56
	KOR21	18973	20,8	0,81
	AL21	18973	2,65	0,66
Pannon nagytestű	SÚLY	4967	2,97	0,23
	SGY	31366	48,8	7,68
	COMB	4967	374	41,9
	NF21	3356	7,37	1,38
	KOR21	3356	20,8	0,72
	AL21	3356	2,74	0,64

SGY: átlagos napi súlygyarapodás; COMB: combizom-térfogat; NF21: nevelt fiókák száma a laktáció 28. napján; KOR21: fiókák életkora az alomsúly mérésekor; AL21: 21 napos alomsúly.

A két értékelte fajta eredményeit egymással összehasonlítva megállapítható, hogy a Pannon nagytestű nyulak átlagos súlygyarapodása, combizom-térfogata, illetve 21 napos alomsúlya meghaladja a Pannon fehér nyulak azonos tulajdonságoknál mért eredményeit. A különbségeket elsősorban az okozza, hogy a két fajta közül Pannon nagytestű nyulak kifejlített kori tömege mintegy 0,5 kg-al nagyobb (Matics és mtsai, 2014). Ugyanakkor, ahogyan azt az irodalmi áttekintés fejezetben is megemlítettem, a Pannon nagytestű fajta szelekciós kritériumai között az átlagos súlygyarapodás jelenleg is szerepel, míg ezt a tulajdonságot a Pannon fehér fajta tenyésztési programjában a 21 napos alomtömeg váltotta fel, ezért az 5 és 10 hetes kor közötti átlagos súlygyarapodás részben emiatt is eltérhet a Pannon nagytestű nyulak javára. A Pannon fehér nyulak eredményeit (a fajta kifejlített kori testsúlyát figyelembe véve) az anyai vonalak eredményeivel célszerű összevetni. Spanyol, illetve francia szerzők eredményei alapján a Pannon fehér nyulak nagyobb súlygyarapodást mutatnak a reprodukciós tulajdonságokra szelektált anyai vonalakhoz viszonyítva (Mínguez és mtsai, 2016), azonban a takarmányértékesítésre szelektált specializált vonal egyedei (Molette és mtsai, 2016) átlagosan nagyobb növekedési eréllyel rendelkeznek a Pannon fehér nyulakhoz képest. Hasonló szempontokat figyelembe véve a Pannon nagytestű nyulak teljesítményét francia apai vonalakkal összevetve a Pannon nagytestű nyulak fölénye volt megfigyelhető a testsúlyra és a súlygyarapodásra nézve (Larzul és de Rochambeau, 2004).

3.2.3. Pannon fehér nyúlállomány reprodukciós értékmérő tulajdonságainak leíró statisztikai jellemzése

A vizsgált értékmérő tulajdonságok leíró statisztikáit a 3. táblázatban közöltem.

3. táblázat – A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikai jellemzői

Fajta	Tulajdonság	Elemsszám	Átlag	Szórás
Pannon fehér	SZÉF	21332	8,52	3,04
	SZHF	21332	0,43	1,10
	AL21	21332	2,65	0,66

SZÉF: élve született fiókák száma; SZHF: holtan született fiókák száma; AL21: 21 napos alomsúly

3.3. Genetikai paraméterbecslés és tenyésztéértékbecslés

3.3.1. Sertés állományok reprodukciós értékmérő tulajdonságainak genetikai paraméterbecslése és tenyésztéértékbecslése

Az SZFTV adatok genetikai paramétereit a VCE6 szoftverrel (Groeneveld és mtsai, 2008) becsültem, egy, két, illetve háromtulajdonságos egyedmodellek segítségével. Az alkalmazott lineáris modellek általános szerkezete három csoportba sorolható:

$$y = Xb + Za + e$$

ahol y = megfigyelések vektora, b = környezeti tényezők vektora, a = additív genetikai hatások vektora, e = reziduális hatások vektora, X és Z , sorrendben a környezeti tényezők és az additív genetikai hatások előfordulási mátrixai.

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

ahol pe = tartós környezeti hatások vektora, W a tartós környezeti hatások előfordulási mátrixa. A többi tényező azonos az előző modell típusnál megadottakkal.

$$y = Xb + Za + Kc + e$$

ahol c = véletlen alomhatások vektora, K a véletlen alomhatások előfordulási mátrixa. A többi tényező azonos az előző modell típusnál megadottakkal.

Összesen 120 különböző modellt alkalmaztam, melyek szerkezetét az 4. táblázatban közöltem.

A becsült genetikai komponensek felhasználásával történt a vizsgált tulajdonságokra vonatkozó BLUP (Henderson, 1975) tenyésztéértékbecslés, az alkalmazott szoftver a PEST (Groeneveld, 1990) volt. A genetikai paraméterek becsléséhez felhasznált 120 modellből a VCE program futtatása során kapott státuszok, futási idők, illetve a szakirodalomban ismertett modell szerkezetek alapján kiválasztottam 9 (4. táblázat; 4, 19, 20, 27, 28, 35, 43, 44, 64 modellek) modellt, melyekre elvégeztem a modellek illesztésvizsgálatát. Az egyes vizsgált értékmérő tulajdonságokra történő illesztés vizsgálatokat a PEST szoftver PREDICTION alkalmazása alapján az alábbi paraméterek kiszámításával végeztem:

Átlagos négyzetes hiba (**MSE**):

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)^2$$

Torzítottság (**BIAS**):

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)$$

ahol y_i az adott értékmérő i -edik mért értéke, $\hat{y}_i$ az adott értékmérő i -edik mért értékének BLUP becslése. A modellek illesztési paramétereit az 5. táblázatban adtam meg. A vizsgált tulajdonságokra becsült tenyésztési értékek jellemzőit, illetve a becsült genetikai trendeket a legjobb illesztést mutató modellekre korlátoztam. Az egyes vizsgálati években született egyedek tenyésztési értékeinek átlagát lineáris regresszióval a vizsgálati évekre illesztettem, az így kapott regressziós együttható adta meg a vizsgált tulajdonságra becsült genetikai trendet.

4. táblázat – Vizsgálati egyedmodellek szerkezete

Modell	Tulajdonság				Faktorok (Típus)										
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	EGYED (A)	ALOM (R)	ISM (R)	FKOR (C)	VKOR (C)	NM28 (C/F)	FSOR (F)	FÉVH (F)	VÉVH (F)	FAJTA (F)	TENY (F)
1	X	X	X	-	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
2	X	X	X	-	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
3	X	X	X	-	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
4	X	X	X	-	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
5	X	X	X	-	X	X	-	X	X	-	-	X	X	X	X
6	X	X	X	-	X	-	-	X	X	-	-	X	X	X	X
7	X	X	X	-	X	X	X	X	X	-	-	X	X	X	X
8	X	X	X	-	X	-	X	X	X	-	-	X	X	X	X
9	X	X	-	-	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
10	X	X	-	-	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
11	X	X	-	-	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
12	X	X	-	-	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
13	X	X	-	-	X	X	-	X	X	-	-	X	X	X	X
14	X	X	-	-	X	-	-	X	X	-	-	X	X	X	X
15	X	X	-	-	X	X	X	X	X	-	-	X	X	X	X
16	X	X	-	-	X	-	X	X	X	-	-	X	X	X	X

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján; EGYED (A): additív genetikai hatás; ALOM (R): véletlen alomhatás; ISM (R): tartós környezeti hatás; FKOR (C): koca életkora fialáskor (kovariáns); VKOR (C): koca életkora választáskor (Kovariáns); NM28 (C/F): nevelt malacok száma a laktáció 28. napján (kovariáns/fix hatás); FSOR (F): fialási sorszám (fix hatás); FÉVH (F): fialás év-hónap (fix hatás); VÉVH (F): választás év-hónap (fix hatás); FAJTA: fajta, illetve fajta konstrukció (fix hatás); TENY (F): tenyészet (fix hatás)

4. táblázat (folytatás) – Vizsgálati egyedmodellek szerkezete

Modell	Tulajdonság				Faktorok (Típus)										
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	EGYED (A)	ALOM (R)	ISM (R)	FKOR (C)	VKOR (C)	NM28 (C/F)	FSOR (F)	FÉVH (F)	VÉVH (F)	FAJTA (F)	TENY (F)
17	X	X	-	X	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
18	X	X	-	X	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
19	X	X	-	X	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
20	X	X	-	X	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
21	X	X	-	X	-	X	-	X	X	-	-	X	X	X	X
22	X	X	-	X	-	-	-	X	X	-	-	X	X	X	X
23	X	X	-	X	-	X	X	X	X	-	-	X	X	X	X
24	X	X	-	X	-	-	X	X	X	-	-	X	X	X	X
25	X	-	-	X	X	X	-	-	-	F	X	X	X	X	X
26	X	-	-	X	X	-	-	-	-	F	X	X	X	X	X
27	X	-	-	X	X	X	X	-	-	F	X	X	X	X	X
28	X	-	-	X	X	-	X	-	-	F	X	X	X	X	X
29	X	-	-	X	X	X	-	X	X	F	-	X	X	X	X
30	X	-	-	X	X	-	-	X	X	F	-	X	X	X	X
31	X	-	-	X	X	X	X	X	X	F	-	X	X	X	X
32	X	-	-	X	X	-	X	X	X	F	-	X	X	X	X

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján; EGYED (A): additív genetikai hatás; ALOM (R): véletlen alomhatás; ISM (R): tartós környezeti hatás; FKOR (C): koca életkora fialáskor (kovariáns); VKOR (C): koca életkora választáskor (Kovariáns); NM28 (C/F): nevelt malacok száma a laktáció 28. napján (kovariáns/fix hatás); FSOR (F): fialási sorszám (fix hatás); FÉVH (F): fialás év-hónap (fix hatás); VÉVH (F): választás év-hónap (fix hatás); FAJTA: fajta, illetve fajta konstrukció (fix hatás); TENY (F): tenyészet (fix hatás)

4. táblázat (folytatás) – Vizsgálati egyedmodellek szerkezete

Modell	Tulajdonság				Faktorok (Típus)										
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	EGYED (A)	ALOM (R)	ISM (R)	FKOR (C)	VKOR (C)	NM28 (C/F)	FSOR (F)	FÉVH (F)	VÉVH (F)	FAJTA (F)	TENY (F)
33	X	-	-	X	X	X	-	-	-	C	X	X	X	X	X
34	X	-	-	X	X	-	-	-	-	C	X	X	X	X	X
35	X	-	-	X	X	X	X	-	-	C	X	X	X	X	X
36	X	-	-	X	X	-	X	-	-	C	X	X	X	X	X
37	X	-	-	X	X	X	-	X	X	C	-	X	X	X	X
38	X	-	-	X	X	-	-	X	X	C	-	X	X	X	X
39	X	-	-	X	X	X	X	X	X	C	-	X	X	X	X
40	X	-	-	X	X	-	X	X	X	C	-	X	X	X	X
41	X	-	-	X	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
42	X	-	-	X	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
43	X	-	-	X	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
44	X	-	-	X	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
45	X	-	-	X	X	X	-	X	X	-	-	X	X	X	X
46	X	-	-	X	X	-	-	X	X	-	-	X	X	X	X
47	X	-	-	X	X	X	X	X	X	-	-	X	X	X	X
48	X	-	-	X	X	-	X	X	X	-	-	X	X	X	X

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján; EGYED (A): additív genetikai hatás; ALOM (R): véletlen alomhatás; ISM (R): tartós környezeti hatás; FKOR (C): koca életkora fialáskor (kovariáns); VKOR (C): koca életkora választáskor (Kovariáns); NM28 (C/F): nevelt malacok száma a laktáció 28. napján (kovariáns/fix hatás); FSOR (F): fialási sorszám (fix hatás); FÉVH (F): fialás év-hónap (fix hatás); VÉVH (F): választás év-hónap (fix hatás); FAJTA: fajta, illetve fajta konstrukció (fix hatás); TENY (F): tenyészet (fix hatás)

4. táblázat (folytatás) – Vizsgálati egyedmodellek szerkezete

Modell	Tulajdonság				Faktorok (Típus)										
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	EGYED (A)	ALOM (R)	ISM (R)	FKOR (C)	VKOR (C)	NM28 (C/F)	FSOR (F)	FÉVH (F)	VÉVH (F)	FAJTA (F)	TENY (F)
49	X	-	-	-	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
50	X	-	-	-	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
51	X	-	-	-	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
52	X	-	-	-	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
53	X	-	-	-	X	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X
54	X	-	-	-	X	-	-	X	-	-	-	X	X	X	X
55	X	-	-	-	X	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X
56	X	-	-	-	X	-	X	X	-	-	-	X	X	X	X
57	-	X	-	X	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
58	-	X	-	X	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
59	-	X	-	X	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
60	-	X	-	X	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
61	-	X	-	X	X	X	-	-	X	-	-	X	X	X	X
62	-	X	-	X	X	-	-	-	X	-	-	X	X	X	X
63	-	X	-	X	X	X	X	-	X	-	-	X	X	X	X
64	-	X	-	X	X	-	X	-	X	-	-	X	X	X	X

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján; EGYED (A): additív genetikai hatás; ALOM (R): véletlen alomhatás; ISM (R): tartós környezeti hatás; FKOR (C): koca életkora fialáskor (kovariáns); VKOR (C): koca életkora választáskor (Kovariáns); NM28 (C/F): nevelt malacok száma a laktáció 28. napján (kovariáns/fix hatás); FSOR (F): fialási sorszám (fix hatás); FÉVH (F): fialás év-hónap (fix hatás); VÉVH (F): választás év-hónap (fix hatás); FAJTA: fajta, illetve fajta konstrukció (fix hatás); TENY (F): tenyészet (fix hatás)

4. táblázat (folytatás) – Vizsgálati egyedmodellek szerkezete

Modell	Tulajdonság				Faktorok (Típus)										
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	EGYED (A)	ALOM (R)	ISM (R)	FKOR (C)	VKOR (C)	NM28 (C/F)	FSOR (F)	FÉVH (F)	VÉVH (F)	FAJTA (F)	TENY (F)
65	-	X	-	-	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
66	-	X	-	-	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
67	-	X	-	-	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
68	-	X	-	-	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
69	-	X	-	-	X	X	-	-	X	-	-	X	X	X	X
70	-	X	-	-	X	-	-	-	X	-	-	X	X	X	X
71	-	X	-	-	X	X	X	-	X	-	-	X	X	X	X
72	-	X	-	-	X	-	X	-	X	-	-	X	X	X	X
73	-	-	-	X	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
74	-	-	-	X	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
75	-	-	-	X	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
76	-	-	-	X	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
77	-	-	-	X	X	X	-	-	X	-	-	X	X	X	X
78	-	-	-	X	X	-	-	-	X	-	-	X	X	X	X
79	-	-	-	X	X	X	X	-	X	-	-	X	X	X	X
80	-	-	-	X	X	-	X	-	X	-	-	X	X	X	X

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján; EGYED (A): additív genetikai hatás; ALOM (R): véletlen alomhatás; ISM (R): tartós környezeti hatás; FKOR (C): koca életkora fialáskor (kovariáns); VKOR (C): koca életkora választáskor (Kovariáns); NM28 (C/F): nevelt malacok száma a laktáció 28. napján (kovariáns/fix hatás); FSOR (F): fialási sorszám (fix hatás); FÉVH (F): fialás év-hónap (fix hatás); VÉVH (F): választás év-hónap (fix hatás); FAJTA: fajta, illetve fajta konstrukció (fix hatás); TENY (F): tenyészet (fix hatás)

4. táblázat (folytatás) – Vizsgálati egyedmodellek szerkezete

Modell	Tulajdonság				Faktorok (Típus)										
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	EGYED (A)	ALOM (R)	ISM (R)	FKOR (C)	VKOR (C)	NM28 (C/F)	FSOR (F)	FÉVH (F)	VÉVH (F)	FAJTA (F)	TENY (F)
81	-	-	-	X	X	X	-	-	-	F	X	X	X	X	X
82	-	-	-	X	X	-	-	-	-	F	X	X	X	X	X
83	-	-	-	X	X	X	X	-	-	F	X	X	X	X	X
84	-	-	-	X	X	-	X	-	-	F	X	X	X	X	X
85	-	-	-	X	X	X	-	-	X	F	-	X	X	X	X
86	-	-	-	X	X	-	-	-	X	F	-	X	X	X	X
87	-	-	-	X	X	X	X	-	X	F	-	X	X	X	X
88	-	-	-	X	X	-	X	-	X	F	-	X	X	X	X
89	-	-	-	X	X	X	-	-	-	C	X	X	X	X	X
90	-	-	-	X	X	-	-	-	-	C	X	X	X	X	X
91	-	-	-	X	X	X	X	-	-	C	X	X	X	X	X
92	-	-	-	X	X	-	X	-	-	C	X	X	X	X	X
93	-	-	-	X	X	X	-	-	X	C	-	X	X	X	X
94	-	-	-	X	X	-	-	-	X	C	-	X	X	X	X
95	-	-	-	X	X	X	X	-	X	C	-	X	X	X	X
96	-	-	-	X	X	-	X	-	X	C	-	X	X	X	X

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján; EGYED (A): additív genetikai hatás; ALOM (R): véletlen alomhatás; ISM (R): tartós környezeti hatás; FKOR (C): koca életkora fialáskor (kovariáns); VKOR (C): koca életkora választáskor (Kovariáns); NM28 (C/F): nevelt malacok száma a laktáció 28. napján (kovariáns/fix hatás); FSOR (F): fialási sorszám (fix hatás); FÉVH (F): fialás év-hónap (fix hatás); VÉVH (F): választás év-hónap (fix hatás); FAJTA: fajta, illetve fajta konstrukció (fix hatás); TENY (F): tenyészet (fix hatás)

4. táblázat (folytatás) – Vizsgálati egyedmodellek szerkezete

Modell	Tulajdonság				Faktorok (Típus)										
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	EGYED (A)	ALOM (R)	ISM (R)	FKOR (C)	VKOR (C)	NM28 (C/F)	FSOR (F)	FÉVH (F)	VÉVH (F)	FAJTA (F)	TENY (F)
97	-	-	X	-	X	X	-	-	-	F	X	X	X	X	X
98	-	-	X	-	X	-	-	-	-	F	X	X	X	X	X
99	-	-	X	-	X	X	X	-	-	F	X	X	X	X	X
100	-	-	X	-	X	-	X	-	-	F	X	X	X	X	X
101	-	-	X	-	X	X	-	-	X	F	-	X	X	X	X
102	-	-	X	-	X	-	-	-	X	F	-	X	X	X	X
103	-	-	X	-	X	X	X	-	X	F	-	X	X	X	X
104	-	-	X	-	X	-	X	-	X	F	-	X	X	X	X
105	-	-	X	-	X	X	-	-	-	C	X	X	X	X	X
106	-	-	X	-	X	-	-	-	-	C	X	X	X	X	X
107	-	-	X	-	X	X	X	-	-	C	X	X	X	X	X
108	-	-	X	-	X	-	X	-	-	C	X	X	X	X	X
109	-	-	X	-	X	X	-	-	X	C	-	X	X	X	X
110	-	-	X	-	X	-	-	-	X	C	-	X	X	X	X
111	-	-	X	-	X	X	X	-	X	C	-	X	X	X	X
112	-	-	X	-	X	-	X	-	X	C	-	X	X	X	X

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján; EGYED (A): additív genetikai hatás; ALOM (R): véletlen alomhatás; ISM (R): tartós környezeti hatás; FKOR (C): koca életkora fialáskor (kovariáns); VKOR (C): koca életkora választáskor (Kovariáns); NM28 (C/F): nevelt malacok száma a laktáció 28. napján (kovariáns/fix hatás); FSOR (F): fialási sorszám (fix hatás); FÉVH (F): fialás év-hónap (fix hatás); VÉVH (F): választás év-hónap (fix hatás); FAJTA: fajta, illetve fajta konstrukció (fix hatás); TENY (F): tenyészet (fix hatás)

4. táblázat (folytatás) – Vizsgálati egyedmodellek szerkezete

Modell	Tulajdonság				Faktorok (Típus)										
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	EGYED (A)	ALOM (R)	ISM (R)	FKOR (C)	VKOR (C)	NM28 (C/F)	FSOR (F)	FÉVH (F)	VÉVH (F)	FAJTA (F)	TENY (F)
113	-	-	X	-	X	X	-	-	-	-	X	X	X	X	X
114	-	-	X	-	X	-	-	-	-	-	X	X	X	X	X
115	-	-	X	-	X	X	X	-	-	-	X	X	X	X	X
116	-	-	X	-	X	-	X	-	-	-	X	X	X	X	X
117	-	-	X	-	X	X	-	-	X	-	-	X	X	X	X
118	-	-	X	-	X	-	-	-	X	-	-	X	X	X	X
119	-	-	X	-	X	X	X	-	X	-	-	X	X	X	X
120	-	-	X	-	X	-	X	-	X	-	-	X	X	X	X

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján; EGYED (A): additív genetikai hatás; ALOM (R): véletlen alomhatás; ISM (R): tartós környezeti hatás; FKOR (C): koca életkora fialáskor (kovariáns); VKOR (C): koca életkora választáskor (Kovariáns); NM28 (C/F): nevelt malacok száma a laktáció 28. napján (kovariáns/fix hatás); FSOR (F): fialási sorszám (fix hatás); FÉVH (F): fialás év-hónap (fix hatás); VÉVH (F): választás év-hónap (fix hatás); FAJTA: fajta, illetve fajta konstrukció (fix hatás); TENY (F): tenyészet (fix hatás)

3.3.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságainak genetikai paraméterbecslése és tenyésztérbecslése

A vizsgált tulajdonságok genetikai paramétereit a VCE6 szoftverrel (Groeneveld és mtsai, 2008) becsültem, egy és háromtulajdonságos egyedmodellek segítségével. Az alkalmazott alapmodellek általános szerkezete két csoportba sorolható. A 21 napos alomtömeg esetében:

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

ahol y = megfigyelések vektora, b = környezeti tényezők vektora, a = additív genetikai hatások vektora, pe = tartós környezeti hatások vektora, e = reziduális hatások vektora, X , Z és W , sorrendben a környezeti tényezők, az additív genetikai hatások és a tartós környezeti hatások előfordulási mátrixa.

Az átlagos napi súlygyarapodás és a combizom-térfogat esetében:

$$y = Xb + Za + Kc + e$$

ahol c = véletlen alomhatások vektora, K a véletlen alomhatások előfordulási mátrixa. A többi tényező azonos az előző modell típusnál megadottakkal.

Az alapmodelleken kívül a kiegészített modellek tartalmazták a dominanciahatásokat is, melyek nagy számítási kapacitásigény miatt egytulajdonságos egyedmodellek voltak. A kiegészített modellek közül az első esetben dominanciahatások a tartós környezeti hatásokat, illetve a véletlen alomhatásokat váltották fel a modellben:

$$y = Xb + Za + Uf + e$$

ahol f = családhatások vektora, U a családhatások előfordulási mátrixa. A többi tényező azonos az előző modell típusnál megadottakkal. A dominanciahatások nagyságát a családhatások alapján határoztam meg Hoeschele és VanRaden (1991) közleménye alapján.

A második esetben dominanciahatások kiegészítették a modellben szereplő egyéb hatásokat:

$$y = Xb + Za + Wpe + Uf + e$$

$$y = Xb + Za + Kc + Uf + e$$

ahol az összes tényező azonos az előző modell típusnál megadottakkal.

A vizsgált tulajdonságokban szereplő környezeti hatásokat az 5. táblázatban közöltem.

A becsült genetikai komponensek felhasználásával történt a vizsgált tulajdonságokra vonatkozó BLUP (Henderson, 1975) tenyésztérbecslés, az alkalmazott szoftver a PEST (Groeneveld, 1990) volt. A különböző modellek alapján becsült tenyésztérbecslések stabilitását rangkorrelációval vizsgáltam (R-Core team, 2016).

5. táblázat – Vizsgálati egyedmodellekben szereplő környezeti hatások

Faktorok	Típus	Tulajdonság		
		SGY	COMB	AL21
IVAR	F	X	X	-
SGYÉVHÓ	F	X	-	-
CTÉVHÓ	F	-	X	-
AL21ÉVHÓ	F	-	-	X
CTSÚLY	C	-	X	-
CTPIXEL	F	-	X	-
FIALSOR	F	-	-	X
NF21	C	-	-	X
KOR21	C	-	-	X

SGY: átlagos napi súlygyarapodás; COMB: combizom-térfogat; AL21: 21 napos alomsúly; F: fix hatás; C: kovariáns; IVAR: a vizsgált nyulak ivara; SGYÉVHÓ: vizsgálati év-hónap 10 hetes korban; CTÉVHÓ: vizsgálati év-hónap a CT vizsgálatkor; AL21ÉVHÓ: vizsgálati év-hónap az alomsúly mérésekor; CTSÚLY: testsúly a CT vizsgálatkor; CTPIXEL: az izom térfogatának meghatározásához beállított Housnfield tartomány; NF21: nevelt fiókák száma a laktáció 28. napján; KOR21: fiókák életkora az alomsúly mérésekor

3.4. Pedigréanalízis

3.4.1. Pannon fehér nyúlállomány pedigréanalízise

A vizsgált állományt a Kaposvár Egyetem kísérleti nyúltelepén tenyésztett Pannon fehér nyúlpopuláció alkotta. A pedigréanalízisbe az 1992 és 2014 között született tenyészállatokat vontam be. A megadott időszakra vonatkozóan a pedigree összesen 8170 egyed adatait tartalmazta, melyek 2941 anyától és 1241 baktól származtak.

A pedigréanalízis során az alábbi fontosabb mutatókat határoztam meg:

- Pedigré teljesség (CGE) (Gutierrez és Goyache, 2005)
- Wright-féle beltenyésztési együttható (F) (Wright, 1922), (Gutierrez és Goyache, 2005)
- Wright-féle beltenyésztési együttható 4 generáció alapján (F₄) (Gutierrez és Goyache, 2005)
- Ballou-féle beltenyésztési együttható (F_{BAL}) (Ballou, 1997)
- Kalinowski-féle beltenyésztési együttható (F_{KAL}) (Kalinowski és mtsai, 2000)
- Kalinowski-féle „új” beltenyésztési együttható (F_{KAL_ÚJ}) (Kalinowski és mtsai, 2000)
- Baumung-féle beltenyésztési együttható (F_{BAUM}) (Baumung és mtsai, 2015)
- Realizált effektív populációméret (Ne) (Gutierrez és mtsai, 2008, 2009)

A felsorolt mutatók kiszámításához az ENDOG v.4.8 (Gutierrez és Goyache, 2005), illetve a GRAIN (Baumung és mtsai, 2015) szoftvereket alkalmaztam. A különböző szerzők alapján meghatározott beltenyésztési együtthatók közti összefüggés szorosságát korrelációanalízis segítségével vizsgáltam (R-Core team, 2016).

3.5. Beltenyésztéses leromlás

3.5.1. Pannon fehér nyúlállomány állomány reprodukciós értékmérő tulajdonságaiban tapasztalható beltenyésztési leromlás becslése

A vizsgált tulajdonságok genetikai paramétereit a VCE6 szoftverrel (Groeneveld és mtsai, 2008) becsültem, egytulajdonságos egyedmodellek segítségével. Az alkalmazott alapmodellek általános szerkezete:

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

ahol y = megfigyelések vektora, b = környezeti tényezők vektora, a = additív genetikai hatások vektora, pe = tartós környezeti hatások vektora, e = reziduális hatások vektora, X , Z és W , sorrendben a környezeti tényezők, az additív genetikai hatások és a tartós környezeti hatások előfordulási mátrixa.

Az alapmodellek esetében a modellben a 3.4.1. pontban felsorolt különféle beltenyésztési együttthatók közül csak egyfélét tartalmazott. A kiegészített modellek vagy kétféle beltenyésztési együttthatót tartalmaztak (F , F_{BAL}), vagy a hagyományos beltenyésztési együttthatót a Wright és a Ballou beltenyésztési együttthatók interakciója egészítette ki (F , $F * F_{BAL}$). A vizsgált tulajdonságokban szereplő környezeti hatásokat a 6. táblázatban közöltem. A becsült genetikai komponensek felhasználásával történt a vizsgált tulajdonságokra vonatkozó BLUP (Henderson, 1975) tenyésztéskbecslés, az alkalmazott szoftver a PEST (Groeneveld, 1990) volt. A beltenyésztési leromlást, BLUP egyedmodellben kovariánsként szereplő beltenyésztési együttthatóra kapott BLUE becslés adta meg (Mehrabani-Yeganeh és mtsai, 2000). A 21 napos alomnagyságot az anya teljesítményének tekintettem, ezért ebben az esetben csupán az anyák beltenyésztési együttthatóinak hatását értékeltem. Az élve és holtan született fiókák esetében az anyák beltenyésztési együttthatóin kívül az egyes almokban született fiókák beltenyésztési együttthatóit is bevontam a számításokba. Ehhez a 3.4.1. pontban ismertetett pedigrt kiegészítettem, az egyes fialások során született almokra generált fülszámmal.

6. táblázat – Vizsgálati egyedmodellekben szereplő környezeti hatások

Faktorok	Típus	Tulajdonság		
		SZÉF	SZHF	AL21
FIALÉVHÓ	F*	X	X	-
AL21ÉVHÓ	F*	-	-	X
FIALSOR	F*	X	X	X
F	C	X	X	X
F, F_{BAL}	C	X	X	X
$F \times F_{BAL}$	C	X	X	X
KOR21	C	-	-	X

SZÉM: élve született fiókák száma; SZHF: holtan született fiókák száma; AL21: 21 napos alomsúly; F*: fix hatás; C: kovariáns; FIALÉVHÓ: vizsgálati év-hónap fialáskor; AL21ÉVHÓ: vizsgálati év-hónap az alomsúly mérésekor; KOR21: fiókák életkora az alomsúly mérésekor; F: Wright-féle beltenyésztési együtttható; $F_{KAL_ÚJ}$: Kalinowski-féle „új” beltenyésztési együtttható; F_{BAL} : Ballou-féle beltenyésztési együtttható;

4. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELEÉSÜK

4.1. Genetikai paraméterek

4.1.1. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságainak genetikai paramétei

4.1.1.1. Egytulajdonságos egyedmodellek, élve született malacok száma

Az élve született malacok száma esetében az egytulajdonságos modellek (49-56.) futtatásával kis öröklődhetőségi értékeket kaptam (7. táblázat). A legnagyobb h^2 értékek az 50. és az 54. modell esetében jelentkeztek, azonban meg kell jegyezni, hogy ezek a modellek random hatásként csupán az additív genetikai hatást tartalmazták (4. táblázat). Annak ellenére, hogy tenyésztértékbecslés gyakorlatában az ismételt fialások értékeléséhez nem szokás alkalmazni olyan egyszerűsített egyedmodellt, mely az ismételt fialásokat (tartós környezeti hatás) nem veszi figyelembe az itt bemutatott modell változatok használata indokolt volt. Ez abból látható, hogy a kapott eredmények alapján a random hatások között az úgynevezett hatáskeveredést (confounding) tapasztaltam (7. táblázat). Ez abban nyilvánult meg, hogy a véletlen alomhatás (49. és 53. modellek), a tartós környezeti hatás (52. és 56. modellek), vagy ezeknek a hatásoknak az együttes modellbe történő bevonása (51. és 55. modellek) a becsült h^2 értékek mintegy 40%-os csökkenését eredményezte (7. táblázat). Az említett random hatások közül a véletlen alomhatás nagysága csekély volt (7. táblázat). Ezzel szemben a tartós környezeti hatás nagysága az additív genetikai hatás nagyságának mintegy 60-70%-át tette ki (7. táblázat). A modellben szereplő környezeti hatások változtatása (fialási sorszám és fialási kor cseréje) az élve született malacok számának becsült genetikai paramétereit érdemben nem befolyásolta.

A hatáskeveredés jelenségről a hazai sertésállományok hizlalási tulajdonságainak elemzése során Csató és mtsai (1999) tettek említést. Magyarozatuk szerint ha a tenyészetek közötti rokonsági kapcsolatok nem elég kiterjedtek, akkor a variancia komponensek nem ott jelennek meg, ahol valójában fellépnek, hanem átcsúsznak egy másik hatásba. Megoldásként Csató és mtsai (1999) javasolták, hogy a sertésenyésztésben az egyes tenyészetek közti genetikai kapcsolatok javítása érdekében a mesterséges termékenyítés aránya érje el a 20%-ot. A megvalósítás eredményeként egy-egy kiváló tenyészkanak számos tenyészetben lehetnének ivadécai, ami nemcsak a genetikai előrehaladást, hanem a tenyésztértékbecslés pontosságát is növelné.

Az élve született malacsám a hazai és a nemzetközi sertésenyésztésben egyaránt fontos értékmérő tulajdonság, ezért nem meglepő, hogy a tulajdonság genetikai paramétereit az elmúlt évtizedben számos szerző közölte. A kapott eredmények közvetlen összehasonlítását azonban fenntartással kell kezelni. Ennek oka, hogy a vizsgált fajták, a vizsgált időszakok, az értékelt adatok mennyisége és az alkalmazott modellek szerkezete, esetenként az alkalmazott statisztikai módszer az egyes szerzőknél eltérő. A vizsgált adatmennyiség alapján számos szerzőcsoport esetében (Bouquet és mtsai, 2006; Chansomboon és mtsai, 2010; Dube és mtsai, 2012; Fernández és mtsai, 2008; Lukovic és mtsai, 2013; Skorput és mtsai, 2014; Ziedina és mtsai, 2011) a rendelkezésre álló fialások száma 10000-nél kevesebb volt. Ezért ezeknél a szerzőknél az élve született malacok számára becsült öröklődhetőségi értéktartományok (0.03-0.21), illetve tartós környezeti hatások (0.02-0.13) a mostani vizsgálatok alapján közölt eredményekhez viszonyítva kevésbé megbízhatóak. Ez a megállapítás fokozatosan érvényes azon szerzőkre, akik az egymást követő fialásokat önálló tulajdonságként értelmezték (Fernández és mtsai, 2008; Lukovic és mtsai, 2013; Ziedina és mtsai, 2011), mert az egyébként is kisebb adatbázis nagysága ezáltal az egyes tulajdonságokra nézve tovább csökkent. Azok a

szervezők, akik a korábban említettekhez képest több (10.000-170.000 közötti) fialást vizsgáltak (Dube és mtsai, 2012; Gama és mtsai, 2014; Kapell és mtsai, 2009; Kasprzyk, 2007; Lewis és mtsai, 2011; Merour és mtsai, 2008a; Merour és mtsai, 2008b; Nagyné-Kiszlinger és mtsai, 2013; Wolf, 2010; Wolf és Wolfova, 2012), az általam becsült h^2 értékekkel, illetve tartós környezeti hatásokkal jó egyezést mutató öröklődhetőségekről (0,06-0,19) valamint tartós környezeti hatásokról (0,04-0,10) számoltak be. Magyar nagy fehér hússertés és magyar lapálysertés fajták, illetve ezek keresztezéséből származó első keresztezett generáció (F_1) sertések fialási adatait az itt bemutatott modellhez képest (a fajta környezeti hatás) részben eltérő módon értelmezve Nagyné-Kiszlinger és mtsai (2013) a 7. táblázatban közölt öröklődhetőségeknek megfelelő h^2 értékeket (0,06-0,09), illetve tartós környezeti hatásokat (0,06-0,06) tapasztaltak. Az alkalmazott modellek szerkezetével kapcsolatban említést érdemel, hogy Lewis és mtsai (2011), illetve Wolf és Wolfova (2012) a véletlen hatások között szerepeltették a tenyészkán hatását is, de a becsült variancia komponensek nagysága (0,01-0,03) nem volt jelentős. Ezen kívül Wolf (2010), valamint Wolf és Wolfova (2012) az első, illetve a későbbi fialások során az élve született malacok számát egymástól különböző tulajdonságként értelmezte. Említést érdemel, hogy Kapell és mtsai (2009) a genetikai paraméterek becsléséhez Bayes statisztikát alkalmaztak. Ilyenkor a becsült paramétereket nem egy számmal, hanem egy tartománnyal, mely általában az úgynevezett legnagyobb sűrűség 95%-os tartománya. Kapell és mtsai (2009) esetében az élve született malacok számára nézve az öröklődhetőség, illetve a tartós környezeti hatás 95%-os tartományai sorrendben 0,09-0,19 és 0,04-0,12 voltak. A korábban felsorolt szerzőcsoportok közül az élve született malacok számára vonatkozóan a legnagyobb h^2 értékeket (0,16-0,19) cseh nagy fehér hússertés és cseh lapálysertés állományok szaporasági teljesítményadatai alapján Wolf (2010), illetve Wolf és Wolfova (2012) közölték. Esetükben a viszonylag jelentős nagyságú öröklődhetőségi értékekre a magyarázat, az alkalmazott modellekben szerkezetében keresendő. A szokásos elemek (tenyészet-év-évszak, párosítás típusa, fialási sorszám, fajta), valamint a már említett véletlen kan hatás mellett – a vizsgált tulajdonságtól függően (első, illetve későbbi fialások) – az első fialáskori életkor, illetve annak négyzete, valamint az egymást követő fialások között eltelt napok száma, valamint ezek négyzete is (mint környezeti hatás) szerepelt a modellben. Ugyanakkor a talán kissé túlillesztett modellszerkezet ellenére Wolf (2010), valamint Wolf és Wolfova, 2012) a tartós környezeti hatások nagysága vonatkozóan viszonylag csekély (0,04) értékekről számoltak be.

4.1.1.2. Egytulajdonságos egyedmodellek, nevelt malacok száma a laktáció 28. napján

A laktáció 28. napján nevelt malacok száma öröklődhetőségi értékeit az egytulajdonságos modellek (65-72.) futtatásával kis értékűnek becsültem (7. táblázat). A kapott értékek kis mértékben elmaradtak az élve született malacok számánál (49-56. modellek) ismertetett öröklődhetőségi értékektől (5. táblázat). Az élve született malacok száma esetében ismertetett tendencia itt is érvényesült. Azokhoz a modellekhez viszonyítva, melyek az additív genetikai hatáson kívül nem tartalmaztak egyéb random hatást (66. és 70. modellek), a véletlen alomhatás és/vagy tartós környezeti hatás modellekben történő szerepeltetése esetén a becsült öröklődhetőségi értékek 20-40%-al csökkentek. A tartós környezeti hatások nagysága (67., 68., 71. és 72. modellek), illetve a véletlen alomhatások nagysága (65. és 69. modellek) az additív genetikai hatáshoz viszonyítva a teljes fenotípusos variancia jóval kisebb hányadát magyarázta (7. táblázat). Az élve született malacsám esetében ismertetett hatáskeveredés a nevelt malacok számánál is érvényesült.

Annak ellenére, hogy a választott malacok száma az egyik legfontosabb értékmérő tulajdonság, erre a tulajdonságra közvetlen szelekciót végezni nehézkes a sertésenyésztés gyakorlatában általános dajkásítás miatt (Su és mtsai, 2007). A dajkásítás és a választás közötti időszak alatt

a dajka kocáknak jelentős szerepük van abban, hogy a malac a választáskor életben van-e. Ha a fialáskor az egy alomban született malacok számát dajkásítás után is nyomon követik és a laktáció adott napján az élő malacok számát fialó koca genetikai teljesítményének tekintik, akkor a fialó kocára becsült tenyésztési érték a dajka koca nevelési tevékenységének befolyásoló hatása miatt hibával terhelt lehet. A probléma megoldására Su és mtsai (2007) azt javasolták, hogy a dajkásítás után két nappal, azaz esetükben a laktáció 5. napján a még életben levő malacok száma alapján értékeljék a fialó kocák produktivitását. Ez Su és mtsai (2007) szerint azért nem torzítja a kapott eredményeket, mert ekkor a dajka kocáknak elhanyagolható szerepük van abban, hogy a malacok életben vannak-e. A probléma másik megoldása lehet, hogy ennél az értékmérőnél a dajkásított almokat nem veszik figyelembe, hiszen akkor a nevelt alomszám biztosan a koca saját termelőképességét mutatja. Ezt a módszert követték Chansomboon és mtsai (2010), akik a rendelkezésre álló 12974 alomból végül csak 4399-et vettek figyelembe. Wolf és mtsai (2008) alapján cseh nagy fehér hússertés szuperszapora állomány esetében nem alkalmaztak dajkásítást. Ezzel szemben a dajkásítás francia (Bouquet és mtsai, 2006), brit (Kapell és mtsai, 2009) és dán szerzők (Su és mtsai, 2007) alapján a malacok mintegy 7-13%-át, az almoknak pedig mintegy 40-66%-át érinti. Kapell és mtsai (2009) kiemelték, hogy a dajkásítás során csak a kapott és adott malacok számát rögzítik, vagyis a dajka koca azonosíthatósága nem megoldott. Az említett francia, brit és dán szerzők ettől függetlenül a dajkásítással kiegyenlített almokat is felhasználták a genetikai paraméterek becsléséhez. Ezeknél a szerzőknél az alomszám elsősorban a koca malacnevelő képességét jelzi. Más szerzők esetében nincs információ arról, hogy az értékelt fialások tartalmaztak-e dajkásítást. (Dube és mtsai, 2012; Kasprzyk, 2007; Krupa és Wolf, 2013; Wolf, 2010; Wolf és Wolfova, 2012; Ziedina és mtsai, 2011). A fenti szerzők által ismertetett öröklődhetőségek igen tág intervallumban (0,01-0,39) mozognak. A tartós környezeti hatások nagysága ehhez képest szűkebb tartományban helyezkedett el (0,02-0,17). A fenti szerzők közül a nevelt malacok létszámára nézve a legnagyobb öröklődhetőségi értéket (0,39) a második fialást külön értékelve Ziedina és mtsai (2011) írták le, esetükben azonban a vizsgált almok száma nem volt jelentős (1416), ami a jelentős nagyságú standard hibában (0,16) nyilvánult meg. Kasprzyk (2007), szintén kis adatbázis alapján becsülte a tulajdonság h^2 értékét elhanyagolható nagyságúnak (0,01). Az öröklődhetőségekre kapott eredmények döntő többsége 0,06 és 0,17 közé esik. Az egyes szerzők által közölt h^2 értékek variabilitása vélhetően részben azzal magyarázható, hogy az általuk vizsgált tulajdonság az esetek egy részében a 21 napos korban nevelt malacszaámot (Dube és mtsai, 2012; Kasprzyk, 2007; Su és mtsai, 2007; Ziedina és mtsai, 2011), míg más esetekben (Bouquet és mtsai, 2006; Chansomboon és mtsai 2010) a laktáció 28. napján nevelt malacok számát jelentette. Kapell és mtsai (2009); Krupa és Wolf (2013), Wolf (2010), Wolf és Wolfova (2012) pedig nem adják meg pontosan, hogy az általuk vizsgált alomlétszámokat laktáció hányadik napján rögzítették, hanem csupán annyit közölnek, hogy a nevelt malacok választáskori létszámát értékelték. Az élve született malacok számánál ismertetett modellek szerkezetére vonatkozó megállapítások itt is érvényesek. Cseh szerzők (Wolf és mtsai, 2008; Wolf, 2010; Wolf és Wolfova, 2012) az általánosan megszokott modellszerkezethez képest számos egyéb véletlen és környezeti hatást is szerepeltettek az értékelő modellekben, mely magyarázhatja a szerzők többségéhez képest nagyobb öröklődhetőségi értékeket (0,14-0,17).

4.1.1.3. Egytulajdonságos egyedmodellek, alomsúly/átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján

Az egytulajdonságos modellek (73-96.) alapján a kapott öröklődhetőségek kis-közepes tartományban helyezkedtek el (7. táblázat), meghaladva az élve született malacok száma, illetve a laktáció 28. napján nevelt malacok száma tulajdonságok esetében kapott h^2 értékeket. A többi vizsgált tulajdonsághoz hasonlóan az alomsúly esetében is az öröklődhetőség csökkenése volt tapasztalható azokhoz a modellekhez viszonyítva, melyek az additív genetikai hatáson kívül

nem tartalmaztak egyéb random hatást (74., 78., 82., 86., 90., 94. modellek). Ugyanakkor az is megfigyelhető, hogy a tapasztalt hatáskeveredés nagysága az eddig vizsgált tulajdonságokhoz képest kisebb nagyságú (10-15%-os), melyet a tartós környezeti hatás hiányával lehet magyarázni (7. táblázat, 75-76., 79-80., 83-84., 87-88., 91-92., 95-96. modellek). A véletlen alomhatások nagysága bár a tartós környezeti hatások nagyságát meghaladta, jelentősen elmaradt az additív genetikai hatások nagyságától (5. táblázat, 77., 79., 81., 83., 85., 87., 89., 91., 93. 95. modellek). A modellben szereplő környezeti hatások változtatásával kapcsolatban elmondható, hogy a fialási sorszám, illetve a koca életkora tényezők cseréje a kapott genetikai paramétereket érdemben nem befolyásolta (7. táblázat, 81-84 és 85-88.; 89-92. és 93-96. modellek). Ezzel szemben, ha a nevelt malacok száma a modellben fix hatásként (81-88. modellek) vagy kovariánsként (89-96. modellek) szerepelt, a becsült öröklődhetőségi értékek mintegy 25%-al nagyobb értéket mutattak azokhoz a modellekhez viszonyítva (73-80.) ahol a nevelt malacsámot figyelmen kívül hagyták.

A nemzetközi szakirodalomban az alomsúlyra becsült öröklődhetőség tág intervallumot mutatott (0,03-0,37) (Chansomboon és mtsai, 2010; Dube és mtsai, 2012; Fernández és mtsai, 2008; Gama és mtsai, 2014; Kasprzyk, 2007; Lundgren és mtsai, 2014; Merour és mtsai, 2008a). Saját vizsgálati eredményeimhez viszonyítva a választási alomsúlyra nézve kis, de nem elhanyagolható nagyságú (0,06-0,10) tartós környezeti hatásokról számoltak be (Chansomboon és mtsai, 2010; Dube és mtsai, 2012; Fernández és mtsai, 2008). A korábban említettekkel megegyező módon itt is fontos adalék, hogy a különböző szerzők által közölt értékek közvetlen összehasonlítása félrevezető lehet, hiszen az alomsúlyok vizsgálata során a kor az esetek egy részében 21 napos volt (Dube és mtsai, 2012; Lundgren és mtsai, 2014; Kasprzyk, 2007), míg Gama és mtsai (2014) 30 napos alomsúlyokat értékeltek. A dajkásítás megléte vagy hiánya ugyanakkor ennél a tulajdonságnál kevésbé érdekes, hiszen az alomsúly (pl. a laktáció 21. napján) olyan összetett tulajdonság (alomnagyság, malacok vitalitása és növekedési erélye), mely a kocák malacnevelő képességét fejezi ki (Fernández és mtsai, 2008). A felsorolt szerzők esetében az alkalmazott modellszerkezet lényeges különbsége, hogy az egyes fialások során mért alomsúlyokat ugyanazon tulajdonság ismétléseinek tekintik-e, vagy külön-külön tulajdonságként értékelik. Ez utóbbi esetben a genetikai korrelációk pontos becsléséhez megfelelő nagyságú adatbázis szükséges. Fernández és mtsai (2008) az ismételt fialásokat többtulajdonságos modellel értékelve az első (0,36) és a negyedik (0,37) fialások esetében számoltak be jelentős nagyságú öröklődhetőségi értékekről, azonban a vizsgált fialások száma esetükben viszonylag csekély volt, vagyis az eredményeket a csekély nagyságú standard hibák (0,04-0,05) fenntartással kell kezelni. Amennyiben Fernández és mtsai (2008) ismételhetőségi modelleket alkalmaztak, a kapott öröklődhetőség (0,16) megegyezett a 3. táblázatban bemutatott értékekkel. Az ismételhetőségi modellekre szűkítve a fenti szerzők eredményeit a kapott értékek kisebb terjedelmet (0,03-0,16) mutattak. Az alomnagysággal kapcsolatosan meg kell említeni, hogy a felsorolt külföldi szerzők publikációiban az értékelő modell a nevelt malacok számát nem tartalmazta, legfeljebb külön tulajdonság formájában (Chansomboon és mtsai, 2010), ami magyarázhatja az ismételhetőségi modellek esetében a saját eredményekhez viszonyított kisebb öröklődhetőségi értékeket. Az átlagos almon belüli malactömegre a laktáció 28. napján kis-közepes (0,15-0,23) öröklődhetőségi értékeket becsültem (4. táblázat, 97-120. modellek). A tulajdonságra becsült genetikai paraméterek jellemzőiről elmondható, hogy a tapasztalt tendenciák gyakorlatilag megegyeztek az alomsúlyra kapott genetikai paraméterekkel, amennyiben az alomsúlyt jellemző modellekben a nevelt malacok száma is szerepelt (7. táblázat, 81-96. modellek). A két tulajdonság között csak annyi különbség van, hogy az egyik a nevelt malacsámra végzett korrekciót az értékelendő fenotípusos értéken közvetlenül végzi el, míg a másik esetben a korrekció a modellben történik. A nemzetközi szakirodalomban nem találtam példát erre a tulajdonságra nézve. Wolf és mtsai (2008) az

átlagos almon belüli malacsúly öröklődhetőségi értékét fialáskor értékelve cseh nagy fehér hússertés szuperszaporá állományra nézve 0,16-os értékről számoltak be.

7. táblázat – A vizsgálat tulajdonságok genetikai paramétereit

Modell	h ²				Pe				c ²			
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28
1	0,12±0,01	0,08±0,01	0,19±0,01	-	-	-	-	-	0,02±0,01	0,02±0,01	0,03±0,01	-
2	0,14±0,01	0,10±0,01	0,22±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3	0,07±0,01	0,07±0,01	0,19±0,01	-	0,05±0,01	0,02±0,01	0,01±0,01	-	0,01±0,01	0,01±0,01	0,03±0,01	-
4	0,08±0,01	0,07±0,01	0,22±0,01	-	0,06±0,01	0,03±0,01	0,01±0,01	-	-	-	-	-
5	0,11±0,01	0,08±0,01	0,19±0,01	-	-	-	-	-	0,02±0,01	0,02±0,01	0,03±0,01	-
6	0,14±0,01	0,09±0,01	0,22±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	0,08±0,01	0,07±0,01	0,19±0,01	-	0,05±0,01	0,01±0,01	0,01±0,01	-	0,01±0,01	0,01±0,01	0,03±0,01	-
8	0,08±0,01	0,07±0,01	0,22±0,01	-	0,05±0,01	0,02±0,01	0,01±0,01	-	-	-	-	-
9	0,11±0,01	0,07±0,01	-	-	-	-	-	-	0,03±0,01	0,02±0,01	-	-
10	0,14±0,01	0,10±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	0,08±0,01	0,07±0,01	-	-	0,05±0,01	0,02±0,01	-	-	0,01±0,01	0,01±0,01	-	-
12	0,08±0,01	0,07±0,01	-	-	0,06±0,01	0,03±0,01	-	-	-	-	-	-
13	0,11±0,01	0,07±0,01	-	-	-	-	-	-	0,02±0,01	0,02±0,01	-	-
14	0,14±0,01	0,09±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
15	0,08±0,01	0,07±0,01	-	-	0,05±0,01	0,01±0,01	-	-	0,01±0,01	0,01±0,01	-	-
16	0,08±0,01	0,06±0,01	-	-	0,06±0,01	0,03±0,01	-	-	-	-	-	-

h²: öröklődhetőség; Pe: tartós környezeti hatás; c²: véletlen alomhatás; SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

Megjegyzés: a becsült paraméterek standard hibái valamennyi esetben kisebb értéket mutattak, mint 0.01

7. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok genetikai paraméterei

Modell	h ²				Pe				c ²			
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28
17	0,12±0,01	0,08±0,01	-	0,14±0,01	-	-	-	-	0,02±0,01	0,02±0,01	-	0,03±0,01
18	0,14±0,01	0,10±0,01	-	0,17±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
19	0,07±0,01	0,06±0,01	-	0,13±0,01	0,05±0,01	0,02±0,01	-	0,01±0,01	0,02±0,01	0,01±0,01	-	0,03±0,01
20	0,08±0,01	0,07±0,01	-	0,16±0,01	0,06±0,01	0,03±0,01	-	0,02±0,01	-	-	-	-
21	0,11±0,01	0,08±0,01	-	0,13±0,01	-	-	-	-	0,02±0,01	0,02±0,01	-	0,03±0,01
22	0,14±0,01	0,09±0,01	-	0,16±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
23	0,07±0,01	0,06±0,01	-	0,12±0,01	0,05±0,01	0,02±0,01	-	0,01±0,01	0,01±0,01	0,01±0,01	-	0,03±0,01
24	0,08±0,01	0,07±0,01	-	0,15±0,01	0,05±0,01	0,02±0,01	-	0,01±0,01	-	-	-	-
25	0,11±0,01	-	-	0,20±0,01	-	-	-	-	0,03±0,01	-	-	0,04±0,01
26	0,15±0,01	-	-	0,24±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
27	0,07±0,01	-	-	0,20±0,01	0,03±0,01	-	-	0,01±0,01	0,03±0,01	-	-	0,03±0,01
28	0,09±0,01	-	-	0,23±0,01	0,05±0,01	-	-	0,01±0,01	-	-	-	-
29	0,11±0,01	-	-	0,20±0,01	-	-	-	-	0,03±0,01	-	-	0,04±0,01
30	0,15±0,01	-	-	0,24±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
31	0,07±0,01	-	-	0,20±0,01	0,03±0,01	-	-	0,01±0,01	0,03±0,01	-	-	0,03±0,01
32	0,09±0,01	-	-	0,23±0,01	0,05±0,01	-	-	0,01±0,01	-	-	-	-

h²: öröklődhetőség; Pe: tartós környezeti hatás; c²: véletlen alomhatás; SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

Megjegyzés: a becsült paraméterek standard hibái valamennyi esetben kisebb értéket mutattak, mint 0.01

7. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok genetikai paraméterei

Modell	h ²				Pe				c ²			
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28
33	0,11±0,01	-	-	0,20±0,01	-	-	-	-	0,03±0,01	-	-	0,04±0,01
34	0,14±0,01	-	-	0,23±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
35	0,08±0,01	-	-	0,19±0,01	0,05±0,01	-	-	0,01±0,01	0,01±0,01	-	-	0,04±0,01
36	0,10±0,01	-	-	0,23±0,01	0,05±0,01	-	-	0,01±0,01	-	-	-	-
37	0,11±0,01	-	-	0,21±0,01	-	-	-	-	0,03±0,01	-	-	0,02±0,01
38	0,14±0,01	-	-	0,23±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
39	0,07±0,01	-	-	0,19±0,01	0,03±0,01	-	-	0,01±0,01	0,02±0,01	-	-	0,04±0,01
40	0,09±0,01	-	-	0,23±0,01	0,01±0,01	-	-	0,01±0,01	-	-	-	-
41	0,11±0,01	-	-	0,16±0,01	-	-	-	-	0,03±0,01	-	-	0,03±0,01
42	0,14±0,01	-	-	0,18±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
43	0,08±0,01	-	-	0,16±0,01	0,05±0,01	-	-	0,01±0,01	0,02±0,01	-	-	0,02±0,01
44	0,08±0,01	-	-	0,17±0,01	0,06±0,01	-	-	0,01±0,01	-	-	-	-
45	0,11±0,01	-	-	0,15±0,01	-	-	-	-	0,02±0,01	-	-	0,02±0,01
46	0,14±0,01	-	-	0,18±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
47	0,08±0,01	-	-	0,15±0,01	0,05±0,01	-	-	0,01±0,01	0,01±0,01	-	-	0,02±0,01
48	0,08±0,01	-	-	0,17±0,01	0,04±0,01	-	-	0,01±0,01	-	-	-	-

h²: öröklődhetőség; Pe: tartós környezeti hatás; c²: véletlen alomhatás; SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

Megjegyzés: a becsült paraméterek standard hibái valamennyi esetben kisebb értéket mutattak, mint 0,01

7. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok genetikai paraméterei

Modell	h ²				Pe				c ²			
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28
49	0,11±0,01								0,02±0,01			
50	0,14±0,01											
51	0,08±0,01				0,05±0,01				0,01±0,01			
52	0,08±0,01				0,05±0,01							
53	0,12±0,01								0,02±0,01			
54	0,14±0,01											
55	0,08±0,01				0,05±0,01				0,01±0,01			
56	0,08±0,01				0,06±0,01							
57	-	0,08±0,01	-	0,14±0,01	-	-	-	-	-	0,02±0,01	-	0,03±0,01
58	-	0,09±0,01	-	0,17±0,01								
59	-	0,06±0,01	-	0,12±0,01		0,02±0,01	-	0,01±0,01		0,01±0,01	-	0,04±0,01
60		0,07±0,01	-	0,16±0,01		0,03±0,01	-	0,02±0,01				
61	-	0,07±0,01	-	0,13±0,01	-	-	-	-	-	0,02±0,01	-	0,03±0,01
62	-	0,09±0,01	-	0,16±0,01								
63	-	0,06±0,01	-	0,13±0,01		0,02±0,01	-	0,01±0,01		0,01±0,01	-	0,03±0,01
64		0,06±0,01	-	0,15±0,01		0,03±0,01	-	0,02±0,01				

h²: öröklődhetőség; Pe: tartós környezeti hatás; c²: véletlen alomhatás; SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

Megjegyzés: a becsült paraméterek standard hibái valamennyi esetben kisebb értéket mutattak, mint 0,01

7. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok genetikai paraméterei

Modell	h ²				Pe				c ²			
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28
65	-	0,08±0,01	-	-	-	-	-	-	-	0,02±0,01	-	-
66	-	0,10±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
67	-	0,06±0,01	-	-	-	0,02±0,01	-	-	-	0,01±0,01	-	-
68	-	0,07±0,01	-	-	-	0,03±0,01	-	-	-	-	-	-
69	-	0,07±0,01	-	-	-	-	-	-	-	0,02±0,01	-	-
70	-	0,09±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
71	-	0,07±0,01	-	-	-	0,02±0,01	-	-	-	0,01±0,01	-	-
72	-	0,07±0,01	-	-	-	0,02±0,01	-	-	-	-	-	-
73	-	-	-	0,16±0,01	-	-	-	-	-	-	-	0,03±0,01
74	-	-	-	0,19±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
75	-	-	-	0,16±0,01	-	-	-	0,00±0,00	-	-	-	0,03±0,01
76	-	-	-	0,19±0,01	-	-	-	0,00±0,00	-	-	-	-
77	-	-	-	0,16±0,01	-	-	-	-	-	-	-	0,02±0,01
78	-	-	-	0,18±0,01	-	-	-	-	-	-	-	-
79	-	-	-	0,15±0,01	-	-	-	0,00±0,00	-	-	-	0,02±0,01
80	-	-	-	0,18±0,01	-	-	-	0,00±0,00	-	-	-	-

h²: öröklődhetőség; Pe: tartós környezeti hatás; c²: véletlen alomhatás; SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

Megjegyzés: a becsült paraméterek standard hibái valamennyi esetben kisebb értéket mutattak, mint 0,01

7. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok genetikai paraméterei

Modell	h ²				Pe					c ²		
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28
81	-		-	0,20±0,01	-		-	-	-		-	0,04±0,01
82	-		-	0,23±0,01								
83	-		-	0,20±0,01			-	0,00±0,00			-	0,04±0,01
84			-	0,23±0,01			-	0,00±0,00				
85	-		-	0,19±0,01	-		-	-	-		-	0,04±0,01
86	-		-	0,23±0,01								
87	-		-	0,19±0,01			-	0,00±0,00			-	0,04±0,01
88			-	0,23±0,01			-	0,00±0,00				
89	-		-	0,20±0,01	-		-	-	-		-	0,04±0,01
90	-		-	0,23±0,01								
91	-		-	0,20±0,01			-	0,00±0,00			-	0,04±0,01
92			-	0,23±0,01			-	0,00±0,00				
93	-		-	0,19±0,01	-		-	-	-		-	0,04±0,01
94	-		-	0,23±0,01								
95	-		-	0,19±0,01			-	0,00±0,00			-	0,04±0,01
96			-	0,23±0,01			-	0,00±0,00				

h²: öröklődhetőség; Pe: tartós környezeti hatás; c²: véletlen alomhatás; SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

Megjegyzés: a becsült paraméterek standard hibái valamennyi esetben kisebb értéket mutattak, mint 0,01

7. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok genetikai paraméterei

Modell	h ²				Pe				c ²			
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28
97	-		0,20±0,01		-		-		-		0,03±0,01	
98	-		0,23±0,01									
99	-		0,20±0,01				0,00±0,00				0,03±0,01	
100			0,23±0,01				0,00±0,00					
101	-		0,15±0,01		-		-		-		0,02±0,01	
102	-		0,23±0,01									
103	-		0,15±0,01				0,00±0,00				0,02±0,01	
104			0,23±0,01				0,00±0,00					
105	-		0,20±0,01		-		-		-		0,03±0,01	
106	-		0,23±0,01									
107	-		0,20±0,01				0,00±0,00				0,03±0,01	
108			0,23±0,01				0,00±0,00					
109	-		0,20±0,01		-		-		-		0,03±0,01	
110	-		0,23±0,01									
111	-		0,15±0,01				0,00±0,00				0,02±0,01	
112			0,23±0,01				0,00±0,00					

h²: öröklődhetőség; Pe: tartós környezeti hatás; c²: véletlen alomhatás; SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

Megjegyzés: a becsült paraméterek standard hibái valamennyi esetben kisebb értéket mutattak, mint 0,01

7. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok genetikai paraméterei

Modell	h ²				Pe				c ²			
	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28	SZÉM	NM28	ÁT28	AL28
113	-		0,19±0,01		-		-		-		0,03±0,01	
114	-		0,22±0,01									
115	-		0,19±0,01				0,00±0,00				0,03±0,01	
116			0,22±0,01				0,00±0,00					
117	-		0,19±0,01		-		-		-		0,03±0,01	
118	-		0,22±0,01									
119	-		0,19±0,01				0,00±0,00				0,03±0,01	
120			0,22±0,01				0,00±0,00					

h²: öröklődhetőség; Pe: tartós környezeti hatás; c²: véletlen alomhatás; SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

Megjegyzés: a becsült paraméterek standard hibái valamennyi esetben kisebb értéket mutattak, mint 0,01

4.1.1.4. Két és háromtulajdonságos egyedmodellek

Az élve született malacok száma, a nevelt malacok száma a laktáció 28. napján, az alomsúly a laktáció 28. napján, valamint az átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján értékmérőkre becsült öröklődhetőségi értékek, tartós környezeti hatások, illetve véletlen alomhatások nagysága a kéttulajdonságos (7. táblázat, 9-16., 25-48., 57-64. modellek), illetve a háromtulajdonságos (7. táblázat, 1-8., 17-24. modellek) modellek alapján érdemben nem különböztek az egytulajdonságos modellek használatával becsült értékekhez képest. Az egytulajdonságos modellek használata során tapasztalt hatáskeveredés a két és háromtulajdonságos modellek esetében is hasonló tendenciákat mutatott (a tartós környezeti hatás és/vagy véletlen alomhatás modellbe történő bevonása az öröklődhetőségi értékek nagyságát csökkentette). Megemlíthető ugyanakkor, hogy a laktáció 28. napján mért alomsúly esetében tartós környezeti hatások nagysága, mely az egytulajdonságos modelleknél nem adott nullától különböző értéket, a két és háromtulajdonságos modellek egyértelműen nullától nagyobb értéket vett fel (7. táblázat, 17-48., 57-64. modellek).

A vizsgált értékmérő tulajdonságok között becsült genetikai korrelációk azonos tulajdonságpárokat tekintve a két és háromtulajdonságos modellek esetében nem különböztek (8. táblázat). Az élve született és a nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján) közötti genetikai korreláció mindegyik modell alapján szoros volt (8. táblázat, 1-24. modellek). A laktáció 28. napján nevelt alomszám esetében azonban figyelembe kell venni, hogy azt az esetek jelentős hányadában a dajkásítás is befolyásolja. A nevelt malacok számával ezért csak akkor lehetne a koca produktivitását kifejezni, ha az egyes fialó kocák esetében tudni lehetne, hogy az általuk fialt élő malacok közül a laktáció 28. napján még hány malac van életben. Ezt az információt a hazai törzstenyészetek a telepen belül vezetett nyilvántartás alapján természetesen ismerhetik, azonban sajnos ez az országos adatbázis alapján már nem meghatározható. Az élve született malacok száma mellett az adott, illetve kapott malacok száma ismert, azonban ha a dajkásítás után van elhullás az adatbázis alapján nem állapítható meg, hogy az a koca saját, vagy dajkamalaca-e. A fentiek alapján a két tulajdonság közötti genetikai korreláció fenntartásokkal kezelendő, amennyiben mindkét tulajdonságot a sertések szaporasági teljesítménye jellemzésére kívánjuk felhasználni. Ennek megfelelően a szakirodalmi közleményeknél célszerű szétválasztani az eredményeket annak érdekében, hogy a vizsgált állományoknál alkalmaztak-e dajkásítást. Chansomboon és mtsai (2010) a vizsgálatokhoz csak azokat a fialásokat használták fel, ahol nem volt dajkásítás, míg Su és mtsai (2007) által értékelt sertésállományokban alkalmaztak ugyan dajkásítást, azonban a fialáskor született malacok számát a fialó koca szempontjából nyomon lehetett követni. Az említett szerzők esetében az élve született és a választáskori alomszám szoros genetikai korrelációt mutatott (0,72-0,85). A többi szerző esetében Bouquet és mtsai (2006), közölnek részleteket a dajkásításról, Dube és mtsai (2012), Kasprzyk, (2007), Merour és mtsai, (2008a) nem tesznek említést a dajkásításról. A felsorolt szerzők szoros genetikai korrelációkról számoltak be az élve született és választáskor nevelt malacok száma között (0,82-0,98) vagyis megállapítható, hogy ha a nevelt malacsám a kocák a malacnevelő képességét jellemzi, az élve született malacok számával akkor is szoros genetikai kapcsolatot mutat.

Annak ellenére, hogy saját vizsgálataimban az összesen született malacok számát, a holtan született malacok számát, illetve a szopóskori elhullást nem értékeltem, fontosnak tartom, hogy kitérjek a szakirodalmi eredményekre, mert az egyes tulajdonságok közötti genetikai korrelációk világosan útmutatást adnak arra nézve, hogy az egyes értékmérőkre végzett szelekció milyen előnyökkel, illetve hátrányokkal járhat. Az élve született malacok száma és a holtan született malacok száma közötti genetikai korreláció Kapell és mtsai (2009), illetve

Merour és mtsai (2008a) szerint (-0,03-0,18) nullához közeli, tehát nincs kedvezőtlen genetikai kapcsolat a két értékmérő között. Ezzel szemben az összesen született malacszám és a holtan született malacszám közötti pozitív genetikai korreláció (0,21-0,56) az említett szerzők (Bouquet és mtsai, 2006; Kapell és mtsai, 2009; Merour és mtsai, 2008a) kutatásai alapján kedvezőtlen, mivel arra utal, hogy az összes született malacszámra végzett szelekció a holtellések számát is növeli. Az élve született malacszámra végzett szelekció ezért ebből a szempontból kedvezőbb, azonban meg kell jegyezni, hogy az élve született malacok száma kedvezőtlen genetikai korrelációt mutatott a választásig elhullt malacok számával (0,54) (Bouquet és mtsai, 2006). Hasonló módon az élve született malacok száma kedvezőtlen korrelációkat mutatott az öt napos korrig (-0,54) (Su és mtsai, 2007) vagy választásig történő túlélési aránnyal (-0,24; -0,32) (Merour és mtsai, 2008a). Su és mtsai (2007) az 5 napos élő malacszámra javasolják végezni a szelekciót, ugyanis az említett tulajdonság genetikai szempontból gyakorlatilag megegyezik a 21 napos élő malacok számával (0,99). Ellentétben azonban az élve született malacok számával, illetve az összesen született malacszámmal az ötnapos élő malacszám kedvező genetikai korrelációt mutatott a holtan született malacok számával (-0,43; -0,57) (Nielsen és mtsai, 2013) valamint az 5 napos korrig történő túlélési hányaddal (0,57) (Su és mtsai, 2007). A kapott, illetve a nemzetközi eredmények alapján egyértelmű, hogy az összes született malacszámhoz viszonyítva az élve született malacok száma kedvezőbb szelekciós kritérium. Az öt napos kori élő malacszám ugyanakkor bár rendkívül perspektivikus, jelen pillanatban a hazai adatbázis jellemzői miatt nem lehet szelekciós kritérium.

Tekintve, hogy a laktáció 28. napján mért alomtömeg elsősorban a koca tejtermelését, illetve malacnevelő képességét jellemzi, ennél tulajdonságnál (a nevelt malacok számához képest) kevésbé van jelentősége annak, hogy az alomban nemcsak saját, hanem dajkásított malacok is lehetnek. Az élve született malacok száma és a laktáció 28. napján mért alomtömeg között becsült genetikai korreláció nagyságát az alkalmazott modellek szerkezete jelentősen befolyásolta. Azoknál a az alomsúlyt jellemző modelleknél, ahol a nevelt malacok száma nem szerepelt a két értékmérő közötti genetikai korreláció nagysága közepes volt (6. táblázat, 17-24., 41-48. modellek). Ezzel szemben, ha a nevelt malacok számának hatását a modellekben figyelembe vettem a becsült genetikai korreláció nagysága gyakorlatilag nulla volt (6. táblázat, 25-40. modellek). Azok az szerzők (Chansomboon és mtsai, 2010; Dube és mtsai, 2012, Kasprzyk, 2007), akik az élve született malacok száma és az alomtömeg közti genetikai korrelációt vizsgálták, az alomban nevelt malacok számára nem végeztek korrekciót a modellben, ezért az általuk tapasztalt pozitív értékek (0,08-0,78) összhangban vannak az általam közölt eredményekkel, bár a terjedelem jelentős volt. Saját vizsgálataim alapján a laktáció 28. napján az almon belüli átlagos malactömeg és az élve született malacszám között becsült genetikai korreláció nagysága szintén nullához közeli értéket mutatott (6. táblázat, 1-8. modellek), mely értékhez hasonló genetikai korrelációról számoltak be Damgaard és mtsai (2003). Hasonló módon az almon belüli átlagos malactömeg és az élve született malacszám között tapasztalt genetikai kapcsolathoz, a laktáció 28. napján az almon belüli átlagos malactömeg és az alomban nevelt malacok száma között becsült genetikai korrelációk szintén nem különböztek a nullától (8. táblázat, 1-8. modell). Ezzel szemben a laktáció 28. napján a nevelt malacok száma, illetve az alomtömeg közötti genetikai korrelációk közepesek-szorosak voltak (8. táblázat, 17-24. modellek). Ez utóbbi értékmérőkre nem találtam a szakirodalomban genetikai összefüggésvizsgálatot.

8. táblázat – A vizsgálat tulajdonságok közötti genetikai korrelációk (rg)

Modell	rg					
	SZÉM-NM28	SZÉM-ÁT28	SZÉM-AL28	NM28-ÁT28	NM28-AL28	ÁT28-AL28
1	0,71±0,01	-0,08±0,01	-	-0,08±0,01	-	-
2	0,68±0,01	-0,09±0,01	-	-0,07±0,01	-	-
3	0,68±0,01	-0,04±0,01	-	-0,04±0,01	-	-
4	0,69±0,01	-0,04±0,01	-	-0,04±0,01	-	-
5	0,69±0,01	-0,09±0,01	-	-0,09±0,01	-	-
6	0,67±0,01	-0,10±0,01	-	-0,08±0,01	-	-
7	0,69±0,02	-0,05±0,01	-	-0,07±0,01	-	-
8	0,70±0,03	-0,05±0,01	-	-0,05±0,01	-	-
9	0,67±0,01	-	-	-	-	-
10	0,69±0,01	-	-	-	-	-
11	0,69±0,01	-	-	-	-	-
12	0,66±0,01	-	-	-	-	-
13	0,70±0,01	-	-	-	-	-
14	0,68±0,01	-	-	-	-	-
15	0,70±0,01	-	-	-	-	-
16	0,67±0,01	-	-	-	-	-

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

8. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok közötti genetikai korrelációk (rg)

Modell	rg					
	SZÉM-NM28	SZÉM-ÁT28	SZÉM-AL28	NM28-ÁT28	NM28-AL28	ÁT28-AL28
17	0,70±0,01	-	0,38±0,01	-	0,57±0,01	-
18	0,68±0,01	-	0,36±0,01	-	0,59±0,01	-
19	0,64±0,01	-	0,32±0,01	-	0,49±0,01	-
20	0,68±0,01	-	0,35±0,01	-	0,53±0,01	-
21	0,69±0,01	-	0,37±0,01	-	0,56±0,01	-
22	0,67±0,01	-	0,34±0,01	-	0,57±0,01	-
23	0,65±0,01	-	0,32±0,01	-	0,49±0,01	-
24	0,69±0,01	-	0,35±0,01	-	0,53±0,01	-
25	-	-	0,01±0,01	-	-	-
26	-	-	-0,03±0,01	-	-	-
27	-	-	0,02±0,01	-	-	-
28	-	-	0,03±0,01	-	-	-
29	-	-	-0,02±0,01	-	-	-
30	-	-	-0,06±0,01	-	-	-
31	-	-	0,02±0,01	-	-	-
32	-	-	0,01±0,01	-	-	-

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

8. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok közötti genetikai korrelációk (rg)

Modell	rg					
	SZÉM-NM28	SZÉM-ÁT28	SZÉM-AL28	NM28-ÁT28	NM28-AL28	ÁT28-AL28
33	-	-	-0,01±0,01	-	-	-
34	-	-	-0,03±0,01	-	-	-
35	-	-	0,01±0,02	-	-	-
36	-	-	0,01±0,01	-	-	-
37	-	-	-0,05±0,01	-	-	-
38	-	-	-0,07±0,01	-	-	-
39	-	-	0,01±0,01	-	-	-
40	-	-	0,01±0,01	-	-	-
41	-	-	0,30±0,01	-	-	-
42	-	-	0,35±0,01	-	-	-
43	-	-	0,32±0,01	-	-	-
44	-	-	0,28±0,01	-	-	-
45	-	-	0,34±0,01	-	-	-
46	-	-	0,38±0,01	-	-	-
47	-	-	0,33±0,01	-	-	-
48	-	-	0,27±0,01	-	-	-

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

8. táblázat (folytatás) – A vizsgálat tulajdonságok közötti genetikai korrelációk (rg)

Modell	rg					
	SZÉM-NM28	SZÉM-ÁT28	SZÉM-AL28	NM28-ÁT28	NM28-AL28	ÁT28-AL28
57	-	-	-	-	0,57±0,01	-
58	-	-	-	-	0,59±0,01	-
59	-	-	-	-	0,49±0,01	-
60	-	-	-	-	0,54±0,01	-
61	-	-	-	-	0,53±0,01	-
62	-	-	-	-	0,58±0,01	-
63	-	-	-	-	0,54±0,01	-
64	-	-	-	-	0,51±0,01	-

SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

4.1.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságainak genetikai paramétei

A Pannon fehér és Pannon nagytestű fajták vizsgált tulajdonságainak genetikai paramétereit a 9. és 10. táblázatokban mutatom be.

A becsült öröklődhetőségeket tekintve megállapítható, hogy az átlagos napi súlygyarapodásra és a combizom-térfogatra becsült értékek az egy, illetve háromtulajdonságos modellek esetében, továbbá a dominancia modellben történő szerepeltetése esetén mindkét vizsgált fajtában minimális eltérést mutattak. A combizom-térfogat öröklődhetősége mindkét nyúlajtában közepes nagyságú volt, ami megfelel a korábbi vizsgálati eredményeknek (Gyovai et al., 2008; 2012; Nagy et al., 2010c; 2013a). A kapott öröklődhetőségi értékek nagysága a vártnál alacsonyabbnak tűnhet, hiszen egyrészt a vágási értékmérő tulajdonságok általában jól öröklődnek, másrészt a Computer Tomográf nagy mérési pontossága az izomtérfogat meghatározásában már igen régóta közzismert (Romvári és mtsai, 1996). Ugyanakkor Romvári és mtsai (1996) felhívták a figyelmet arra, hogy a nyúl más domesztikált állatfajokhoz viszonyított kis mérete a kapott pontosságot is befolyásolhatja. A Pannon fehér fajta tenyésztési programjában korábban szereplő úgynevezett L-érték (CT-vel mért hosszú hátizom átlagos keresztmetszeti felszíne) a combizom-térfogathoz viszonyítva jóval kedvezőbb, azaz annál mintegy másfélszer nagyobb öröklődhetőségi értéket mutatott (Nagy és mtsai, 2006a). Ugyanakkor a combizom az értékes húsrészeknek a legnagyobb hányadát teszi ki, ezért a tenyésztési programban, szelekciós kritériumként történő szerepeltetése mindenképpen indokolt (Matics és mtsai, 2014). A CT vizsgálat egyetlen hátránya, hogy az nem tekinthető olcsó eljárásnak. Ezt próbálták francia szerzők (Lenoir és mtsai, 2015) kiküszöbölni oly módon, hogy az L-értéket ultrahang segítségével állapították meg Hycole francia hibrid nyúlállományban. A tulajdonság genetikai paramétereit becsülve Lenoir és mtsai (2015) közepes (0,2) öröklődhetőséget kaptak, azonban a vágási kitermeléssel szoros (0,74) vagyis kedvező genetikai korrelációról számoltak be. A combizom-térfogatra becsült véletlen alomhatások nagysága mindkét fajtában kicsi volt (9-10. táblázat), mely megfelelt a fajtákban korábban végzett vizsgálati eredményeknek (Gyovai et al., 2008; 2012; Nagy et al., 2010c; 2013a).

A súlygyarapodás esetében a Pannon fehér fajta öröklődhetősége (9. táblázat) jelentősen meghaladta a Pannon nagytestű fajtára kapott becsléseket (10. táblázat). A kapott értékek némileg elérnek a korábbi vizsgálatok eredményeihez viszonyítva, ahol a Pannon fehér, illetve Pannon nagytestű fajták átlagos súlygyarapodására becsült öröklődhetőségek érdemben nem különböztek egymástól (Gyovai et al., 2012; Nagy et al., 2013a). Az eltérés elsősorban azzal magyarázható, hogy jelen vizsgálatban a Pannon nagytestű fajtában a véletlen alomhatások nagysága meghaladta az additív genetikai hatások nagyságát. Korábban (Nagy és mtsai, 2013a) fordított tendenciát tapasztaltak, azaz az öröklődhetőség meghaladta a véletlen alomhatás nagyságát (0,23, illetve 0,16). Mindezekon felül, a jelen vizsgálatban az egytulajdonságos modellek használata során a Pannon fehér fajtában a korábbi genetikai értékeléseket valamelyest meghaladó (Gyovai et al., 2008; 2012) öröklődhetőségeket becsültem. A nemzetközi szakirodalom alapján megállapítható, hogy az átlagos súlygyarapodás öröklődhetősége rendkívül változékony. A szerzők közül francia hibrid nyúlállományra, illetve egy algériai szintetikus fajtára nézve kis öröklődhetőséget (0,12-0,14) írtak le (Garreau és mtsai, 2013; Bolet és mtsai, 2012), míg más francia és spanyol vonalakban a becsült öröklődhetőségek nagysága gyenge-közepes (0,18-0,22) volt (Garreau és mtsai, 2013; Drouilhet és mtsai, 2013; Lavara és mtsai, 2012; Mínguez és mtsai, 2016). Ezzel szemben Larzul és Rochambeau (2005) a súlygyarapodásra nézve jelentős nagyságú öröklődhetőségről számoltak be. A

súlygyarapodásra a jelen vizsgálatban becsült véletlen alomhatás közepes nagyságú volt, ami az anyai hatások nagy jelentőségét mutatja. A külföldi szerzők (Bolet és mtsai, 2012; Garreau és mtsai, 2013; Drouilhet és mtsai, 2013; Lavara és mtsai, 2012; Mínguez és mtsai, 2016) eredményei változatosak, 0,06 és 0,32 közötti véletlen alomhatás nagyságokról tesznek említést.

A 21 napos alomsúlyokra a Pannon fehér fajtában kis öröklődhetőségeket becsültem (9. táblázat), míg a Pannon nagytestű fajtában a kapott öröklődhetőségi értékek gyenge-közepes nagyságot mutattak. A kapott értékek megfeleltek az irodalmi áttekintés fejezetben már ismertetett hazi és külföldi szerzők (Ayyat és mtsai, 1995; Al-Saef és mtsai, 2008a; Lenoir és mtsai, 2011; Gyovai és mtsai, 2012) eredményeinek. A 21 napos alomsúlyban a tartós környezeti hatások nagysága mindkét fajtában meghaladta az additív genetikai hatások nagyságát (9-10. táblázatok).

Az úgynevezett bővített modellek az állattenyésztésben általánosan használt random hatásokon kívül a dominanciahatásokat is tartalmazták (9-10. táblázat). A vizsgált tulajdonságok közül az átlagos súlygyarapodás és a 21 napos alomsúly értékmérőkre nagy, a combizom-térfogatra pedig közepes dominanciahatást becsültem abban az esetben, ha a modell az additív genetikai hatáson és a dominanciahatáson kívül nem tartalmazott egyéb random hatást. A modellt a tartós környezeti (21 napos alomszám), illetve a közös környezeti (átlagos súlygyarapodás, combizomtérfogat) hatásokkal bővítve a becsült dominanciahatások nagysága igen jelentősen, míg az egyéb random hatások nagysága mérsékelten csökkent (9-10. táblázat). A tapasztalt jelenséget a már korábban említett hatáskeveredés (confounding okozza). A dominanciahatás szerepeltetése ugyanis elvileg csak a reziduális hatásokat kellene, hogy csökkentse, azonban a tartós környezeti, illetve a közös környezeti hatások csökkenése egyértelműen ezen tényezők közötti hatáskeveredésre utal. Ez a dominancia varianciakomponenssel kapcsolatban általános jelenség, ugyanis, amint arra Hill és mtsai (2008) felhívják a figyelmet, a dominancia becslése édestestvér adatok alapján történik, emiatt a becslések a közös környezeti hatással terheltek. A dominanciahatások becslési módja magyarázza azt is, hogy a szakirodalomban olvasható dominanciahatás-becslések elsősorban hal (Gallardo és mtsai, 2010), baromfi (Mielenz és mtsai, 2006) és sertés (Serenius és mtsai, 2006) fajokban végzett mérések eredményeit tartalmazzák. Pannon fehér és Pannon Ka fialási adatainak elemzése során Nagy és mtsai (2013b; 2014) az élve, holtan, illetve összesen született fiókák számára nézve szintén beszámolt a hatáskeveredésről, azonban esetükben a közös környezeti hatással nem kellett számolni az értékelt tulajdonságok jellege miatt. Nagy és mtsai (2013b) a különböző állatfajok esetében a dominanciahatással kapcsolatos hatáskeveredésről szóló közleményeket részletesen áttekintette. A dominanciahatás becslésével kapcsolatos másik nehézség, hogy a pontos becslési eredményekhez igen jelentős nagyságú adatbázis szükséges (Misztal, 2001). Valószínűleg ez volt az oka annak, hogy Rye és Mao (1998) nem tapasztalt jelentős nagyságú hatáskeveredést lazacok esetében a testsúly genetikai komponensei között, náluk ugyanis más szerzőkhöz (Misztal és Besbes, 2000; Serenius és mtsai, 2006) képest a vizsgált adatbázis jelentős nagyságú volt. Annak ellenére, hogy szaporasági sajátosságai alapján a nyúl termelési és szaporasági adatai igen alkalmasak a dominanciahatások becslésére, korábbi vizsgálatainkon kívül (Nagy és mtsai, 2013b; 2014) csak két közleményről van tudomásom, melyben a szerzők a dominanciahatások nagyságát becsülték. Az egyik közleményben a szerzők a nyulak hosszú hasznos élettartamára vonatkozóan a már korábban ismertetett hatáskeveredésről számoltak be (Sánchez és mtsai, 2005), ezzel szemben egy másik közleményben nem tapasztaltak kimutatható nagyságú dominanciahatást spanyol anyai vonalak alomlétszáma nézve (Fernandez és mtsai, 2010).

9. táblázat – Pannon fehér nyulak vizsgálat tulajdonságainak genetikai paraméterei

Értékelt Tulajdonság	Genetikai paraméter	Modell típus	SGY	COMB	AL21
3	h ²	dominanciahatás nincs	0,25±0,01	0,24±0,02	0,08±0,01
1		dominanciahatás nincs	0,30±0,01	0,21±0,03	0,08±0,01
1		dominanciahatás van, csökkentett	0,33±0,01	0,21±0,03	0,19±0,01
1		dominanciahatás van, bővített	0,30±0,01	0,21±0,02	0,07±0,01
3	c ²	dominanciahatás nincs	0,25±0,01	0,09±0,01	-
1		dominanciahatás nincs	0,25±0,01	0,10±0,02	-
1		dominanciahatás van, csökkentett	-	-	-
1		dominanciahatás van, bővített	0,24±0,01	0,09±0,03	-
3	Pe	dominanciahatás nincs	-	-	0,17±0,01
1		dominanciahatás nincs	-	-	0,17±0,01
1		dominanciahatás van, csökkentett	-	-	-
1		dominanciahatás van, bővített	-	-	0,15±0,02
1	d ²	dominanciahatás van, csökkentett	0,74±0,01	0,27±0,01	0,42±0,01
1	d ²	dominanciahatás van, bővített	0,03±0,01	0,03±0,02	0,23±0,01

SGY: átlagos napi súlygyarapodás; COMB: combizom-térfogat; AL21: 21 napos alomsúly; dominanciahatás van, csökkentett: a modellben a tartós környezeti, illetve a véletlen alomhatásokat a dominanciahatások váltják fel; dominanciahatás van, bővített: a modellben a tartós környezeti, illetve a véletlen alomhatásokat a dominanciahatások kiegészítik

10. táblázat – Pannon nagytestű nyulak vizsgált tulajdonságainak genetikai paraméterei

Értékelt Tulajdonság	Genetikai paraméter	Modell típus	SGY	COMB	AL21
3	h ²	dominanciahatás nincs	0,15±0,01	0,25±0,03	0,15±0,03
1		dominanciahatás nincs	0,17±0,02	0,23±0,03	0,12±0,04
1		dominanciahatás van, csökkentett	0,17±0,02	0,22±0,03	0,32±0,04
1		dominanciahatás van, bővített	0,17±0,02	0,22±0,03	0,12±0,04
3	c ²	dominanciahatás nincs	0,23±0,01	0,08±0,02	-
1		dominanciahatás nincs	0,23±0,01	0,08±0,02	-
1		dominanciahatás van, csökkentett	-	-	-
1		dominanciahatás van, bővített	0,22±0,01	0,08±0,03	-
3	Pe	dominanciahatás nincs	-	-	0,27±0,03
1		dominanciahatás nincs	-	-	0,29±0,04
1		dominanciahatás van, csökkentett	-	-	-
1		dominanciahatás van, bővített	-	-	0,27±0,05
1	d ²	dominanciahatás van, csökkentett	0,76±0,01	0,28±0,02	0,46±0,03
1	d ²	dominanciahatás van, bővített	0,01±0,01	0,05±0,03	0,07±0,04

SGY: átlagos napi súlygyarapodás; COMB: combizom-térfogat; AL21: 21 napos alomsúly; dominanciahatás van, csökkentett: a modellben a tartós környezeti, illetve a véletlen alomhatásokat a dominanciahatások váltják fel; dominanciahatás van, bővített: a modellben a tartós környezeti, illetve a véletlen alomhatásokat a dominanciahatások kiegészítik

A Pannon fehér és Pannon nagytestű fajták vizsgált tulajdonságai közötti összefüggésvizsgálat eredményeit a 11. táblázatban mutatom be.

11. táblázat – táblázat – Pannon fehér és Pannon nagytestű nyulak vizsgált tulajdonságai között becsült genetikai korrelációs koefficiensek

Fajta	SGY-COMB	SGY-AL21	COMB-AL21
Pannon fehér	-0,33±0,05	0,25±0,05	-0,38±0,13
Pannon nagytestű	-0,31±0,03	0,47±0,13	0,10±0,08

SGY: átlagos napi súlygyarapodás; COMB: combizom-térfogat; AL21: 21 napos alomsúly

Az eredmények alapján látható, hogy az átlagos napi súlygyarapodás, illetve a combizom-térfogat közötti genetikai korrelációs együttható mindkét vizsgált fajtára nézve negatív volt, ami kedvezőtlen. A kapott eredmények jó egyezést mutatnak Nagy és mtsai (2013a) korábbi eredményeivel, akik a Pannon nagytestű fajtára nézve az itt kapott értékekhez viszonyítva valamivel kisebb korrelációs együtthatókat becsültek. Érdekes módon, a Pannon fehér fajtában a korábbi szelekciós kritérium, a CT-mérések alapján meghatározott L-érték szintén negatív (-0,21), azaz kedvezőtlen genetikai korrelációt mutatott az 5 és 10 hetes kor között meghatározott átlagos súlygyarapodással (Nagy és mtsai, 2006a). Ahogyan azt Nagy és mtsai (2006a) megemlíti, az átlagos súlygyarapodás és a CT-vel mért vágási tulajdonság közötti negatív genetikai korreláció hátterében az allometria változások állhatnak. Fiatalabb életkorban a nyulaknál az emésztőtraktus, illetve a csontváz növekszik intenzíven, míg az intenzív izomnövekedés csak későbbi korban következik be. Az átlagos súlygyarapodásra végzett intenzív szelekció kedvezőtlen eredménye lehet, hogy a nyulak hamarabb érik el a vágási súlyt, ezért a fejlettségük csökken. Ez magyarázhatja a Pannon fehér fajtában leírt negatív összefüggést (-0,32) az átlagos súlygyarapodás és a vágási kitermelés között (Nagy és mtsai, 2006a).

Az átlagos súlygyarapodás és a 21 napos alomsúly közötti korrelációs együtthatók közepesen szorosak voltak, bár a Pannon nagytestű fajtában kapott genetikai korreláció nagysága meghaladta a Pannon fajtára becsült értéket. A kapott eredmény mindenképpen kedvező, hiszen ahogyan arról már a Kaposvári Egyetemen nemesített nyúlállományok kialakításának és genetikai értékelésének történeti áttekintése részben beszámoltam, a Pannon fehér és Pannon nagytestű fajtákban a szelekció első lépésében a 21 napos alomsúly, illetve az (5 és 10 hetes kor közötti) átlagos súlygyarapodás képezi a szelekció alapját. A genetikai korrelációból fakadó szelekciós előrehaladás iránya ezért mindkét esetben kedvező. Azonos tulajdonságokra nézve Pannon fehér fajtában Gyovai és mtsai (2012) attól függően, hogy a 21 napos alomsúlyt hányadik fialás után mérték (1-4), 0,11 és 0,36 közötti genetikai korrelációkat tapasztaltak.

A combizom-térfogat és a 21 napos alomsúly esetében a két vizsgált fajta eltérő eredményeket mutat. A Pannon nagytestű fajta esetében nem volt érdemi kapcsolat a két tulajdonság között, azonban a Pannon fehér fajtában a két tulajdonság között a becsült genetikai korreláció közepesen szoros negatív, azaz kedvezőtlen volt. Az itt kapott eredmény nagyságrendileg megegyezik Gyovai és mtsai (2012) által közölt értékekkel. Mivel a Pannon fehér fajtában a szelekció első lépése a 21 napos alomsúly alapján történik, elképzelhető, hogy a CT-vizsgálatra kiválasztott nyulak combizom-térfogatára nézve a szelekció első lépése kedvezőtlen. A kapott negatív együtthatót az okozhatja, hogy a hosszú ideje tartó combizom-térfogatra végzett szelekció a nyulak zsírtartalékait csökkentheti, ami a fajta szaporasági teljesítményét is ronthatja (Szendrő és mtsai, 2010).

4.2. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságait értékelő egyedmodellek illesztésvizsgálata

A kiválasztott modellek illesztésvizsgálata (12. táblázat) alapján látható, hogy a vizsgált tulajdonságok torzítottsága nullához közeli volt valamennyi modell esetében. Az átlagos négyzetes hiba értelemszerűen a laktáció 28. napján mért átlagos almon belüli malactömeg esetén volt a legkisebb, mert az átlagolás eltüntette az egyedi különbségeket. A legnagyobb értékeket az alomtömeg estében tapasztaltam. Az eredmények alapján az alomsúlyok átlagos négyzetes hibái több mint a felével csökkentek, amennyiben a modell a nevelt nyulak számát is tartalmazza (10. táblázat; 4., 19., 20., 27., 28., 35., 43., 44. és 64. modellek). A kapott eredmények alapján illesztés szempontjából a 27., 28. és a 35. modellek tekinthetők a legkedvezőbbnek. Korábban hasonló modell-illesztési vizsgálatok alapján Pannon fehér nyulak fialásait értékelve Nagy és mtsai (2011) az élve született fiókák számára nézve az itt (élve született malacok számára) közölt átlagos négyzetes hibáknál valamivel nagyobb értékeket tapasztaltak, azonban a kapott eredmények nagyságrendileg megegyeznek az itt közöltekkel (10. táblázat). Spanyol lapálysértés, illetve nagy fehér hússértés állományok alomlétszám teljesítményeit vizsgálva Babot és mtsai (2003) nem tapasztaltak érdemi különbségeket a modellek becslési pontosságában, hogy a vizsgált időszak az évszak, hónap vagy hét volt, bár a legkisebb MSE értékeket az évszakok esetében tapasztalták. Hasonló módon a tenyészet-év-évszak/hónap/hét hatás fix és random hatásként nem adott érdemi különbségeket a becslési pontosságra nézve. Babot és mtsai (2003) által becsült átlagos négyzetes hibák ugyanakkor jó egyezőséget mutattak az itt közölt értékkel.

12. táblázat – A vizsgált modellek illesztését jellemző paraméterek

Modell	Tulajdonság	MSE	BIAS
4	ÁT28	0,544	$9,26 \times 10^{-6}$
	SZÉM	4,964	$8,63 \times 10^{-4}$
	NM28	2,079	$-2,87 \times 10^{-5}$
19	SZÉM	4,947	$8,95 \times 10^{-4}$
	NM28	2,079	$-6,59 \times 10^{-6}$
	AL28	107,26	$8,53 \times 10^{-6}$
20	SZÉM	4,964	$8,96 \times 10^{-4}$
	NM28	2,079	$-6,67 \times 10^{-6}$
	AL28	108,27	$1,46 \times 10^{-5}$
27	SZÉM	5,018	$-1,78 \times 10^{-5}$
	AL28	46,25	$4,88 \times 10^{-5}$
28	SZÉM	4,98	$-1,79 \times 10^{-5}$
	AL28	47,19	$5,34 \times 10^{-5}$
35	SZÉM	4,974	$-2,06 \times 10^{-5}$
	AL28	46,495	$3,85 \times 10^{-5}$
43	SZÉM	4,97	$5,28 \times 10^{-5}$
	AL28	106,35	$-6,99 \times 10^{-5}$
44	SZÉM	4,98	$5,31 \times 10^{-4}$
	AL28	107,86	$-5,79 \times 10^{-6}$
64	NM28	2,075	$-6,72 \times 10^{-6}$
	AL28	108,07	$1,31 \times 10^{-5}$

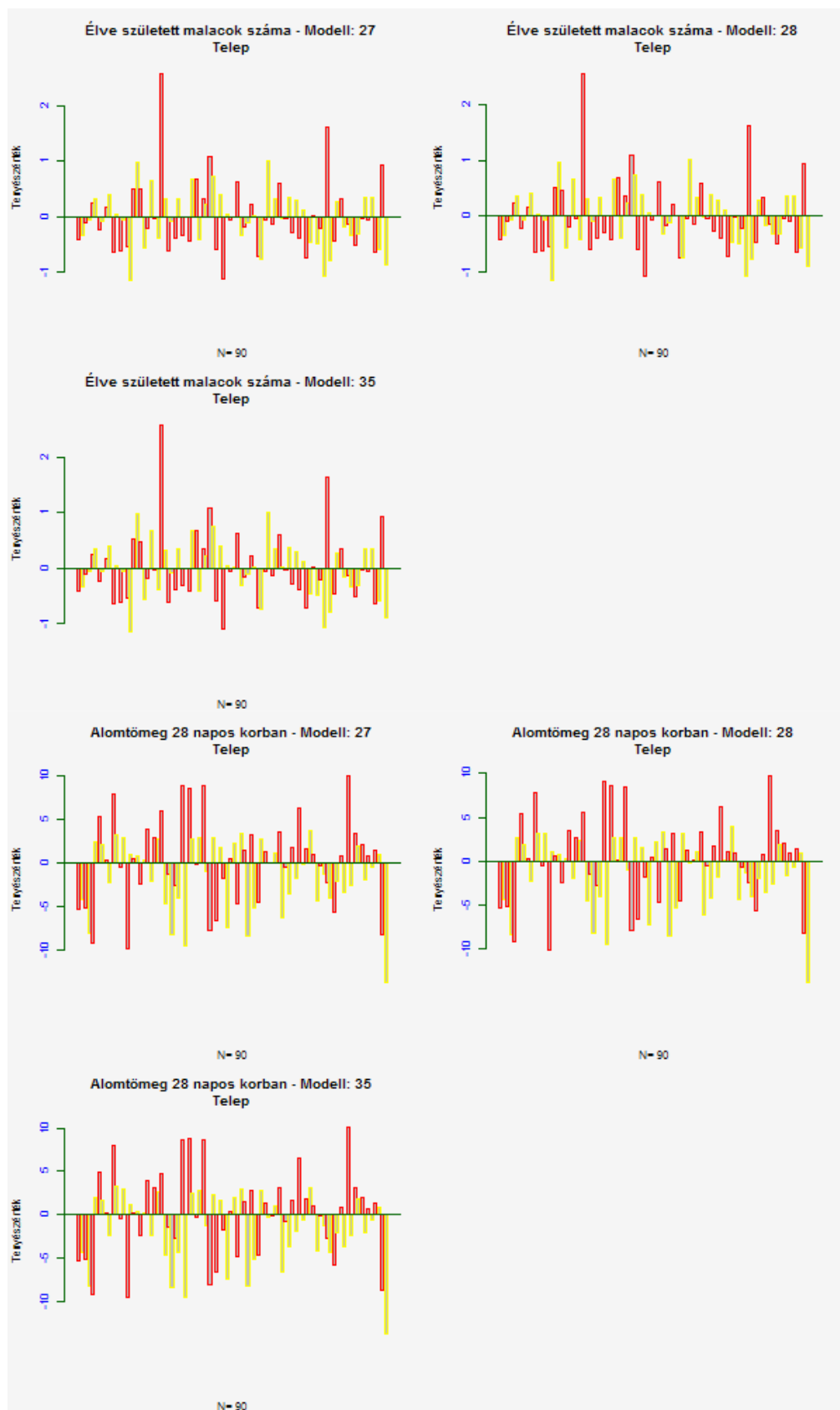
SZÉM: élve született malacok száma; NM28: nevelt malacok száma a laktáció 28. napján; ÁT28: átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján; AL28: alomsúly a laktáció 28. napján

4.3. Tenyésztértékbecslés

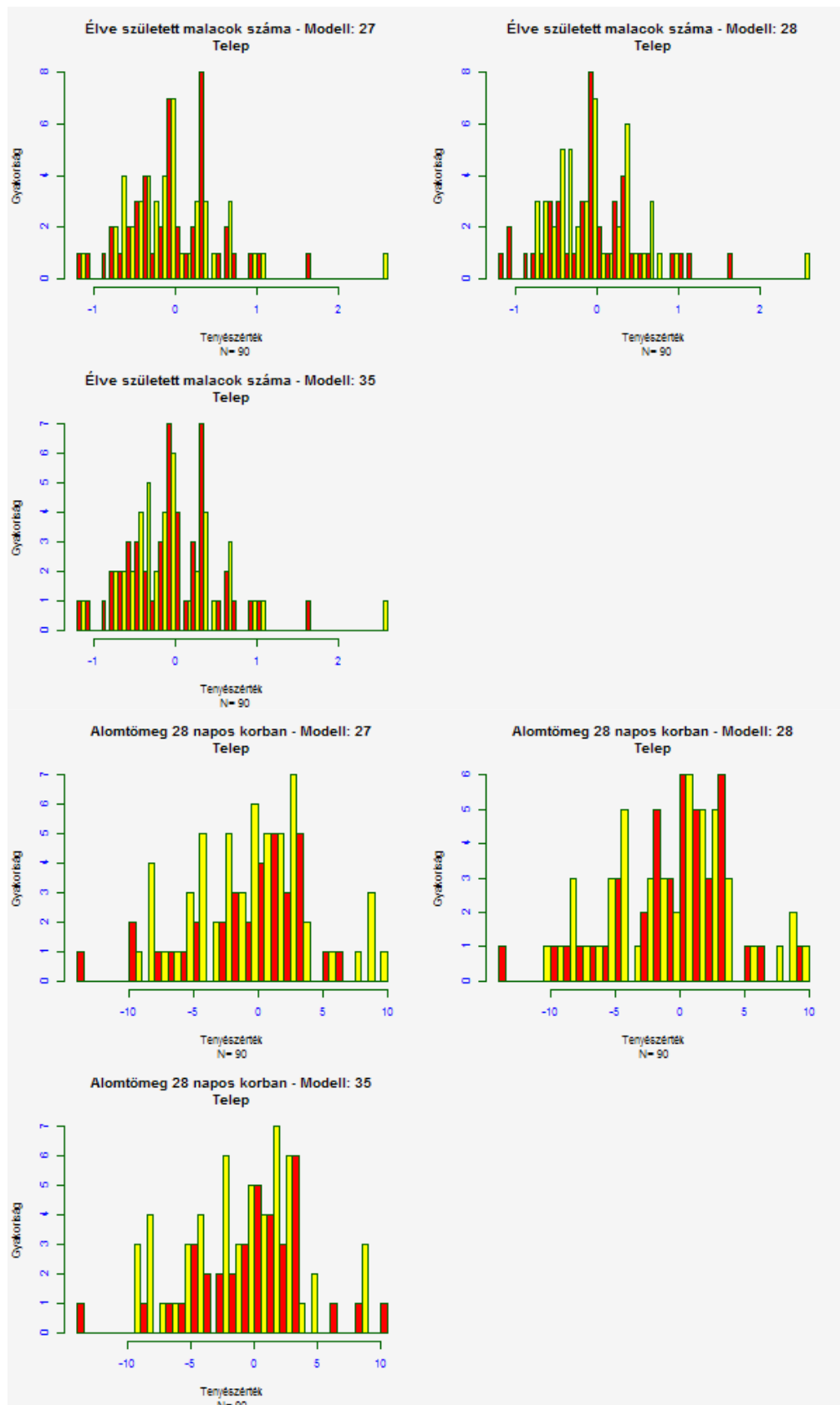
4.3.1. Sertésállományok reprodukciós értékmérő tulajdonságainak tenyésztértékbecslése

A legjobb illesztést mutató 27., 28. és 35. modellek alapján becsült környezeti hatások és tenyésztértékek jellemzőit és a becsült genetikai trendeket a 17-24. ábrákon mutatom be.

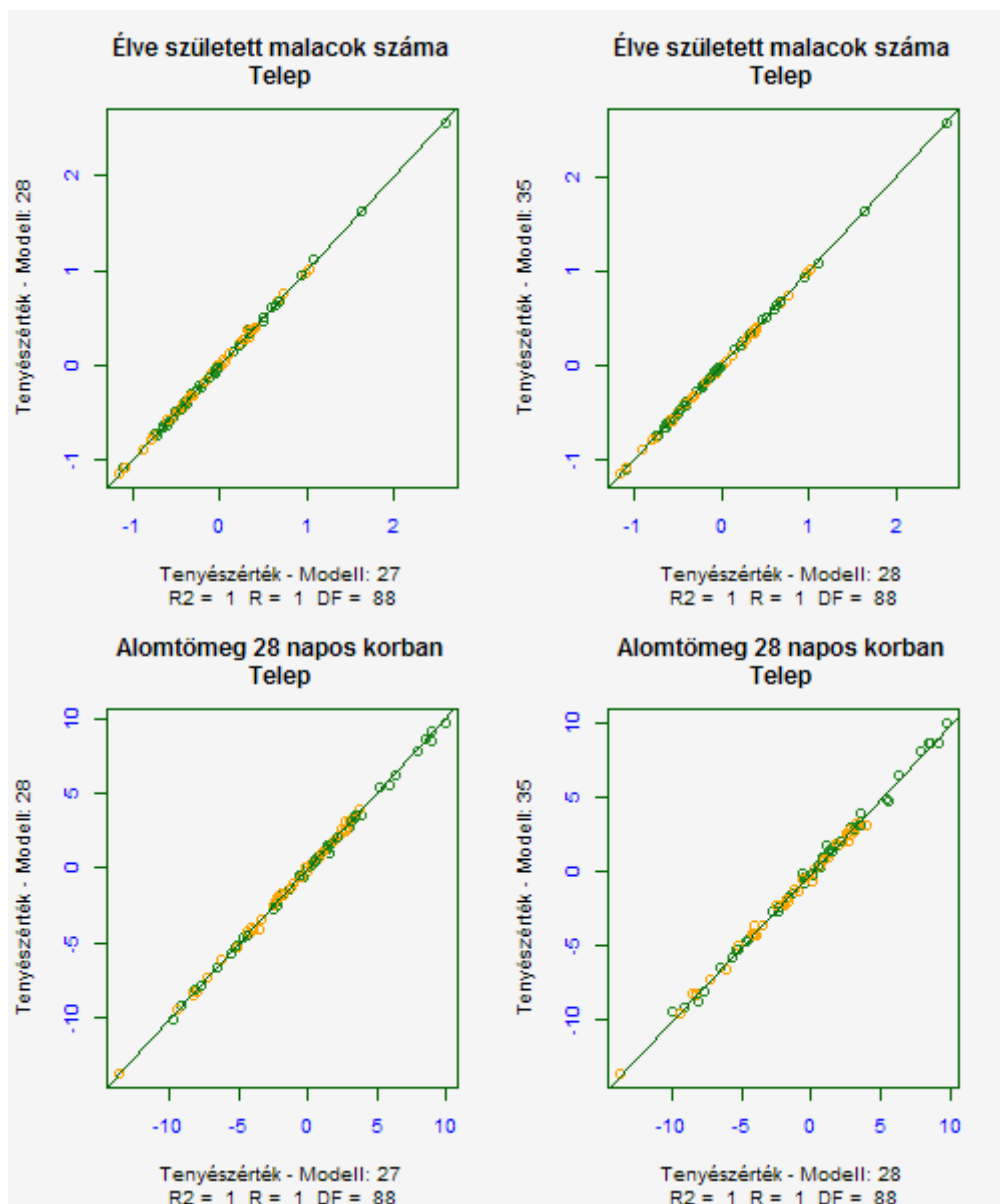
A vizsgált értékmérők mérési eredményeinek a 11-12. ábrákon, valamint a 3-4., 11-12. és a 19-20. mellékleteken látható tenyészetenkénti eloszlásával összhangban az élve született malacsám és a 28 napos alomtömeg esetében a BLUP módszer alapján becsült tenyészet hatások nagysága jelentős volt (17. ábra). Az egyes tulajdonságok tekintetében a "legjobb", illetve "legrosszabb" telepek között becsült különbségek eredményeképpen a vizsgált tulajdonságok átlagai között tapasztalható eltérés a tulajdonságok fenotípusos átlagaihoz viszonyítva megközelíti az 50%-ot. Ugyanakkor a tenyészet hatások gyakoriságai alapján (18. ábra) látható, hogy a szélsőségektől eltekintve a tenyészetek között becsült környezeti különbségek (a tulajdonság fenotípusos átlagában kifejezve) általában nem okoznak 20-30%-nál nagyobb eltéréseket az értékelt tulajdonságokban. A legjobb illesztést mutató 27., 28. és 35. modellek (12. táblázat) által becsült tenyészet hatások gyakorlatilag azonosnak tekinthetők (19. ábra). A kapott eredményeinhez hasonlóan Víg és mtsai (2007) hazai sertésállományok színhús százalékát és súlygyarapodását elemezve azt tapasztalták, hogy a BLUP vizsgálat szerint a tenyészet volt a legjelentősebb környezeti (fix) hatás a modellben szerepeltetett tényezők tenyészet, ivar, év, illetve hónap) között. A telephatások nagysága Víg és mtsai (2007) esetében mintegy 20-30% volt. A vizsgált értékmérőkre gyakorolt telephatás számszerűsítése úgy is lehetséges, ha az egyes tulajdonságot jellemző modellekben a telep, mint véletlen hatás szerepel. Ilyen modelleket alkalmazva Wolf (2010), illetve Wolf és Wolfova (2012) azt tapasztalták, hogy az összesen és az élve született malacok számára vonatkozóan a tenyészet-év-évszak hatás nagysága a teljes fenotípusos variancia mintegy 3-6%-át tette ki. Bár a kapott eredmény nem tűnik jelentősnek, meg kell említeni, hogy a komponens nagyságrendjében megegyezett a tulajdonságot befolyásoló tartós környezeti hatások nagyságával, ugyanakkor elmaradt az additív genetikai hatások nagyságától (Wolf, 2010; Wolf és Wolfova, 2012).



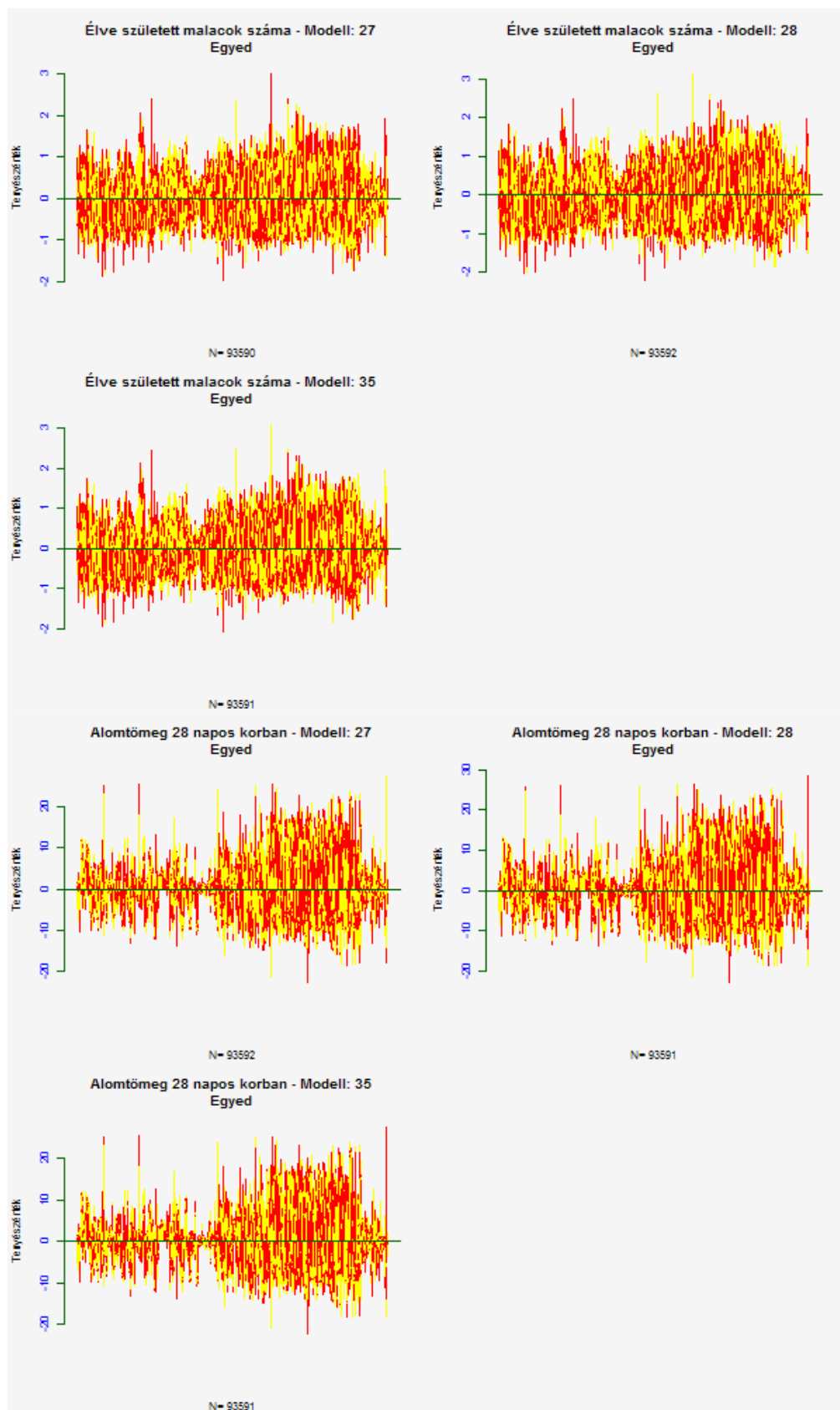
17. ábra – Az élve született malacszám (felső rész) és a 28 napos alomtömeg (alsó rész) tulajdonságokra becsült telephatások nagysága



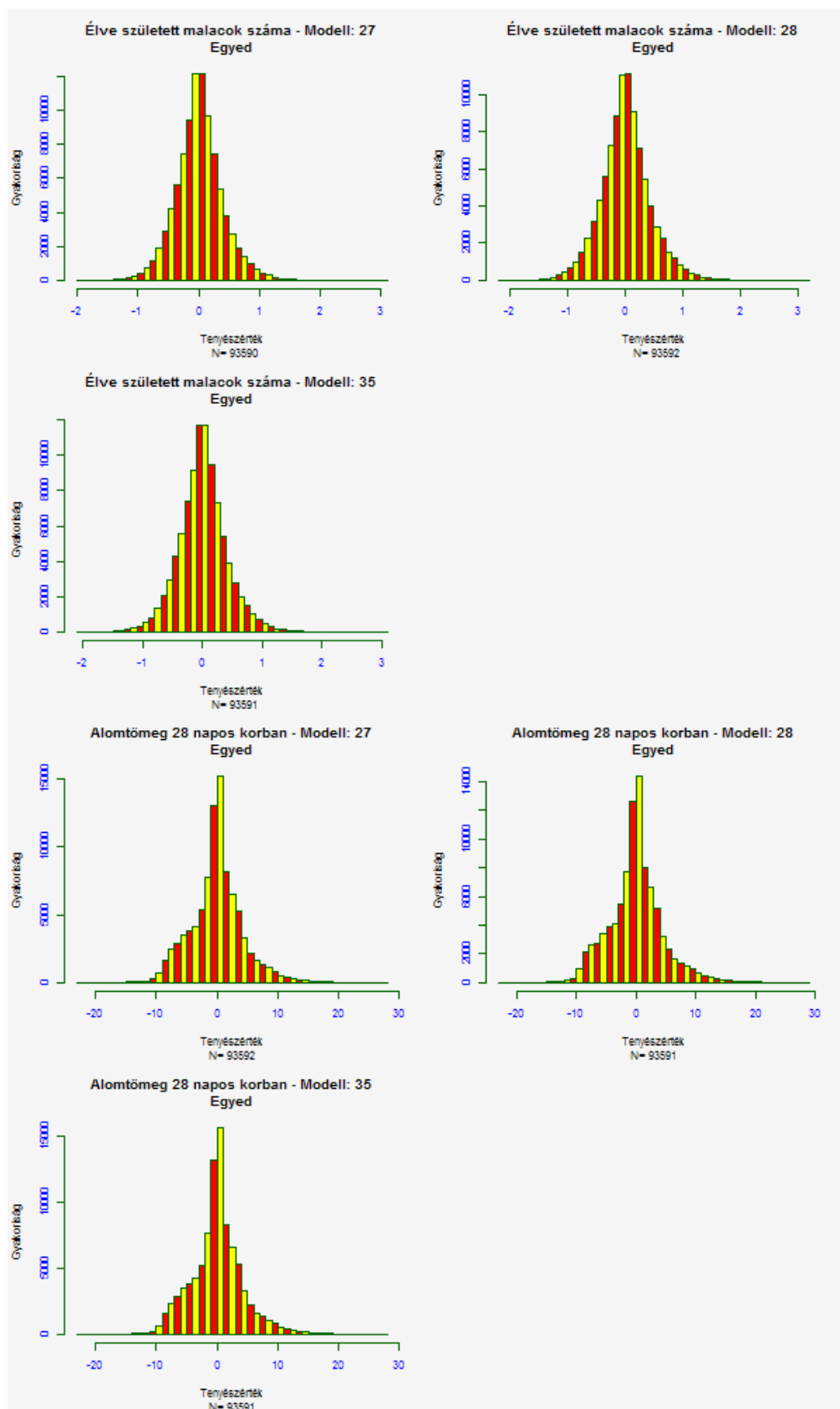
18. ábra – Az élve született malacszám (felső rész) és a 28 napos alomtömeg (alsó rész) tulajdonságokra becsült telephatások eloszlása



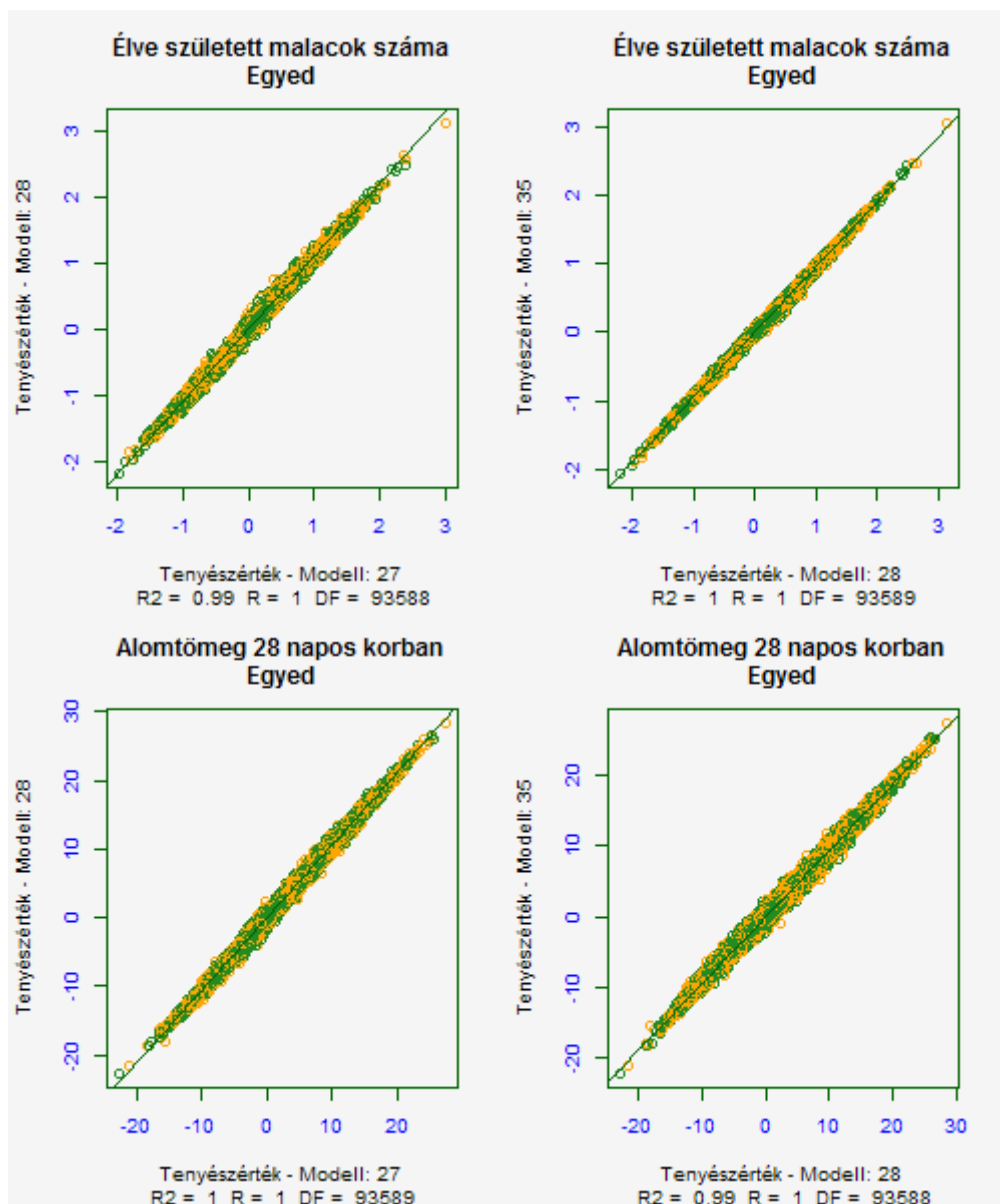
19. ábra – Az élve született malacszám (felső rész) és a 28 napos alomtömeg (alsó rész) tulajdonságokra becsült telephatások stabilitása



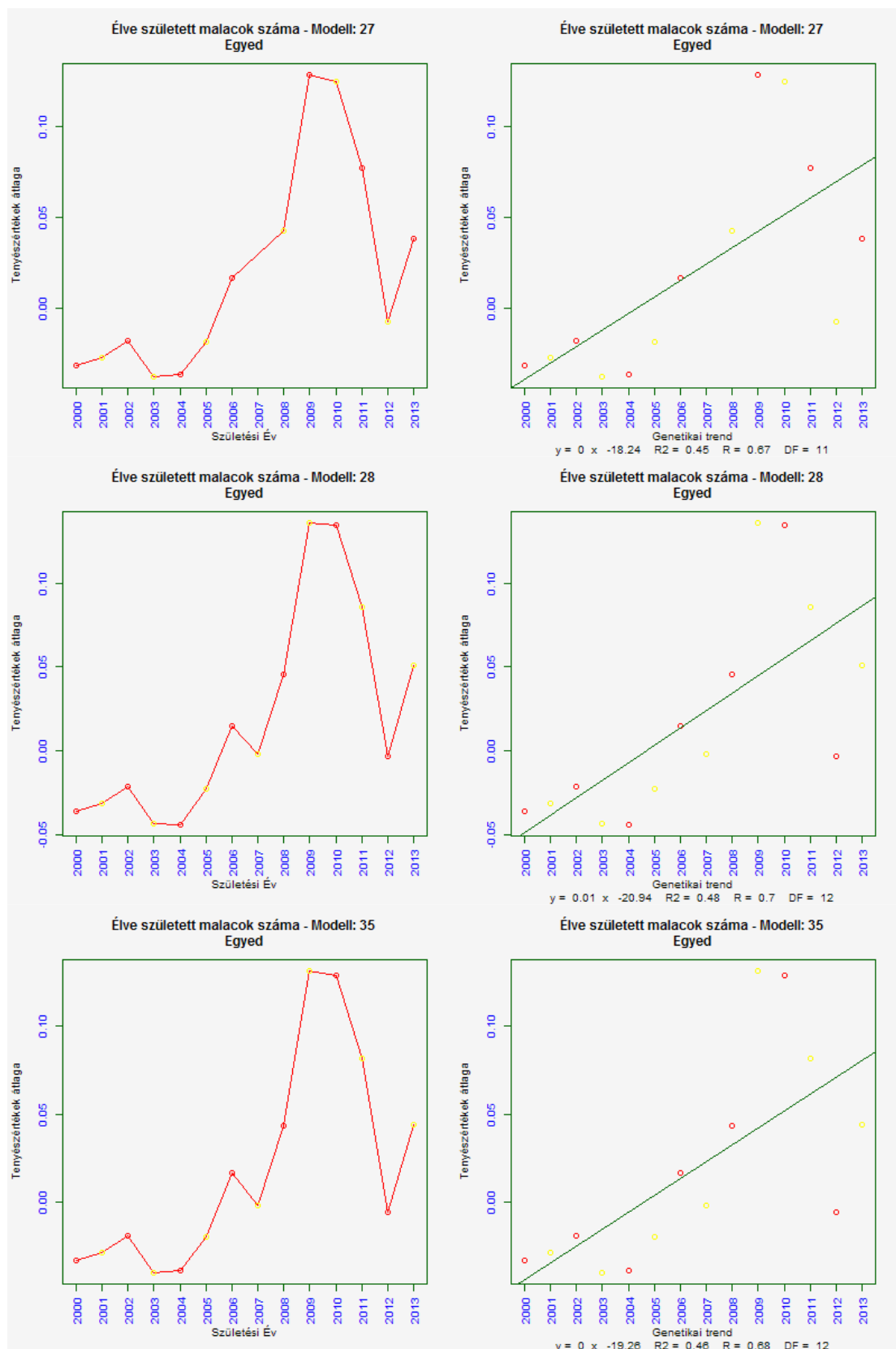
20. ábra – Az élve született malacszám (felső rész) és a 28 napos alomtömeg (alsó rész) tulajdonságokra becsült tenyésztértékek nagysága



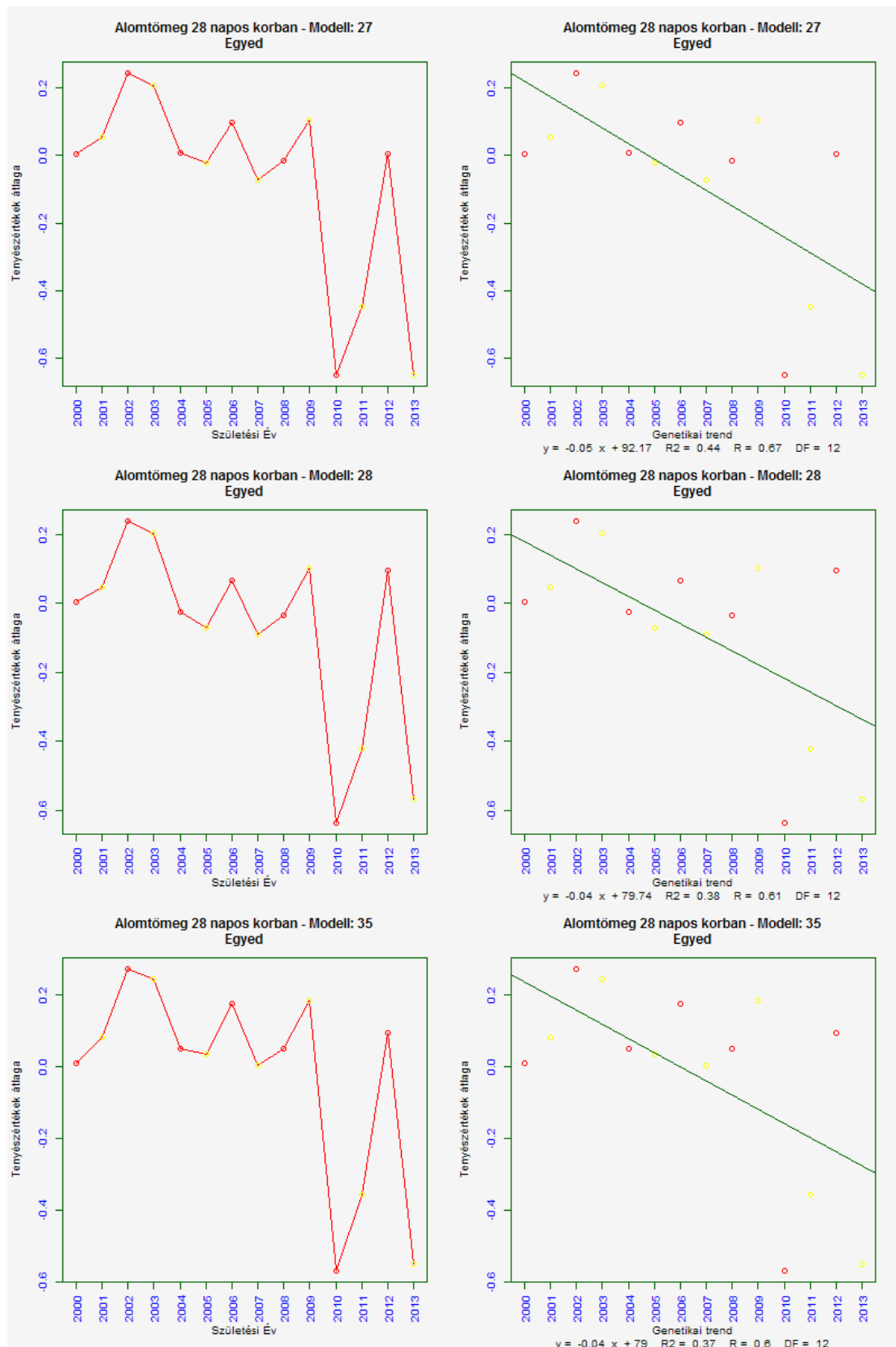
21. ábra – Az élve született malacszám (felső rész) és a 28 napos alomtömeg (alsó rész) tulajdonságokra becsült tenyészértékek eloszlása



22. ábra – Az élve született malacszám (felső rész) és a 28 napos alomtömeg (alsó rész) tulajdonságokra becsült tenyészértékek stabilitása



23. ábra – Az élve született malacszámra becsült genetikai trendek



24. ábra – A 28 napos alomtömegre becsült genetikai trendek

Az élve született malacok számára és a 28 napos alomtömegre becsült tenyészártékek nagysága (20. ábra) és eloszlása (21. ábra) alapján megállapítható, hogy a vizsgált állományokban a genetikai képességekben az egyedi különbségek rendkívül nagyok, ami szélsőséges esetben akár 3 élve született malac, illetve 30 kg 28 napos alomsúly is lehet. A tenyészetek közötti kapcsolatban leírtakhoz hasonló módon az élve született malacsáma, illetve a 28 napos alomsúlyra legjobb illesztést adó 27., 28., illetve 35. modellek (5. táblázat), gyakorlatilag azonos tenyészártékeket becsültek (22. ábra). A vizsgált 15 éves periódusra vonatkozóan az élve született malacsáma tenyészártékeinek az átlaga az egyes vizsgálati évekre illesztve nem mutatott változást (23. ábra). Ezzel szemben a 28 napos alomsúly esetében az egyes évekre átlagolt tenyészártékek a vizsgálati periódusra nézve egy nagyon csekély csökkenést mutattak (24. ábra). A kapott eredmények kedvezőtlenek, hiszen a hazai sertésenyésztésben 2008 óta a szelekció a BLUP módszer segítségével becsült tenyészártékek alapján történik (MGSZH, 2009). A Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex 7. kiadása alapján az I. és II. fajtacsoportokban a szelekciót egyszerre 5 tulajdonságra (hizlalási napok száma, értékes húsrészek aránya, életnap, színhús %) végezték. A növekedési és vágási tulajdonságokból képzett indexhez (teljes tenyészárték index) hozzáadták az élve született malacsáma becsült tenyészárték huszonötszörösét (MGSZH, 2009). Összességében az öt szelektált tulajdonság súlyozása egyenként mintegy 20%, ezért, ha - az amúgy kis öröklődhetőséget mutató - élve született malacok számára nézve a nem sikerült érdemi genetikai előrehaladást kimutatni. A 28 napos alomsáma a tenyészállatok minősítésében nem játszott szerepet, vagyis ennél a tulajdonságnál a szelekciós előrehaladás elmaradása nem meglepő. Az élve született malacsáma kapott eredménnyel kapcsolatban megemlíthető, hogy a tulajdonságban egy 15 éves időtartamra nézve (2000-2014) a magyar nagy fehér húsertés, illetve magyar lapálysertés állományokban átlagosan 0,3, illetve 0,4 malac előrehaladást (0,02, illetve 0,026 malac/év) sikerült realizálni (Farágó és mtsai, 2001; Novozánszky, 2014). A nemzetközi szakirodalomban a legtöbb közölt eredmény az élve született malacok számával kapcsolatos. A szelekció hatékonyságát az egyes szerzők többféle megközelítésben is vizsgálták. Tribout és mtsai (2004) francia nagy fehér húsertés kanok spermáját lefagyasztva, majd 21 évvel később felolvasztva értékelték az 1977 és 1998 között realizált szelekciós előrehaladást az élve született malacsáma nézve. A szerzők 0,1 malac/év előrehaladásról számoltak be, hozzátéve, hogy a megnövekedett szaporasági teljesítmény ellenére a malacok születési súlya nem változott. Holl és Robison (2003) amerikai nagy fehér és lapály keresztezett állományok esetében a szelekció hatékonyságának sikerét nem szelektált kontroll vonalhoz történő viszonyítás alapján ítélték meg. A kapott eredmények szerint a szelektált és nem szelektált csoportok között 9 generáció után az átlagos becsült tenyészártékek nézve 0,63 malac különbség volt. A kontroll és a szelektált állományokra Holl és Robison (2003) genetikai trendeket is becsültek, ahol egy generációra vetítve a tapasztalt genetikai trendek sorrendben -0,026, illetve 0,053 malac voltak. Az élve született malacok számára több szerzőcsoport (Chansomboon és mtsai, 2010; Chen és mtsai, 2003; Dube és mtsai, 2012; Kasprzyk, 2007; Rosendo és mtsai, 2007; Hsu és Johnson, 2014) is becsült genetikai trendeket, a kapott értékek -0,05 és 0,17 malac/év között ingadoztak. Su és mtsai (2007) kutatási kapcsán már korábban is megemlítettem, hogy a dán sertésenyésztésben igen kedvező eredményeket értek el azzal, hogy nem az élve született, hanem az öt napos korban életben levő malacsáma szelektáltak. Ezeket a kedvező tapasztalatokat erősítették meg Nielsen és mtsai (2013), aki arról számoltak be, hogy az 5 napos malacsáma történő szelekció 6 év alatt yorkshire és lapály állományokban sorrendben 2,2 és 1,6 malac szelekciós előrehaladást eredményezett. Éves periódusra átszámítva a tapasztalt 0,37 és 0,27 malac/év szelekciós előrehaladás jelentősen meghaladja a korábban említett szerzők által az élve született malacsáma közölt szelekciós előrehaladások nagyságát.

Az alomsúlyra nézve egyes szerzők igen változatos nagyságú szelekciós előrehaladásról számoltak be. A szerzők egy része (Chansomboon és mtsai, 2010; Hsu és Johnson, 2014; Kasprzyk, 2007) arról tett említést, hogy a szaporaságra folytatott szelekció kedvezőtlen mellékhatásaként az alomsúlyban negatív genetikai trendet (-0,22- -0,48 kg/év) tapasztaltak. Ezzel szemben egy lengyel lapálysertés vonalban (PL23) Kasprzyk (2007) az alomsúly növekedéséről (0,54 kg/év) számolt be. Chen és mtsai (2003) a vizsgált fajtáktól (yorkshire, lapály, duroc, hanpshire) függően eltérő nagyságú, de minden esetben pozitív genetikai trendet (0,007-0,279 kg/év) becsültek a 21 napos alomsúlyra. Chen és mtsai (2003) a nevelt malacok számára vonatkozóan is elvégezték a genetikai trendek becslését, és pozitív, de nullához nagyon közeli értékeket tapasztaltak (0,001-0,008) az említett fajtákban. Chansomboon és mtsai (2010) negatív (0,019 malac/év), Kasprzyk (2007) lengyel lapály fajta esetén negatív (-0,04 kg/év), míg a fajta alapján kialakított speciális vonalban (PL23) pozitív genetikai trendet (0,10 kg) tapasztalt. Az alomsúllyal kapcsolatosan kiemelném, hogy a genetikai trendek nemcsak a fajták között, hanem az adott fajtán belül is változó nagyságot mutattak attól függően, hogy a szelekció hányadik generációján tartott (Hsu és Johnson, 2014). Hsu és Jonhson (2014) vizsgálatában az eredetileg negatív genetikai trend (generáció 0-11: -21; generáció 12-14: -0,36 kg) a szelekciós folyamat végére pozitív értéket mutatott (generáció 20-28: 0,09 kg/év) Ennek a változásnak a hátterében a szelekciós kritérium tulajdonságok megváltozása volt. Míg az első 11 generáció esetében a szelekciót az ovulációs rátára és az embrió életképességére végezték, addig a 20 generációtól kezdve az élve született malacsám, a 180 napos testsúly, illetve adott ponton mért szalonnavastagság képezte a szelektált tulajdonságok körét. Az átlagos malacsúlyra vonatkozóan csupán Rosendo és mtsai (2007) végeztek vizsgálatokat, ám eredményeik alapján a becsült genetikai trend nagysága nem tért el szignifikánsan a nullától.

4.3.2. Nyúlállományok reprodukciós, növekedési és vágási értékmérő tulajdonságainak tenyésztértékbecslése

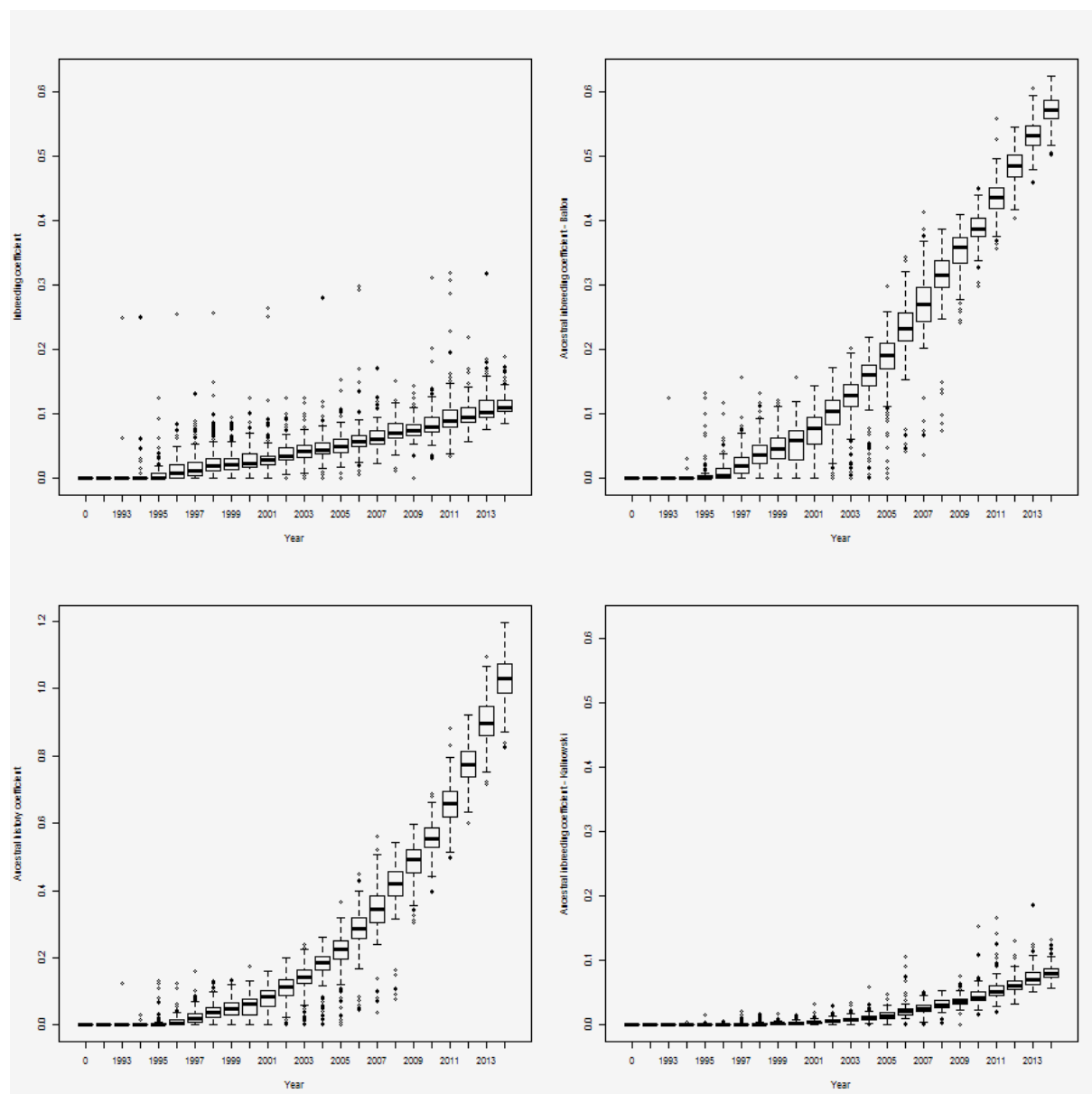
A különböző modellek alapján becsült tenyésztértékek stabilitására vonatkozóan általánosan megállapítható, hogy a becsült rangkorrelációs együtthatók valamennyi esetben szorosak (0,93-0,99) voltak. A combizomtérfogat és az átlagos súlygyarapodás esetében a kapott rangkorrelációs együtthatók 0,98-0,99 közötti értékeket mutattak, függetlenül attól, hogy a modell tartalmazta-e a dominanciahatást, illetve, hogy a dominanciahatás mellett a modell tartalmazott-e az additív genetikai hatáson kívül más random hatást. A 21 napos alomsúly esetében a tenyésztértékek stabilitását kifejező rangkorrelációk valamivel kisebbek voltak, a Pannon nagytestű, illetve a a Pannon fehér fajtákban sorrendben 0,96-0,99, illetve 0,91-0,96 közötti tartományokban helyezkedtek el. Korábbi hasonló vizsgálatok során a Pannon fehér fajta alomnagysággal kapcsolatos tulajdonságaira nézve (élve, holtan, illetve összesen született fiókák száma) Nagy és mtsai (2013b) az úgynevezett alap, illetve dominanciahatásokat is tartalmazó egyedmodellek által becsült tenyésztértékeknek nagyfokú stabilitását (egyhez közeli rangkorrelációs együtthatók) tapasztalt. A Nagy és mtsai (2013b) által vizsgált tulajdonságokra nézve a Pannon Ka fajtában Nagy és mtsai (2014) szintén nagy tenyésztérték stabilitást tapasztalt a dominanciahatást is tartalmazó, illetve nem tartalmazó egyedmodellek között, amennyiben a vizsgált modellek egytulajdonságosak voltak. A többtulajdonságos modellekben ezzel szemben a becsült rangkorrelációs együtthatók (0,38-0,79) az előző eredményekhez képest jóval kisebb tenyésztérték-stabilitást mutattak. Sajnos a nemzetközi szakirodalomban nem találtam az itt bemutatott vizsgálatokhoz hasonló elemzést. Lazacok testsúlyára vonatkozóan Gallardo és mtsai (2010) az itt bemutatott eredményekhez hasonlóan a tenyésztértékek nagy stabilitásáról (0,98-0,99) számolt be a dominanciát tartalmazó, illetve az azt nem tartalmazó alapmodellek között.

4.4. Pedigréanalízis

4.4.1. Pannon fehér nyúlállomány pedigréanalízise

A Pannon fehér nyúlfajta részletes pedigréanalízisének, valamint az állomány beltenyészettségének vizsgálati eredményeit 1992-2007, illetve 1992-2009 közötti időszakokra Nagy és mtsai (2010b), valamint Nagy és mtsai (2013b) ismertették.

A különböző beltenyészési együtthatókra a teljes vizsgálati periódusra tapasztalt tendenciákat a 25. ábrán mutatom be.



25. ábra – Wright (bal felső), Ballou (jobb felső), Baumung (bal alsó) és Kalinowski (jobb alsó) féle beltenyészési együtthatók trendjei a teljes vizsgálati időtartamra nézve

A 2010-2014 közötti időszakban született anyák és bakok különböző beltenyészési koefficienseinek leíró statisztikáit a 13. táblázatban közöltem.

13. táblázat – A Pannon fehér nyulak beltenyésztési együttthatóinak leíró statisztikai jellemzői

Év	F*	N	Átlag	Szórás	Minimum	Maximum
2010	F	195	8,55	3,25	3,12	31,1
	F_4	195	2,26	4,13	0,00	25,6
	F_BAL	195	38,7	2,67	29,8	45,0
	F_BAUM	195	0,55	0,05	0,39	0,68
	F_KAL	195	4,52	1,68	1,56	15,4
	F_KAL_ÚJ	195	4,03	1,61	1,53	15,7
2011	F	249	9,83	3,91	3,53	31,9
	F_4	249	2,91	4,13	0,00	26,6
	F_BAL	249	43,5	3,10	35,6	55,7
	F_BAUM	249	0,66	0,06	0,50	0,88
	F_KAL	249	5,62	1,97	1,91	16,7
	F_KAL_ÚJ	249	4,21	2,05	1,62	16,4
2012	F	255	9,91	2,00	5,71	21,9
	F_4	255	2,23	1,96	0,00	14,1
	F_BAL	255	48,3	2,68	40,3	54,2
	F_BAUM	255	0,77	0,06	0,60	0,92
	F_KAL	255	6,23	1,28	3,32	13,1
	F_KAL_ÚJ	255	3,67	0,81	2,39	8,8
2013	F	276	11,1	2,64	7,63	32,0
	F_4	276	2,21	2,85	0,00	25,8
	F_BAL	276	53,2	2,37	45,8	60,5
	F_BAUM	276	0,90	0,06	0,72	1,09
	F_KAL	276	7,44	1,66	5,11	18,7
	F_KAL_ÚJ	276	3,61	1,06	2,52	13,4
2014	F	253	11,5	1,72	8,58	18,9
	F_4	253	1,75	1,79	0,00	9,57
	F_BAL	253	57,1	2,31	50,9	62,4
	F_BAUM	253	1,03	0,07	0,82	1,19
	F_KAL	253	8,21	1,26	5,72	13,3
	F_KAL_ÚJ	253	3,29	0,54	2,54	5,56

F*: beltenyésztési együtttható típusa; F: Wright-féle beltenyésztési együtttható; F_BAUM: Baumung-féle beltenyésztési együtttható; F_KAL_ÚJ: Kalinowski-féle „új” beltenyésztési együtttható; F_BAL: Ballou-féle beltenyésztési együtttható; F_KAL: Kalinowski-féle beltenyésztési együtttható

A teljes pedigre használata esetén az egyes vizsgálati évekre számított Wright féle beltenyésztési együttthatók átlagaira kapott tendencia megegyezett Nagy és mtsai (2010b), valamint Nagy és mtsai (2013b) eredményeivel, azaz az állomány átlagos beltenyésztési szintje évről évre folyamatosan növekedett. A növekedés üteme azonban viszonylag lassú volt. Más szerzők (Ballou, 1997, Baumung és mtsai, 2015, Kalinowski és mtsai, 2000) által javasolt számításmenetek alapján meghatározott beltenyésztéses együttthatók, bár értelemszerűen eltérő értékeket mutattak, az azokra kapott növekedési tendenciák megegyezettek a Wright féle beltenyésztési együttthatónál tapasztaltakkal.

A Wright féle beltenyésztési együtttható esetében a 25. ábrán jól látható, hogy a teljes állományból mindössze néhány egyed beltenyésztési együttthatója haladta meg a 20%-ot, ami kedvező eredmény és igazolja a Nagy és mtsai (2010b) által már korábban részletesen

ismertetett párosítási rendszert. A zárt állományméret miatt az utolsó vizsgálati években született valamennyi egyed beltenyésztett volt. Azonban a mintegy 25 éves nemesítési periódus alatt (mely nagyjából 25 generációnak felel meg) a 2014-ben született tenyészállatok beltenyésztettsége (13. táblázat) még így is elmarad attól a szinttől, amely féltestvérek párosításából nyert ivadékok esetében lenne tapasztalható. A teljes pedigrt felhasználó becslési mód alapján kapott eredményekkel ellentétben a 4 generációra korlátozott származás alapján becsült beltenyésztési együtthatók az utolsó három vizsgálati évben csökkenő tendenciát mutattak, ami kedvező eredmény. A Pannon tenyésztési programban alkalmazott körkörös párosítási módszer előnyös sajátosságairól már több közleményben is beszámoltak (Nagy és mtsai, 2010b, Nagy és mtsai, 2013a, Matics és mtsai, 2014). Mivel ezt a párosítási módszert már eddig is alkalmazták, a tapasztalt kedvező eredményt önmagában a párosítási módszer nem magyarázhatta. A tapasztalt kedvező eredmény háttérében vélhetően az állhat, hogy a Pannon fehér fajta párosítási tervének kidolgozásakor az utolsó vizsgálati években még az addigi gyakorlathoz viszonyítva is fokozottan figyeltek az egyes bakok és anyák kiválasztásánál arra, hogy az egyes tenyészállatoktól korábban hány ivadék lett kiválasztva a tenyészutánpótlás számára. Ezt a feltételezést a vizsgálati évekre (201-2014) számított úgynevezett realizált effektív populációméret (Gutiérrez és mtsai, 2008, 2009) is megerősíti, mely a vizsgált időszak utolsó éveiben gyakorlatilag állandó volt (81, 75, 80, 76 és 78). A Pannon fehér állomány genetikai varianciáját a kapott eredmények szerint az utolsó években sikerült megőrizni.

A zárt állományméret a viszonylag kis populációméret és a hosszú tenyésztési periódus miatt nem meglepő, hogy az úgynevezett génejtéses szimuláció (gene dropping) alapján a 2014-ben született tenyészállatok genomjának már több mint 60%-a volt kitéve az egyedek őseiben beltenyésztési hatásoknak (F_{BAL}). A kapott érték igen jelentősnek számít, Ballou (1997) 25 fogságban tartott emlősfajt vizsgálva, csupán a Przewalski lovak és az európai bölények esetében kapott hasonló értéket (55 és 53%), míg a többi fogságban tartott emlősállat populációkban az átlagos F_{BAL} értékek 3-28% között ingadoztak. Szintén jelentős F_{BAL} értékről (55-58%) tettek említést Curik és mtsai (2000) lipicai lovak esetében, függetlenül attól, hogy a lovak mely tenyészetből (Diakovár, Lipica, Piber, Szilvásvárad, Kistapolcsány) származtak. Ezzel szemben német és ír Holstein fríz szarvasmarha állományokban a tapasztalt értékek jóval kisebbek (6,5-10%) voltak (Hinrichs és mtsai, 2015, Mc Parland és mtsai, 2009).

A Pannon fehér nyulakban a Kalinowski és mtsai (2000) szerinti definíció alapján a beltenyésztési együttható értelemszerűen kisebb értékeket eredményezett (13. táblázat). A Kalinowski féle úgynevezett „új” beltenyésztési együttható ($F_{KAL_ÚJ} = F_{WRIGHT} - F_{KAL}$), melynek %-os értékei a 2010-2014-es időszakra nézve csökkenő tendenciát mutattak, ami a számítási módszerből adódik. Az F_{KAL} és az $F_{KAL_ÚJ}$ beltenyésztési együtthatókat domesztikált állományokra nézve Hinrichs és mtsai (2015), illetve Mc Parland és mtsai (2009) adták meg a már említett szarvasmarhaállományokra és sorrendben 0,8, 2,2%, illetve 0,5 és 2,8%-os értékekről számoltak be.

Az 1992-2014 közötti időszakra vonatkozóan a pedigre 8129 egyede közül a Wright (1922) által megadott számításmenet alapján összesen 5915 nyúl beltenyésztési együtthatója volt nagyobb mint nulla. Ezekre a nyulakra nézve a különböző megközelítések alapján számított beltenyésztési együtthatók közötti korrelációkat a 14. táblázatban adtam meg. A 14. táblázat alapján látható, hogy a teljesen eltérő számításmenetek ellenére a Wright féle beltenyésztési együtthatók viszonylag szoros korrelációt mutattak az egyéb megközelítések alapján számított együtthatókkal. Mivel Ballou (1997), Baumung és mtsai (2015), illetve Kalinowski és mtsai (2000) azonos elvek alapján indultak ki, nem meglepő, hogy az általuk megadott számításmenetek alapján kapott együtthatók igen szoros korrelációkat adtak. Ezzel szemben az

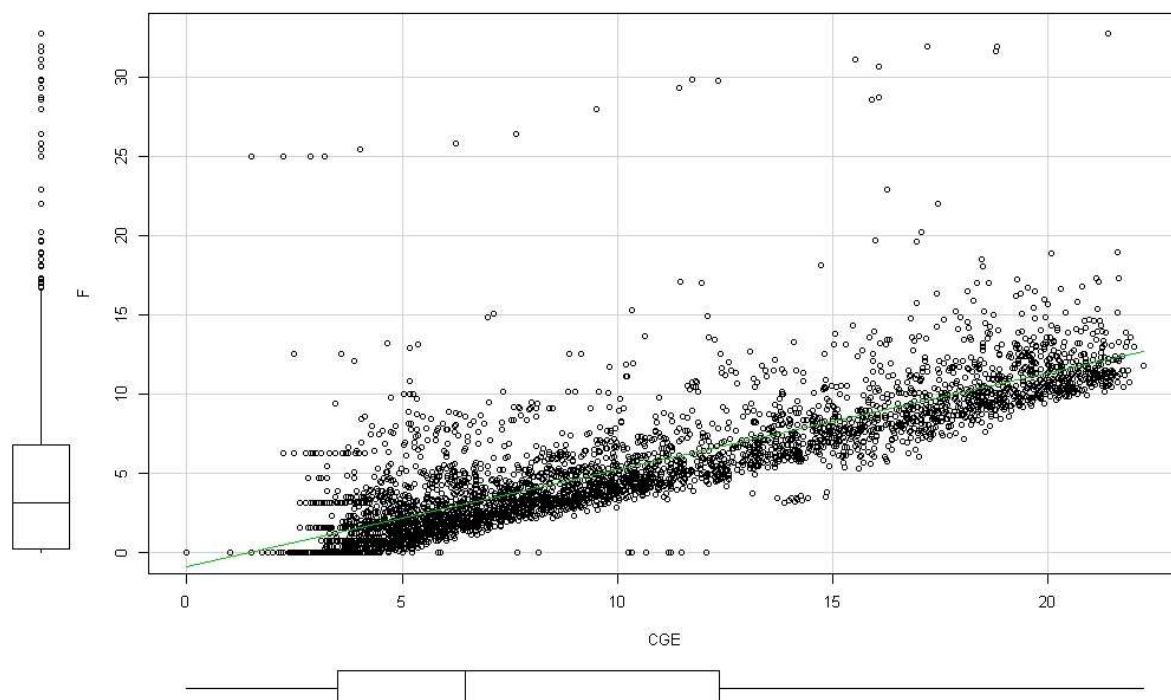
$F_{KAL_ÚJ}$ együtttható (eltekintve a Wright féle beltenyésztési együttthatótól), az egyéb beltenyésztési együttthatókkal laza korrelációban volt. A korábban említett szerők közül a különböző beltenyésztési együttthatók közötti korrelációanalízist csupán Hinrichs és mtsai (2015) végezték el. Az általam tapasztalt eredményekhez képest a korrelációk valamivel szorosabbak (0,77-0,99) voltak. A legkevésbé szoros összefüggést Hinrichs és mtsai (2015) az $F_{KAL_ÚJ}$ és az F_{BAL} között (0,7) tapasztalták.

14. táblázat – Pannon fehér különböző módszerek alapján meghatározott beltenyésztési együttthatói között becsült korrelációs koefficiensek

	F	F_{BAL}	F_{BAUMJ}	F_{KAL}	$F_{KAL_ÚJ}$
F	1	0,78	0,77	0,88	0,77
F_{BAL}		1	0,99	0,94	0,26
F_{BAUMJ}			1	0,95	0,22
F_{KAL}				1	0,36
$F_{KAL_ÚJ}$					1

F_{BAUMJ} : Baumung-féle beltenyésztési együtttható; F: Wright-féle beltenyésztési együtttható; $F_{KAL_ÚJ}$: Kalinowski-féle „új” beltenyésztési együtttható; F_{BAL} : Ballou-féle beltenyésztési együtttható; F_{KAL} : Kalinowski-féle beltenyésztési együtttható

Ahogy az várható volt a beltenyésztési együtttható növekedése viszonylag szoros összefüggést mutatott a pedigrelteljességgel, melynek a legáltalánosabb kifejezési módja a teljes generáció ekvivalens (Leroy, 2011), azaz hogy bármely egyed származása hány teljes generációra ismert. A teljes vizsgálati állomány beltenyésztési együttthatójának és pedigrelteljességének kapcsolatát a 26. ábrán mutatom be.



26. ábra – Wright féle beltenyésztési együttthatók trendjei a pedigrel teljesség függvényében

A hosszabb és teljesebb pedégrével rendelkező nyulak értelemszerűen általában nagyobb beltenyésztési együtthatóval rendelkeztek, mint a rövid és/vagy hiányos pedigree teljességet mutató kortársaik. Különböző sertés, szarvasmarha, ló és nyúlállományok pedgréanalízisének eredményeit összesítve Nagy és mtsai, (2010b) igazolták, hogy a hosszabb és teljesebb pedigréjú állományoknak a beltenyésztettségi szintje is általában magasabb. Annak érdekében, hogy a pedigré hatását korrigálják a sertés és nyúlajtákban becsült beltenyésztéses leromlás megállapításakor alkalmazott egyedmodellben a teljes generáció ekvivalens is szerepelt (Farkas és mtsai, 2007, Nagy és mtsai, 2013b). A pannon fehér nyúlállomány pedigré teljessége a hazai domesztikált állatfajok származását rögzítő pedigrékhez viszonyítva kiemelkedő hosszúságú és teljességű. Hasonló hosszúságú és teljességű származást a hazai domesztikált állatfajták közül csupán a lipicai, illetve angol telivér lóállományok mutattak (Zechner és mtsai, 2002, Bokor és mtsai, 2013).

Annak ellenére, hogy a nyúl szaporasági jellegzetességei (multipara, rövid generáció-intervallum) alapján ideális faj a pedigréanalízis szempontjából, a korábban említett hazai közleményeken kívül csak néhány külföldi vizsgálat eredményei állnak rendelkezésre. Ezek közül (Kerdiles és Rochambeau, 2002) valamint (Ragab és mtsai, 2015) francia illetve spanyol anyai hibridvonalak populációszerkezetét vizsgálták, melyeket jóval a Pannon fehér fajta előtt alapítottak (Estany és mtsai, 1989, Poujardieu és Theau-Clement, 1995). A hosszabb tenyésztési időszak alapján nem meglepő, hogy mind a francia mind a spanyol nyúl vonalak jóval nagyobb beltenyésztettségi szintet értek el, mint a Pannon fehér nyúlállomány. A francia vonalak egyedei a 20 generáció után állományszinten átlagosan 20 és 25%, beltenyésztési együtthatóval rendelkeztek. A spanyol vonalak beltenyésztettségi szintje, még ettől is nagyobb volt (36, illetve 41 generáció után 25%, illetve 31%).

A Pannon fehér fajtahoz viszonyított különbségeket a tenyésztési időszakon kívül egyéb tényezők is befolyásolták. A Pannon fehér nukleusz állomány mintegy 100 anyából és 60 bakból áll. A bakok aránya a francia vonalakban jóval kisebb ott az egyik vonalban 100 anya mellett 28 bak, míg a másik vonalban 60 anya mellett 17 bak volt. A bakok aránya tehát a Pannon fehér vonalban mintegy kétszerese a francia vonalakban alkalmazottnak. A spanyol szerzők sajnos nem adtak meg adatokat a bakok és anyák arányára nézve. A francia vonalakban az effektív populációméretet a beltenyésztési ráta, illetve a családméret-variancia (Hill, 1979) alapján is meghatározták. A két eljárás igen jó egyezést mutatott és a két vonal effektív állománymérete 37, illetve 50 volt (Kerdiles és Rochambeau, 2002). A spanyol vonalak esetében az effektív populációméreteket részben a beltenyésztési ráta, illetve a hím és nőivarú tenyészállatok létszáma alapján állapították meg, melyek nagysága 53 és 60 közötti volt. Rafat és mtsai (2009) angóranyulak esetében 80 anyából és 20 bakból álló vonalakat vont szelekciós kísérletbe, melynek keretében az angóragyapjú tömegének növelésére, illetve csökkentésére szelektálták a vonalakat. Tíz éve alatt a vonalak átlagos beltenyésztettsége a kiindulási 8%-ról 12-14%-ra nőtt, azonban meg kell jegyezni, hogy a generáció-intervallum a nyúlállományoknál megszokott 9-12 hónaphoz képest képest igen hosszú, több mint másfél év volt, vagyis az említett periódus mintegy 6 generációnak felel meg. Az angoranyúl állomány effektív mérete az alkalmazott eljárásoktól függően némileg eltért, de mindkét vonal esetében viszonylag kis értéket mutatott (31-47, illetve 29-33). Az eddigi szerzőkkel ellentétben Martín és mtsai (2016) egy ibizai helyi fajtát az ibicenco populációt vizsgáltak. Az állomány elsődleges célja a helyi fogyasztási igények kielégítésére. A fajta származását rögzítő pedigré teljessége csekély, mindössze 3,4 teljes generációval egyenértékű. Ehhez képest a fajta beltenyésztettségi szintje igen nagy (átlagosan 10,8%), amit a fajta rendkívül kis effektív állománymérete (9,6) magyarázhat. Martín és mtsai (2016) az összes eddig felsorolt számítási módszertől eltérő metodikát használtak az effektív populációméret meghatározásához, ahol a szerzők figyelembe

vették a vizsgált fajt egyedeinek eltérő pedigreljességét, és az egyedek közötti leszármazási koefficienseket ennek megfelelően standardizálták. Az eljárást részletesen Cervantes és mtsai (2011) ismertetik.

A Pannon fehér nyúlállomány mind a francia, mind a spanyol vonalakhoz, valamint az angórányúl, illetve spanyol nyúlfajtához képest nagyobb effektív populációmérettel rendelkezik, azonban a közvetlen összehasonlítást mértéktartással kell kezelni az eltérő számítás módok miatt. Az egyes számítási módszerek által az effektív populációméretre kapott eredmények összehasonlító vizsgálatát különböző juh, szarvasmarha, kutya és lófajták származási adatai alapján Leroy és mtsai (2013) végezték el. A kapott eredmények szerint a korrelációk elhanyagolható és szoros (0,09-0,74) között ingadoztak. Nagy és mtsai (2010b) a Pannon fehér állomány effektív populációméretének meghatározásához a realizált effektív populációméret módszerén kívül alkalmazták a beltenyésztési rátán, illetve a családméret-variancián alapuló módszereket is. Az eredmények alapján azonban megállapítható volt, hogy a beltenyésztési rátán alapuló számítások egyes években (mikor a beltenyésztési szint csökken) nem adtak értékelhető eredményt. A családméret-variancia ebből a szempontból kedvezőbb eredményt adott (a becsült létszám mindig pozitív számok voltak), azonban az eredmények évről évre jelentős ingadozást mutattak. Hall (2016) alapján a családméret-variancia számítás hátránya, hogy bár a szülői generáció esetében figyelembe veszi az egyes tenyészállatok által létrehozott ivadékok eltérő létszámát, azonban az ivadék generáció esetében ez már nem történik meg. Ez az oka annak, hogy a családméret-variancia (Hill, 1979) által becsült effektív populációméret általában nagyobb a beltenyésztési ráta alapján számított állománymérethez képest. Ezzel szemben a realizált effektív populációméret nagyfokú stabilitást mutatott, ami megfelel az előzetes várakozásnak, hiszen a fajta sok generációra visszamenően rögzíti az egyedek származását (Gutiérrez és mtsai, 2009). A fenti gondolatmenet ellenére biztosan megállapítható, hogy a Pannon fehér állomány meghaladta a populáció variabilitás megtartásához ajánlott minimális 50-100 közötti effektív populációméretet (Cervantes és mtsai, 2008, Kristensen és mtsai, 2015, Hall, 2016).

4.5. Beltenyésztéses leromlás

4.5.1. Pannon fehér nyúlállomány állomány reprodukciós értékmérő tulajdonságaiban tapasztalható beltenyésztéses leromlás becslése

A vizsgált tulajdonságokra becsült beltenyésztéses leromlásokat a 15. táblázatban adtam meg.

A 15. táblázatban közölt értékek alapján látható, hogy a hagyományos értelemben vett beltenyésztéses leromlás a 21 napos alomsúlyra nézve nem volt szignifikáns. Ettől jelentősebb leromlásról számoltak be Botucatu nyulak esetében Moura és mtsai (2000), ahol a beltenyésztési együttható 10%-os növekedése esetén az alomsúly 210 g-al csökkent. Yorkshire sertéseknél Culbertson és mtsai (1998) 10%-os beltenyésztési együttható növekedése esetén 0,52 kg-os csökkenést tapasztalt, ami figyelembe véve az almok átlagosan 56 kg-os súlyát, mintegy 1%-os teljesítménycsökkenésnek felel meg. Sajnos Lacy és Ballou (1998) nem ismertették az általuk vizsgált különféle egér alfajok tulajdonságainak leíró statisztikai értékeit. A szerzők csupán azt közölték, hogy a 2 alfajban (*Peromyscus polionotus subgriseus*, *Peromyscus polionotus rhoadsi*) az almok beltenyésztési együtthatóinak 10%-os növekedése esetén az alomsúlyok szignifikánsan csökkentek (8,4 és 7,9 grammal).

15. táblázat – A vizsgált tulajdonságokra becsült beltenyésztési leromlások (10% F* növekedés esetén)

Faktor	SZÉF	SZHF	AL21 (g)
b _F _ALOM	-0,05	0,01	-
b _F _ANYA	-0,01	0,05	-16
b _F _BAL_ANYA	0,33*	0,02	112*
b _F _KAL_ANYA	-0,22	0,06	-96
b _F _KAL_ÚJ_ANYA	0,01	0,07	-24
b _F _ANYA, b _F _ANYA * b _F _BAL_ANYA	-0,01, 0,12	0,09, 0,01	25, -2
b _F _ANYA, b _F _BAL_ANYA	-0,05, 0,34*	0,04, 0,01	-26, 115*

b_F_ALOM: a fiókák beltenyésztettségének (F) hatása; b_F_ANYA: az anyák beltenyésztettségének (F) hatása; b_F_BAL_ANYA: az anyák beltenyésztettségének (F_{BAL}) hatása; b_F_KAL_ANYA: az anyák beltenyésztettségének (F_{KAL}) hatása; b_F_KAL_ANYA_ÚJ: az anyák beltenyésztettségének (F_{KAL_ÚJ}) hatása; b_F_ANYA, b_F_ANYA * b_F_BAL_ANYA: az anyák beltenyésztettségének (F, F*F_{BAL}) hatása; SZÉF: élve született fiókák száma; SZHF: holtan született fiókák száma; AL21: 21 napos alomsúly; * a beltenyésztési leromlás statisztikailag igazolt (P<0,05)

Az élve illetve holtan született fiókákra vonatkozóan a Wright féle beltenyésztési együtthatók alapján nem tapasztaltam statisztikailag igazolt beltenyésztési leromlást. A kapott eredmények részben elérnek a fajtában közelmúltban végzett vizsgálatok eredményeihez képest (Nagy és mtsai, 2013b), ott ugyanis a fiókák beltenyésztési együtthatóinak 10%-os növekedése az élve született fiókák számát szignifikánsan 0,4 fiókéval csökkentette. Ehhez hasonló eredményekről számoltak be Farkas és mtsai (2007) azzal a különbséggel, hogy a magyar nagy fehér húsertés és a magyar lapálysértés állományokban nemcsak a malacok, de a kocák beltenyésztési együtthatóinak 10%-os növekedése is szignifikánsan csökkentette az élve született malacok számát (-0,10 és -0,16, illetve -0,12 és -0,19). Ehhez igen hasonló eredményekről számoltak be spanyol (Rodriganez és mtsai, 1998) és amerikai (Culbertson és mtsai, 1998) szerzők, nagy fehér húsertés állományokat vizsgálva. A spanyol sertésállományban mind a malacok, mind a kocák beltenyésztési együtthatójának növekedése szignifikánsan csökkentette az évek született malacok számát (10%-os növekedés esetén 0,39, illetve 0,18 malaccal). Ezzel szemben az amerikai állományban csak a malacok beltenyésztettségi szintje befolyásolta statisztikailag igazolt módon az alomméretet (10%-os növekedés esetén az alomnagyság 0,23-al csökkent).

Hogy a beltenyésztés mikor válik kedvezőtlené, azt több tényező is befolyásolhatja. Egérrel (Bowman és Falconer, 1960), illetve laboratóriumi nyulakkal (Chai, 1969) végzett szelekciós kísérletekben folyamatosan szoros rokonpárosításokat végeztek (többnyire édestestvér, illetve szükség esetén unokatestvér, vagy szülő-ivadék), melynek eredményeképpen az egyes generációk átlagos beltenyésztettsége rendkívül gyorsan nőtt, és a vizsgálat végére elérte a maximális értéket. A beállított vonalak szaporasági teljesítménye mind a nyulak, mind az egerek esetében rendkívül nagymértékben csökkent. Az élve született fiókák száma mindkét vizsgálat során a kezdeti 7-8-ról 3-4-re csökkent. Ennek eredményeképpen a beállított vonalak döntő hányada kiesett a termelésből. Az állomány beltenyésztettségi szintjének gyors növekedése sokkal károsabb, mint a lassú növekedés. Utóbbi esetben ugyanis a természetes szelekció érvényesülhet, ami miatt a beltenyésztési leromlás kisebb lesz (Holt és mtsai, 2005, Klemetsdal, 1998). Bowman és Falconer (1960) esetében 20 generáció után összesen egy egérvonal maradt meg, viszont ennek az egy vonalnak a szaporasági teljesítménye meghaladta az eredetileg beállított vonalak kezdeti szaporasági teljesítményét. Chai (1969) esetében 20 generáció után két vonal maradt termelésben. Bowman és Falconer (1960) az egyes vonalakon belül szelekciót végeztek a szaporasági teljesítmény javítására. Ez azonban eredménytelen volt

a kis szelekciós intenzitás miatt. Amikor az állomány átlagos beltenyésztési együtthatója elérte a 80, illetve a 99%-ot akkor 3, illetve 1 vonal volt termelésben, amit Bowman és Falconer (1960) overdominancia esetén nem tartottak volna lehetségesnek. Bowman és Falconer (1960) ezért azt a következtetést vonták le, hogy esetükben a beltenyésztéses leromlás háttérében a részleges dominancia állt. A megmaradt vonal esetében vélhetően többnyire a kedvező allélek fixálódtak. Arra vonatkozóan, hogy az egyes ősök kedvező vagy kedvezőtlen alléljeire válnak homozigótává a vizsgálati egyedek a beltenyésztés során, laboregér (Lacy és mtsai, 1996), valamint sertés (Köck és mtsai, 2009) állományokban végeztek vizsgálatot. Az eredmények alapján egyértelmű volt, hogy a beltenyésztési leromlás egyértelműen különbözik attól függően, hogy mely ősök alléljai válnak homozigótává a vizsgálati egyedekben. Egyes ősök nem okoztak beltenyésztéses leromlást, más ősök pedig igen (Lacy és mtsai, 1996, Köck és mtsai, 2009). A kérdéskör a parciális beltenyésztési együttható alkalmazásával vizsgálható (Gulisija és mtsai, 2006). A parciális beltenyésztési együtthatót a magyar állattenyésztésben Nagy és mtsai (2010b) vizsgálták. A szerzők arról számoltak be, hogy bár a Pannon fehér nyúl fajta alapító őseinek száma 580 volt, csupán mintegy 30 ős esetében volt megfigyelhető jelentős hozzájárulás az utolsó vizsgálati évben született nyulak beltenyésztési együtthatójához. A beltenyésztéses leromlással kapcsolatos irodalom részletes összegzését a közelmúltban Leroy (2014), illetve Gyovai és mtsai (2010) végezték el.

Bár Bowman és Falconer (1960) esetében a vonalakon belül végzett szelekció eredménytelen volt, amennyiben a beltenyésztéses leromlást a részleges dominancia okozza a szelekció és a beltenyésztés együttesen segíthet abban, hogy a populációkban a káros hatású gének megjelenjenek, illetve kiessenek az állományból. Pecsénye (2006) ezt úgy fogalmazta meg, hogy a beltenyésztés révén fog “megtisztulni” a populáció a káros recesszív allélektől. A folyamat a beltenyésztés és a szelekció kölcsönhatásának eredménye a “purging” (Templeton és Read, 1984; Ballou, 1997), vagyis a populáció genetikai megtisztulása. A “purging” feltételeit Boakes és mtsai (2007) foglalták össze. Ahhoz hogy a populáció meg tudjon “tisztulni” a káros allélektől a beltenyésztés és a szelekció által, ahhoz az szükséges, hogy a beltenyésztés sok generáción keresztül történjen és a beltenyésztési ráta ne legyen nagy. A jelenség kimutatásához az is szükséges, hogy a pedigré teljes legyen. Mivel a Pannon fehér állományban ezek a feltételek adóttak, továbbá a korábban tapasztalt beltenyésztéses leromlás (Nagy és mtsai, 2010b) a mostani vizsgálatban nem volt kimutatható, célszerű megvizsgálni, hogy megtalálhatók-e a “purging”-re utaló jelek a Pannon fehér állományban. Mc Parland és mtsai (2009) alapján az állomány akkor “tisztul meg” a káros allélektől amennyiben az alábbiak valamelyike teljesül: az F_{BAL} , vagy az $F^* F_{BAL}$ hatása a vizsgált tulajdonságra nézve pozitív, az F mellett az az F_{BAL} -t szerepeltetve a hagyományos beltenyésztési együtthatóra kapott leromlás nő. Ezzel szemben, amennyiben az állomány beltenyésztettége túlságosan gyorsan növekszik, a populáció alapításától eltelt generációk száma nem elég nagy, illetve kedvező környezeti körülmények esetén az állomány genetikai megtisztulása gyakran nem lehetséges (López-Cortegano és mtsai, 2016). A 15. táblázatban feltüntetett eredmények alapján az élve született fiókák számára, illetve a 21 napos alomsúlyra nézve az az F_{BAL} szignifikánsan pozitív hatása egyértelműen a purging jelenségre utal.

A purging jelenséggel kapcsolatban érdemes megemlíteni, hogy a különböző szerzők közül egyedül Templeton és Read (1984) állították, hogy állatkerti Speke-gazella állomány szaporasági teljesítményét néhány generáció alatt azért sikerült javítaniuk, mert tudatosan próbálták a beltenyésztés és szelekció kombinálódásával az állomány kedvezőtlen alléljeit eltávolítani. Templeton és Read (1984) eredményeit főleg statisztikai szempontok alapján többen vitatták (Hedrick, 1994, Willis és Wiese, 1997; Lacy, 1997, Ballou, 1997). Kalinowski és mtsai (2000) egyenesen azt feltételezték, hogy Templeton és Read (1984) általt vizsgált

állományban a későbbi generációk beltenyésztett ivadékainak szaporasági teljesítményének javulása mögött javuló tartási tényezők állhatnak. A beltenyésztéses leromlás nagysága ugyanis a kedvezőtlen környezeti körülmények esetén nagyobb (Kalinowski és Hedrick, 1999, Hedrick és Kalinowski, 2000, Walling és mtsai, 2011). A kritikai észrevételek alapján a témában további közlemények jelentek meg (Templeton és Read, 1998, Templeton, 2002). Hangsúlyozni kell azonban, hogy a kritikai észrevételek nem a “purging” jelenséget vitatták, hanem azt, hogy ezt a szelekciós programokban közvetlenül lehetne egyfajta tenyésztési módszerként felhasználni. Ballaou (1997) 25 fajt vizsgált, melyeket állatkertben tartottak. Statisztikailag igazolt módon csupán egyetlen esetben sikerült a “purging” jelenséget igazolni, a szumátriai tigris újszülöttkori halandóságára nézve. Ugyanakkor 17 faj esetében, mely beltenyésztéses leromlást mutatott 15 esetben a beltenyésztéses leromlás nagysága idővel csökkent, ami a “purging” jelenség meglétére utal. Egy hasonló vizsgálat során Crnokrak és Barrett (2002) 22 fajjal kapcsolatos 28 tanulmány adatait értékelték. A “purging” jelenséget egyértelműen kimutatták mind az 5 vizsgált emlősfajban, melyekben a beltenyésztéses leromlás a folytatódó beltenyésztés mellett idővel csökkent. Ugyanakkor Crnokrak és Barrett (2002) felhívták a figyelmet arra, hogy a különböző megközelítések a “purging” kimutatására (beltenyésztéses leromlás csökkenése, beltenyésztett vonalak szaporasági teljesítménye az eredeti nem beltenyésztett állomány szaporasági teljesítményéhez viszonyítva) nem mutattak teljesen azonos tendenciákat. Lacy és mtsai (1998) laborállatokat vizsgálva egerek egyik alfaja esetében (*Peromyscus polionotus rhoadsi*) az F_{BAL} szignifikánsak pozitív hatásáról számolt be az alomszáma és alomsúlya nézve, ami arra utal, hogy a szelekció és a beltenyésztés együttes hatása eredményeképpen a kedvezőtlen allélektől az állomány mentesült.

A haszonállatokkal kapcsolatban a témában kevés közlemény áll rendelkezésre. Elsőként Curik és mtsai (2000) közöltek ezzel kapcsolatos eredményeket a lipicai lovak melanóma betegségéről, ami a szürke lovakban jellegzetesen idősebb korban alakul ki. Bár a beltenyésztési együtttható növekedésével párhuzamosan a pigmentált foltok növekedése is megfigyelhető volt a beltenyésztéses leromlás nem volt szignifikáns. Ezt részben a vizsgált lovak korlátozott száma (296) is indokolhatta. Egy hasonló elemszámú (360) vizsgálat során Curik és mtsai (2003) lipicai lovak morfológiai tulajdonságaira nézve sem tapasztaltak beltenyésztéses leromlást. Curik és mtsai (2000, 2003) esetében az is elképzelhető, a beltenyésztéses leromlás kimutatására irányuló statisztikai próba azért volt eredménytelen, mert az vizsgált egyedek beltenyésztési együttthatói egymáshoz hasonló értéket vettek fel, mely az alkalmazott statisztikai próba erejét csökkentette. Curik és mtsai (2000) az egyes tenyészeteket külön-külön is vizsgálva a Szilvásváradai állományban szignifikáns pozitív eredményeket kaptak a hagyományos és a Ballou (1997) féle beltenyésztési együttthatók közötti interakcióra, ami a “purging” jelenségre utal. Szarvasmarha állományokban Hinrichs és mtsai (2015) a születési súlyra és a holtellésre, Mc Parland és mtsai (2009) pedig a tejtermelésre, illetve a tej fehérjetartalmára nézve kapott “purging”-re utaló eredményeket. Ezekben az esetekben vagy az F_{BAL} vagy az $F * F_{BAL}$ interakció hatása volt szignifikánsan pozitív a vizsgált tulajdonságokra nézve. Ezzel szemben Mc Parland és mtsai (2009) a két ellés közti idő és az első elléskori kor, esetében nemcsak az F , de az F_{BAL} , F_{KAL} , $F_{KAL_ÚJ}$ és az $F * F_{BAL}$ interakció hatását is szignifikánsan kedvezőtlennek tapasztalta. Összességében a “purging” jelenség létezése nem vitatható, azonban mint tenyésztési módszer nem használható. Ugyanakkor a jelenség fontos információkat ad az állományszerkezetről, az alkalmazott tenyésztési program sikerességéről, valamint arról, hogy az egyes értékmérő tulajdonságok esetében amennyiben tapasztalható beltenyésztéses leromlás, annak mi a genetikai háttere (részleges dominanciák, overdominancia). A “purging” vizsgálatának ezért állatnemesítési szempontok alapján nagy jelentősége van.

5. ÖSSZEFOGLALÁS

Értekezésem keretében elvégzett állattenyésztési genetikai elemzések azokat a fontosabb témaköröket érintik, melyekkel az elmúlt 15 évben a sertés és nyúltenyésztés keretében foglalkoztam és a legfontosabb szakterületemnek számít.

A Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesületének adatbázisa (2004-2014) felhasználásával a legfontosabb szaporasági tulajdonságokra (élve született malacok száma, nevelt malacok száma a laktáció 28. napján, átlagos almon belüli malactömeg a laktáció 28. napján, alomsúly a laktáció 28. napján) nézve az ismert környezeti tényezők alapján a lehetőségek teljes kihasználására törekedve végeztem el az egyes egyedmodell változatok kidolgozását és értékelését a magyar nagy fehér hússertés, a magyar lapálysertés, illetve ezek keresztezéséből származó F_1 fajtakonstrukció állományaira.

Az egyes tulajdonságokra nagy számban vizsgált modellek közül, több lépésben határoztam meg azokat a modelleket, melyek alkalmazását a tenyésztő szervezet számára javasolni tudok. A kiválasztási folyamat részét képezte genetikai paraméterbecslés, az értékelő szoftverek által mutatott konvergencia státusza, valamint az előszelektált modellek a különböző illesztési mutatók.

A legjobbnak tartott modellek szerint végzett tenyészértékbecslés alapján közöltem, az egyes szaporasági értékmérő tulajdonságokat befolyásoló környezeti tényezők hatásának nagyságát, valamint az értékmérőkre becsült tenyészértékek részletes jellemzőit, a genetikai trendek nagyságát, továbbá a becsült tenyészértékek modellek közti stabilitását.

A Kaposvári Egyetemen évtizedek óta folytatott Pannon nyúltenyésztési program keretében a világon egyedülálló módon CT-szelekcióval nemesített nyúlfajták (Pannon fehér, Pannon nagytestű) növekedési, vágási és szaporasági értékmérő tulajdonságaira (átlagos napi súlygyarapodás, combizom-térfogat, 21 napos alomsúly) a hazai állattenyésztésben elsőként az additív genetikai komponensekre korlátozott egyedmodellek alkalmazása mellett elvégeztem a nem additív genetikai komponensek közül a dominancia variancia becslését is. A becslés során az úgynevezett család varianciakomponenst határoztam meg, melyből a dominancia komponens közvetlenül kiszámítható. A genetikai varianciakomponensek becslése alapján az additív és a dominancia modell típusokra nézve is elvégeztem a tenyészértékek becslését, illetve megállapítottam az ezek alapján becsült tenyészértékek stabilitását.

A Pannon nyúltenyésztési program keretében nemesített fajták közül elvégeztem a Pannon fehér nyúlfajta pedigréanalízisét (1992-2014), melynek keretében meghatároztam az állomány genetikai variabilitását jellemző effektív állományméretet, továbbá a tenyésztési program színvonalát is jellemző pedigré teljességét. Az állomány beltenyésztettségi szintjét a közismert Wright beltenyésztési együttható mellett a Ballou, Kalinowski, illetve Baumung féle beltenyésztés definíciók alapján számított beltenyésztési együtthatókkal is jellemeztem. Ezek segítségével megbecsültem, hogy a Pannon fehér nyúlfajta genomjának a beltenyésztés mekkora hányadát érintette a vizsgált periódus végéig.

A különböző beltenyésztési együtthatók együttes alkalmazásával, illetve a Wright és a Ballou beltenyésztési együtthatók közötti kölcsönhatás vizsgálatával azt is megállapítottam, hogy a folyamatos beltenyésztés és a szelekció eredményeképpen az állomány az élve született fiókák számára és a 21 napos alomsúlyra nézve vélehetően "megtisztulhatott" a káros allélektől, azaz kimutattam a "purging" jelenséget.

6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

A magyar nagy fehér hússertés, magyar lapálysertés, illetve ezek keresztezéséből származó F1 populációkban 2004-2014 közötti időszak szaporasági adatait 120 (egy, két és három-tulajdonságos) egyedmodell alkalmazásával feldolgozva megbecsültem:

- az élve született malacok száma, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és az alomsúly (a laktáció 28. napján) öröklődhetőségi értékeit és azok standard hibáit.

- az élve született malacok száma, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és az alomsúly (a laktáció 28. napján) tulajdonságokat befolyásoló tartós környezeti hatások és a véletlen alomhatások nagyságát, a fenotípusos variancia százalékos arányában ifejezve.

A magyar nagy fehér hússertés, magyar lapálysertés, illetve ezek keresztezéséből származó F1 populációkban 2004-2014 közötti időszak szaporasági adatait 56 (egy, két és három-tulajdonságos) egyedmodell alkalmazásával feldolgozva megbecsültem:

- az élve született malacok száma, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és az alomsúly (a laktáció 28. napján) közötti genetikai korrelációs együtthatókat és azok standard hibáit.

A magyar nagy fehér hússertés, magyar lapálysertés, illetve ezek keresztezéséből származó F1 populációkban 2004-2014 közötti időszak szaporasági adatait 9 (egy, két és három-tulajdonságos) egyedmodell alkalmazásával feldolgozva megbecsültem:

- az élve született malacok száma, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és az alomsúly (a laktáció 28. napján) tulajdonságok átlagos standard hibáit és torzítását.

A magyar nagy fehér hússertés, magyar lapálysertés, illetve ezek keresztezéséből származó F1 populációkban 2004-2014 közötti időszak szaporasági adatait 3 (két-tulajdonságos) egyedmodell alkalmazásával feldolgozva megbecsültem:

- az élve született malacok száma, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és az alomsúly (a laktáció 28. napján) tulajdonságokat befolyásoló telephatások nagyságát, eloszlását és stabilitását.

- az élve született malacok száma, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és az alomsúly (a laktáció 28. napján) tulajdonságokban a vizsgált egyedek tenyésztési értékeinek nagyságát, eloszlását és stabilitását, valamint a tenyésztési értékek genetikai trendjeit.

A Pannon fehér populációban 1992-2014 közötti időszak szaporasági, növekedési és CT adatait 4 (egy és három-tulajdonságos) egyedmodell alkalmazásával feldolgozva megbecsültem:

- az átlagos súlygyarapodás, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és az alomsúly (a laktáció 28. napján) tulajdonságokat befolyásoló telephatások nagyságát, eloszlását és stabilitását.

- az átlagos súlygyarapodás, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és azcombizom-térfogat és a 21 napos alomsúly (a laktáció 28. napján) tulajdonságokat befolyásoló tartós környezeti hatások, véletlen alomhatások és dominanciahatások nagyságát, a fenotípusos variancia százalékos arányában ifejezve.

- az átlagos súlygyarapodás, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és azcombizom-térfogat és a 21 napos alomsúly (a laktáció 28. napján) közötti genetikai korrelációs együtthatókat és azok standard hibáit (3-tulajdonságos modell alapján).

- az átlagos súlygyarapodás, nevelt malacok száma (a laktáció 28. napján), átlagos almon belüli malactömeg (a laktáció 28. napján) és azcombizom-térfogat és a 21 napos alomsúly (a laktáció 28. napján) tulajdonságokban a vizsgált egyedek tenyésztékeinek stabilitását.

A 2010-2014 közötti időszakra nézve meghatároztam a Pannon fehér nyúlállomány realizált effektív populációméretét.

A 1992-2014 közötti időszakra nézve meghatároztam a Pannon fehér nyúlállomány beltenyésztési együtthatóit (négyféle beltenyésztési definíció alapján), illetve a vizsgált egyedek pedigre teljességét.

A 1992-2014 közötti időszakra nézve meghatároztam a Pannon fehér nyúlállomány beltenyésztéses leromlását (négyféle beltenyésztési definíció alapján), az élve és holtan született fiókák számára, valamint a 21 napos korban mért alomsúlyra nézve. A kapott eredmények alapján megállapítottam hogy:

- a vizsgált tulajdonságokban nem volt kimutatható statisztikailag igazolt beltenyésztéses leromlás.

- az úgynevezett “ősi” (ancestral) beltenyésztési együtthatók alkalmazásával számított beltenyésztéses leromlás szerint a Pannon fehér nyúlállományban az élve született fiókák számában és a 21 napos korban mért alomsúlyban a “purging” jelenség tapasztalható, azaz az állomány a beltenyésztés és szelekció együttes hosszú távú hatásainak eredményeképpen “megtisztult” a vizsgált tulajdonságokra nézve kedvezőtlen allélektől.

7. GYAKORLATBAN HASZNOSÍTHATÓ EREDMÉNYEK

A magyar nagy fehér hússertés, magyar lapálysertés, illetve ezek keresztezéséből származó F1 populációkban 2004-2014 közötti időszak szaporasági adatait feldolgozó 120 (egy, két és három-tulajdonságos) egyedmodell közül a három legjobb illesztést mutató modell tenyésztési programban történő alkalmazása javasolható a Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete számára.

A Pannon fehér populációban 1992-2014 közötti időszak szaporasági, növekedési és vágási (CT) adatait feldolgozó additív és nem additív egyedmodellek összehasonlítása révén megállapítható az egyes genetikai komponensek közötti hatáskeveredés nagysága. Az additív és nem additív modellekkel a vizsgálati egyedekre becsült tenyészértékek közötti stabilitás fontos támpontot ad arra nézve, hogy a jóval nagyobb számítógépes kapacitást igénylő kiterjesztett modellek alkalmazása mennyire célszerű.

A pedigréanalízis eredményei igazolják a diverzitás megőrzése érdekében tett lépések sikerességét. Avizsgálati tulajdonságokban a különböző értelmezések alapján számított beltenyésztéses leromlások alapján elbírálható, a beltenyésztéses leromlás genetikai meghatározottsága (részleges vagy overdominancia).

8. IRODALOMJEGYZÉK

- Al-Saef, A.M., Khalil, M.H., Al-Homidan, A.H., Al-Dobaib, S.N., Al-Sobayil, K. A., García, M.L., Baselga, M. (2008a): Crossbreeding effects for litter and lactation traits in a Saudi project to develop new lines of rabbits suitable for hot climates. *Livest. Sci.*, 118: 238-246.
- Al-Saef, A.M., Khalil, M.H., Al-Dobaib, S.N., Al-Homidan, A.H., García, M.L., Baselga, M. (2008b): Comparing Saudi synthetic lines of rabbits with the founder breeds for carcass, lean composition and meat quality traits. *Livest. Res. Rural Dev.*, 20: 1-12.
- Ayyat, M.S., Marai, I.F.M., El-Sayiad, G.H.A. (1995): Genetic and non-genetic factors affecting milk production and preweaning litter traits of New Zealand White does under Egyptian conditions. *World Rabbit Sci.*, 3: 119-124.
- Aasmundstad, T., Olsen, D., Sehested, E., Vangen, O. (2014): The genetic relationships between conformation assesment of gilts and sow production and longevity. *Livest. Sci.*, 167: 33-40.
- Alfonso, L., Noguera, J.L., Babot, Estany, J. (1997): Estimates of genetic parameters for litter size at different parities in pigs. *Livest. Prod. Sci.*, 47: 149-156.
- Anker A. (1973a): A sertéshibridizáció előnyei, nehézségei. *Tudomány a gyakorlatért*, 4: 20-32.
- Anker A. (1973b): A KA-HYB nemesítés metodikája. *Tudomány a gyakorlatért*, 2-3: 44-53.
- Anker A. (1974): A sertéshibridizáció metodikai kérdései. *Állattenyésztés*, 23: 55-61.
- Amer, P.R., Lundemann, C.I., Hermes, S. (2014): Economic weights for maternal traits of sows, including sow longevity. *J. Anim. Sci.*, 92: 5345-5357.
- Babot, S., Noguera, J.L., Alfonso, L., Estany, J. (2003): Fixed or random contemporary groups in genetic evaluation for litter size in pigs using a single trait repeatability animal model. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120: 12-22.
- Ballou, J.D. (1997): Ancestral inbreeding only minimally affects inbreeding depression in mammalian populations. *J. Hered.*, 88: 169-178.
- Balogh, P., Kapelanski, W., Jankowiak, H., Nagy, L., Kovács, S., Huzsvai, L., Popp, J., Posta, J., Soltész, A. (2015): The productive lifetime of sows on two farms from the aspects of reasons for culling. *Ann. Anim. Sci.*, 15: 747-758.
- Banos, G., Cady, R.A. (1987): Genetic relationship between the United States and Canadian Holstein Bull populations. *J. Dairy Sci.*, 71: 1346-1354.
- Baselga, M. (2004): Genetic improvement of meat rabbits. Programmes and diffusion. In: *Proc. 8th World Rabbit Congress*, Puebla, Mexico, 1-13.
- Baselga, M., Gómez, E., Cifre, P., Camacho, J. (1992): Genetic diversity of litter size traits between parities in rabbits. *J. Appl. Rabbit Res.*, 15: 198-205.
- Baselga, M., García, M., Sánchez, J.P., Vicente, J.S., Salvador, J., Lavara, L. (2003): Analysis of reproductive traits in crosses among maternal lines of rabbits. *Anim. Res.*, 52: 473-479.
- Baumung, R., Farkas, J., Boichard, D., Mészáros, G., Sölkner, J., Curik, I. (2015): GRAIN: a computer program to calculate ancestral and partial inbreeding coefficients using gene dropping approach. *J. Anim. Breed. Genet.*, 132: 100-108.
- Bidanel, J.P. (2011): Biology and genetics of reproduction. In: Rothschild, M.F, Ruvinsky, A. (Szerk.): *The Genetics of the Pig*, 2nd Edition. CABI International, Wallingford, UK. 218-241.
- Bidanel, J.P., 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.
- Blasco, A., Ouhayoun, J. (1996): Harmonization of criteria and terminology in rabbit meat research. Revised proposal. *World Rabbit Sci.*, 4: 93-99.
- Blasco, A., Ouhayoun, J., Masoero, G. (1993): Harmonization of criteria and terminology in rabbit meat research. *World Rabbit Sci.*, 1: 3-10.

- Blasco, A., Piles, M., Rodriguez, E., Pla, M. (1996) The effect of selection for growth rate on the live weight growth curve in rabbits. In: Proc. 6th World Rabbit Congress, Toulouse, France, 245-248.
- Boakes, E.H., Wang, J., Amos, W. (2007): An investigation of inbreeding depression and purging in captive breeding populations. *Hered.* 98: 172-182.
- Boddicker, N.N.K., Gabler, M.E., Spurlock, D., Nettelon, D., Dekkers, J.C. (2011): Effects of ad libitum and restricted feeding on early production performance and body composition of Yorkshire pigs selected for residual feed intake. *Animal*, 5: 1344-1353.
- Bodin, L., Garcia, M., Salei, G., Bolet, G., Garreau, H. (2010): Results of 10 generations of canalising selection for rabbit birth weight. In: Proc. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, Com. No. 391.
- Boichard, D., L. Maignel, and É. Verrier. (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29: 5-23.
- Bokor, Á., Jónás, D., Ducro, B.J., Nagy, I., Bokor, J., Szabari, M. (2013): Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. *Livest. Sci.*, 151: 1-10.
- Bolet, G., Garreau, H., Hurtaud, J., Saleil, G., Esparbié, J., Falieres, J., Theau-Clement, M., Bodin, L. (2007): Sélection sur la variabilité du poids des lapereaux á la naissance. Réponses á la sélection et caractéristiques de l'utérus des lapines. In: Proc. 12^{èmes} Journées de la Recherche Cunicole. Le Mans, France, 133-136.
- Bolet, G., Zerrouki, N., Gacem, M., Brun, J.M., Lebas, F. (2012): Genetic parameters and trends for litter and growth traits in a synthetic line of rabbits created in Algeria. In: Proc. 10th World Rabbit Congress, Sharm El- Sheik, Egypt, 195-199.
- Bolet, G., Theau-Clement, M., Pautot, C., Tirzaces-Secula, A., Bonnemere, J.M., Labatut, D., Auvergne, A. (2013): Caractéristiques des cornes utérines et des foetus dans deux lignées divergentes sélectionnées sur l'homogénéité du poids des lapereaux á la naissance. In: Proc. 15^{èmes} Journées de la Recherche Cunicole. Le Mans, France, 173-176.
- Bouquet, A., Ligonesche, B., Canario, L., Bidanel, J.P. (2006): Variabilité génétique des caractéristiques numériques de la portée et de la croissance des porcelets en allaitement dans une population Landrace Francais. *Journées Recherche Porcine.* 38: 125-130.
- Bowman, J.C., Falconer, D.S. (1960): Inbreeding depressin and heterosis of litter size in mice. *Genet. Res.* 1: 262-274.
- Brun, J.M., Baselga, M. (2005): Analysis of reproductive performances during the formation of a synthetic rabbit strain. *World rabbit Sci.*, 13: 239-252.
- Canario, L., Lundgren, H., Haandlykken, M., Rydhmer, L. (2010): Genetics of growth in piglets and the association with homogeneity of body weight within litters. *J. Anim. Sci.* 88: 1240-1247.
- Cartuche, L., Pascual, M., Gómez, E.A., Blasco, A. (2014): Economic weights in rabbit meat production. *World Rabbit Sci.*, 22: 165-177.
- Cassady, J.P., Young, L.D., Leymaster, K.A. (2002): Heterosis and recombination effects on pig reproductive traits. *J. Anim. Sci.*, 80: 2303-2315.
- Cervantes, I., F. Goyache, A. Molina, M. Valera, and J. P. Gutiérrez. (2008): Application of individual increase in inbreeding to estimate realised effective sizes from real pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125: 301-310.
- Cervantes, I., F. Goyache, A. Molina, M. Valera, and J. P. Gutiérrez. (2011): Estimation of effective population size from rate of coancestry in pedigreed populations. *J. Anim. Breed. Genet.*, 128: 56-63.
- Chai, C.K. (1969): Effects of inbreeding in rabbits. *J. Hered.*, 60: 64-70.
- Chansomboon, C., Elzo, M.A., Suwanasopee, T., Koonawootrittrion, 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.
- Ciobanu, D.C., Lonergan, S.M., Huff-Lonergan, E. (2011): Genetics of meat and carcass traits. In: Rothschild, M.F., Ruvinsky, A. (Szerk.): *The Genetics of the Pig*, 2nd Edition. CABI International, Wallingford, UK. 355-389.
- Clutter, A.C. (2011): Genetics of performance traits. In: Rothschild, M.F., Ruvinsky, A. (Eds.): *The Genetics of the Pig*, 2nd Edition. CABI International, Wallingford, UK. 325-354.
- Crnokrak, P., Barrett, C.H. (2002): Purging the genetic load: a review of the experimental evidence. *Evolution*, 56: 2347-2358.
- Culbertson, M.S., Mabry, J.W., Misztal, I., Gengler, N., Bertrand, J.K., Varona, L. (1998): Estimation of dominance variance in purebred Yorkshire swine. *J. Anim. Sci.*, 76: 448-451.
- Curik, I., Seltenhammer, M., Sölkner, J., Zechner, P., Bodó, I., Habe, F., Marti, E., Brem, G. (2000): Inbreeding and Melanoma in Lipizzan horses. *ACS*, 65: 181-186.
- Curik, I., Zechner, P., Sölkner, J., Achmann, R., Bodó, I., Dovc, P., Kavar, T., Marti, E., Brem, G. (2003): Inbreeding, microsatellite heterozygosity, and morphological traits in Lipizzan horses. *J. Hered.*, 94: 125-132.
- Curik, I., Ferencakovic, M., Sölkner, J. (2014): Inbreeding and runs of homozygosity: A possible solution to an old problem. *Livest. Sci.*, 166: 26-34.
- Cutshaw, R.L., Schinckel, A.P., Schultz, M.M., Fix, J., Brubaker, M., Einstein, M. (2014): Relationships among sow productivity traits within purebred and crossbred litters. *Livest. Sci.*, 170: 193-202.
- Czakó, B., Donkó, T., Bázár, Gy., Kovács, Gy., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Radnai, I., Nagy, I. (2015): Genetic parameters of carcass traits in Pannon White rabbits based on Computer Tomography and test slaughter. In: *Proc. 19th International Tagung über Haltung und Krankheiten der Kaninchen, Peltztiere und Heimtiere*. Justus-Liebig Universität, Giessen. 128-134.
- Csató L. (1992): Sertés Tenyésztérbecslésünk és a BLUP. *Szaktanácsok*, 18-21.
- Csató L. (1999): A BLUP módszer és a genetikai paraméterbecslés a hazai sertésenyésztésben. *A Sertés*, 4: 10-21.
- Csató L., Baltay M. (1990): A sertés-ivadékvizsgálat korszerűsítése. *Szaktanácsok*, 22-24.
- Csató L., Horn P., Baltay M., Radnóczy L., Farkas J. (1984): A hátszalonna-vastagság és a napi tömeggyarapodás változása az előtömegtől, fajtától és az ivartól függően sertések sajátjeljesítmény-vizsgálata során. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 33: 529-541.
- Csató L., Faragó I., Farkas J. (1990): A testösszetétel becslése a sertések üzemi sajátjeljesítmény-vizsgálatában. *Vágóállat és Hústermelés*, 20: 33-37.
- Csató L., Farkas J., Radnóczy L. (1999): Sertéspopulációink genetikai elemzése a tenyésztérbecslés továbbfejlesztése érdekében. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 48: 747-749.
- Csató, L., Nagy, I., Farkas, J., Radnóczy, L. (2002): Genetic parameters of production traits of Hungarian Pig populations evaluated in separate and joint (field and station) test. *Arch. Tierz.*, 45: 375-386.
- Csató, L., Nagy, I., Farkas, J., Radnóczy, L., Vígh, Zs. (2003): Genetic parameters of various backfat measurements of the Hungarian Large White pig evaluated within and across sexes. *Agr. Consp. Sci.*, 68: 99-104.
- Csató L., Nagy I., Farkas J., Radnóczy L., Vígh Zs. (2004): genotípus környezet kölcsönhatás vizsgálata hazai sertésfajtákban. *Acta Agr. Kap.*, 8: 51-57.
- Damgaard, L.H., Rydhmer, L., Lovendahl, P., Grandinson, K. (2003): Genetic parameters for within-litter variation in piglet birth weight and change in within-litter variation during suckling. *J. Anim. Sci.* 81: 604-610.
- de Rochambeau, H., Fournet-Hanocq, F., Vu Tien Khang, J. (2000): Measuring genetic variability in small populations. *Ann. Zootech.*, 49: 77-93.

- Drouilhet, L., Gilbert, H., Balmissé, E., Rousche, J., Tircazes, A., Larzul, C., Garreau, H. (2013): Genetic parameters for two selection criteria for feed efficiency in rabbits. *J. Anim. Sci.*, 91: 3121-3128.
- Drouilhet, L., Achard, C.S., Zemb, O., Molette, C., Gidenne, T., Larzul, C., Ruesche, J., Tircazes, A., Segura, M., Bouchez, T., Theau-Clément, M., Joly, T., Balmissé, E., Garreau, H., Gilbert, H. (2016): Direct and correlated responses to selection in two lines of rabbits selected for feed efficiency under ad libitum and restricted feeding: I. Production traits and gut microbiota characteristics. *J. Anim. Sci.*, 94: 38-48.
- Dube, B., Sendros, D., Mulugeta, D., Dzama, K. (2012): Estimation of genetic and phenotypic parameters for sow productivity traits in South African Large White pigs. *S. Afr. J. Anim. Sci.*, 42: 389-397.
- Engblom, L., Lundeheim, N., Dalin, A., Andersson, K. (2007): Sow removal in Swedish commercial herds. *Livest. Sci.*, 106: 76-86.
- Engblom, L., Lundeheim, N., Schneider, M., Dalin, A., Andersson, K. (2009): Genetics of crossbred sow longevity. *Animal*, 3: 783-790.
- Estany, J., Baselga, M., Blasco, A., Camacho, J. (1989): Mixed model methodology for the estimation of genetic response to selection in litter size of rabbits. *Livest. Prod. Sci.*, 21: 67-76.
- Falconer, D.S. (1952): The problem of environment and selection. *Am. Nat.* 86: 293-298.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996): *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Ed. Longman, London, UK. 1-464.
- FAOSTAT Database (2014): <http://faostat3fao.org>
- Faragó I., Csörnyei Z., Horváth I., Pfaff V. (2001): A sertésenyésztés 200. évi eredményei. OMMI, Budapest, 1-127.
- Farkas J. (2008): BLUP-ra alapozott komplex tenyésztérbecslési modellek és összehasonlító vizsgálatuk a magyarországi sertésenyésztésben. PhD. Értekezés. Kaposvári Egyetem, Kaposvár, 1-191.
- Farkas, S., 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. *Livest. Sci.*, 112: 109-114.
- Faubel, E., Barragán, C., Silió, L., Rodríguez, M.C., Toro, M.A. (2004): Analysis of genetic diversity and conservation priorities in Iberian pigs based on microsatellite markers. *Heredity*, 93: 104-113.
- Ferencakovic, M., Hamzic, E., Gredler, B., Solberg, T.R., Klemetsdal, G., Curik, I., Sölkner, J. (2013): Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. *J. Anim. Breed. Genet.*, 130: 286-293.
- Fernández, A., Rodríguez, J., Zuzárrregui, J., Rodríguez, M.C., Silió, L. (2008): Genetic parameters for litter size and weight at different parities in Iberian pigs. *Span. J. Agric. Res.*, 6 (Special issue): 98-106.
- Ferraz, J.B.S., Johnson, R.K., Van Vleck, L.D. (1992): Estimation of genetic trends and genetic parameters for reproductive and growth traits of rabbits raised in subtropics with animal models. *J. Appl. Rabbit Res.*, 15: 131-142.
- Frey, M., Hofer A., Kunzi, N. (1997): Comparison of models with fixed or random contemporary group effect for the genetic evaluation for litter size in pigs. *Livest. Prod. Sci.*, 48: 135-141.
- Gallardo F.A., Lhorente J.P., Neira R. (2010): The consequences of including non-additive effects on the genetic evaluation of harvest body weight in Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). *Genet. Sel. Evol.*, 42: 19.

- Gama, L.T., David, F., Paixim, H. (2014): Genetic parameter estimates for reproductive, growth and longevity traits in Alentejano pigs raised extensively. In: Proc. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver, Canada, CD Com. No. 919.
- García-Casco, J.M., Fernández, A., Rodríguez, M.C., Silió, L. (2012): Heterosis for litter size and growth in crosses of four starins of Iberian pig. *Livest. Sci.*, 147: 1-8.
- Garreau, H., Szendrő, Zs., Larzul, C., de Rochambeau, H. (2000): Genetic parameters and genetic trends of growth and litter size traits in the White Pannon breed. In: Proc. 7th World Rabbit Congress, Valencia, Spain, 403-408.
- Garreau, H., Bolet, G., Larzul, C., Robert-Granié, C., Saleil, G., SanCristobal, M., Bodin, L. (2008a): Results of four generation of a canalising selection for rabbit birth weight. *Livest. Sci.*, 119: 55-62.
- Garreau, H., Ducrocq, V., Tudela, F., Saleil, G., Juin, H., Larzul, C. (2008b): Divergent selection for longevity in breeding does. In: Proc. 9th World Rabbit Congress, Verona, Italy, 97-102.
- Garreau, H., Eady, S.J., Hurtaud, J., Legarra, A. (2008c) Genetic parameters of production traits and resistance to digestive disorders in a commercial rabbit population. In: Proc. 9th World Rabbit Congress. Verona, Italy, 103-108.
- Garreau, H., Ducrocq, V., Fortune-Lamothe, L., Ruesche, F., Tudela, F., Saleil, G., Juin, H., Debrusse, A., Lamothe, E., Scapin, V., Duzert, R., Larzul, C. (2009): Sélection divergente pour la longévité de la lapine en reproduction. Réponse indirecte sur le bilan énergétique et les réserves adipeuses. In: Proc. 13^{èmes} Journées de la Recherche Cunicole. Le Mans, France, 141-144.
- Garreau, H., Ducrocq, V., Ruesche, F., Tudela, F., Saleil, G., Juin, H., Debrusse, A., Lamothe, E., Scapin, V., Duzert, R., Fortun-Lamothe, L., Larzul, C. (2010): Divergent selection for longevity in breeding does: indirect response for energy balance and fat stores. In: Proc. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, Com. No. 446.
- Garreau, H., Hurtaud, J., Drouilhet, L. (2013): Estimation des paramètres génétiques de la croissance et de l'efficacité alimentaire dans deux lignées commercial. In: Proc. 15^{èmes} Journées de la Recherche Cunicole. Le Mans, France, 15-18.
- Gáspárdy A., Jávorka L., Völgyi-Csík J. (2003): Nemzedékköz és nemzedékváltás. *Mezőhír*, 3: 94-96.
- González-Recio, O., E. López de Maturana, and J. P. Gutiérrez. (2007): Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 90: 5744-5752.
- Gómez, E.A., Baselga, M., Rafel, O., Ramon, J. (1998): Comparison of carcass characteristics in five strains of meat rabbit selected on different traits. *Livest. Prod. Scie.*, 55: 53-64.
- Groeneveld, E. (1990): PEST Users' Manual. Institute of ANimal Husbandry and Animal Behaviour Federal Research Centre, Neustadt.
- Groeneveld, E., Csató, L., Farkas, J., Radnóczy, L. (1996): Joint genetic evaluation of field and station test in the Hungarian Large White and Landrace populations. *Arch. Tierz.*, 39: 513-531.
- 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.
- Groeneveld, L.F., Lentsra, J.A., Eding, H., Toro, M., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, E.K., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S., and The GLOBALDIV Consortium (2010): Genetic diversity in farm animals - a review. *Anim. Genet.*, 41 (Suppl. 1): 6-31.
- Gulisija, D., Ginola, D., Weigel, K.A., Toro, M.A. (2006): Between founder heterogeneity in inbreeding depression for production in Jersey cows. *Livest. Sci.*, 104: 244-253.

- Guo, S.F., Gianola, D., Rekaya, R., Short, T. (2001): Bayesian analysis of lifetime performance and prolificacy in Landrace sows using a linear mixed model with censoring. *Livest. Prod. Sci.*, 72: 243-252.
- Gutiérrez, J.P., and F. Goyache. (2005): A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122: 172-176.
- Gutiérrez, J.P., Cervantes, I. Molina, A., Valera, M., Goyache, F. (2008): Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genet. Sel. Evol.*, 40: 359-378.
- Gutiérrez, J.P., Cervantes, I., Goyache, F. (2009): Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.*, 126: 327-332.
- Gyovai, P., Nagy, I., Gerencsér, Sz., Metzger, Sz., Radnai, I., Szendrő, Zs., (2008): Genetic parameters and trends of thigh muscle volume in Pannon White rabbits. In: *Proc. 8th World Rabbit Congress*, Verona, Italy, 115-119.
- Gyovai P., Nagy I. (2010): A beltenyésztés hatása a különböző állatfajok szaporasági, termelési és morfológiai tulajdonságaira. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 59: 157-173.
- Gyovai, P., Nagy, I., Gerencsér, Zs., Matics, Zs., Radnai, I., Donkó, T., Bokor, Á., Farkas, J., Szendrő, Zs. (2012): Genetic parameters for litter weight, average daily gain and thigh muscle volume measured by in vivo Computer Tomography technique in Pannon White rabbits. *Livest. Sci.*, 144: 119-123.
- Gyovai, P., Nagyné Kiszlinger, H., Donkó, T., Radnai, I., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Szendrő, Zs., Nagy, I. (2013): Schätzung der Körperzusammensetzung von Pannonischen weißen Kaninchen unter Verwendung der Computertomographie. *Fleischwirtschaft*, 93: 112-116.
- Hall, S.J.G. (2016): Effective population sizes in cattle, sheep, horses, pigs and goats estimated from census and herdbook data. *Animal*, In press.
- Hanenberg, E.H.T., Knol, E.F., Merks, J.W.W. (2001): Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in Dutch Landrace pigs. *Livest. Prod. Sci.*, 69: 179-186.
- Hanocq, E., Boichard, D., Foulley, J.L. (1996): A simulation study of the effect of connectedness on genetic trend. *Genet. Sel. Evol.*, 28: 67-82.
- Hedrick, P.W. (1994): Purging inbreeding depression and the probability of extinction: full-sib mating. *Heredity*, 73: 363-372.
- Hedrick, P.W., Kalinowski, S. (2000): Inbreeding depression in conservation biology. *Annu. Rev. Evol. Syst.* 31: 139-162.
- Henderson, C.R. (1975): Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a selection model. *Biometrics*, 31: 423-447.
- Hernández, P., Ariño, B., Grimal, A., Blasco, A. (2006): Comparison of carcass and meat characteristics of three rabbit lines selected for litter size or growth rate. *Meat Sci.*, 73: 645-650.
- Hill, W. G. (1979): A note on effective population size with overlapping generations, *Genetics*, 92: 317-322.
- Hill W.G., Goddard M.E., Visscher P.M. (2008): Data and theory point to mainly additive genetic variance for complex traits. *PLOS Genetics*, 4: e1000008.
- Hinrichs, D., Bennewitz, J., Wellmann, R., Thaller, G. (2015): Estimation of ancestral inbreeding effects on stillbirth, calving ease and birthweight in German Holstein dairy cattle. 132: 59-67.
- Hoeschele I, VanRaden P. (1991): Rapid inversion of dominance relationship matrices for noninbred populations by including sire-dam subclass effects. *J. Dairy Sci.*, 74: 557-569.
- Holl, J.W., Robison, O.W. (2003): Results from nine generations of selection for increased litter size in swine. *J. Anim. Sci.*, 81: 624-629.

- Holt, M., Meuwissen, T., Vangen, O. (2005): The effect of fast created inbreeding on litter size and body weights in mice. *Genet. Sel. Evol.* 37: 523-537.
- Horn, P., Csató, L., Baltay, M., Farkas, J. (1988): Differences between the performance of sows and barrows and its influence on progeny test results. *Acta Agr. Hung.*, 37: 93-100.
- Horn, P. (1991): Az in vivo testanalízis újabb lehetőségei a húshasznosítású állatfajok nemesítésében, különös tekintettel a röntgen komputeres tomográfia (RTC) alkalmazására. *Magyar Állatorvosok Lapja*, 46: 133-137.
- Houska, L., Wolfova, M., Nagy, I., Csörnyei, Z. Komlósi, I. (2010): Economic values for traits of pigs in Hungary. *Czech J. Anim. Sci.*, 55: 139-148.
- Hsu, W.L., Johnson, R.K. (2014): Analysis of 28 generations of selection for reproduction, growth and carcass traits in swine. *J. Anim. Sci.*, 92: 4806-4822.
- Huby, M., Gogué, J., Maignel, L., Bidanel, J.P. (2003): Corrélations génétiques entre les caractéristiques numériques et pondérales de la portée, la variabilité du poids de porcelets et leur survie entre la naissance et le sevrage. In: *Proc. Journées Recherche Porcine*. Paris, France, 35: 293-300.
- Hudson, G.F.S., Kennedy, B.W. (1985): Genetic evaluation of swine for growth rate and backfat thickness. *J. Anim. Sci.*, 61: 83-91.
- James, J.W. (1977): A note on selection differentials and generation length when generations overlap. *Anim. Prod.*, 24: 109-112.
- Juráskó R. (2014): A magyar nyúltenyésztés helyzete 2013 évben. 26. Nyúltenyésztési Tudományos nap, Kaposvár, 3-9.
- Kalinowski, S.T., Hedrick (1999): Detecting inbreeding depression is difficult in captive endangered species. *Anim. Conserv.*, 2: 131-136.
- Kalinowski, S.T., Hedrick, P.W., Miller, P.S. (2000): Inbreeding depression in Speke's Gazelle captive breeding program. *Conserv. Biol.*, 14: 1375-1384.
- Kapell, D.N.R.G., Ashworth, C.J., Walling, G.A., Lawrence, A.B., Edwards, S.A., Roehe, R. (2009): Estimation of genetic associations between reproduction and production traits based on a sire and dam line with common ancestry. *Animal*, 3: 1354-1362.
- Kasprzyk, A. (2007): 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 (Special Issue): 116-124.
- Kennedy, B.W., Trus, D. (1993): Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J. Anim. Sci.*, 71: 2341-2352.
- Kennedy, B.W., Scafeffer, L.R., Sorensen, D.A. (1988): Genetic properties of animal models. *J. Dairy Sci.*, 71 (Supplement 2): 17-26.
- Kerdiles, V., and H. de Rochambeau. (2002): A genetic description of two selected strains of rabbits, *J. Anim. Breed. Genet.*, 119: 25-33.
- Khalil, M.H., Al-Saef, A.M. (2008): Methods, criteria, techniques and genetic responses for rabbit selection: a review. In: *Proc. 8th World Rabbit Congress*, Verona, Italy, 3-34.
- Klemetsdal, G. (1998): The effect of inbreeding on racing performance in Norwegian cold-blooded trotters. *Genet. Sel. Evol.* 30: 351-365.
- Kristensen, T.N., Sorensen, A.C. (2005): Inbreeding – lessons from animal breeding, evolutionary biology and conservation genetics. *Anim. Sci.*, 80: 121-133.
- Kristensen, T.N., Hoffmann, A.A., Storen, A. (2015): What can livestock breeders learn from conservation genetics and vice versa? *Front. Genet.*, 6: 38.
- Krogmeier, D., Dzapo, V., Mao, I.L. (1994) Additive and maternal effects of postweaning growth and carcass traits in rabbits. *J. Anim. Breed. Genet.*, 111: 289-297.
- Krupa, E., Wolf, J. (2013): Simultaneous estimation of genetic parameters for production and litter size traits in Czech Large White and Czech Landrace pigs. *Czech J. Anim. Sci.*, 58: 429-436.

- KSH (2014): Statisztikai Tükör, 58: 1-5.
- KSH (2015): Állatállomány, 2014. december 1.
- Köck, A., Fürst-Waltl, B., Baumung, R., (2009): Effects of inbreeding on number of piglets born total, born alive and weaned in Austrian Large White and Landrace pigs. *Arch. Tierz.*, 52: 51-64.
- Kövér Gy., Csörnyei Z., Nagy I., Novozánszky G., Kovács G. (2002): A testösszetétel különböző módszerekkel történő becslhetőségének összehasonlítása sertéseken. *Állattenyésztés és takarmányozás*, 51: 587-596.
- Lacy, R.C. (1989): Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.*, 8: 111-123.
- Lacy, R.C. (1995): Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *Zoo Biol.*, 14: 565-578.
- Lacy, R.C. (1997): Importance of genetic variation to the viability of mammalian populations. *J. Mammal.* 78: 320-335.
- Lacy, R.C., Alaks, G., Walsh, A. (1996): Hierarchical analysis of inbreeding depression in *Peromyscus polionotus*. *Evolution*, 50: 2187-2200.
- Lacy, R.C., Ballou, J.D. (1998): Effectiveness of selection in reducing the genetic load in populations of *Peromyscus polionotus* during generations of inbreeding. *Evolution*, 52: 900-909.
- Larzul, C., de Rochambeau, H. (2004): Comparison of ten rabbit lines of terminal bucks for growth, feed efficiency and carcass traits. *Anim. Res.*, 53: 535-545.
- Larzul, C., de Rochambeau, H. (2005): Selection for residual feed consumption in the rabbit. *Livest. Prod. Sci.*, 95: 67-72.
- Larzul, C., Gondret, F., Combes, S., de Rochambeau, H. (2005): Divergent selection on 63-day body weight in the rabbit: response on growth, carcass and muscle traits. *Genet. Sel. Evol.*, 37: 105-122.
- Larzul, C., Ducrocq, V., Tudela, F., Juin, H., Garreau, H. (2014): The length of productive life can be modified through selection: An experimental demonstration in the rabbit. *J. Anim. Sci.*, 92: 2395-2401.
- Lavara, R., Vicente, J.S., Baselga, M. (2012): Estimation of genetic parameters for semen quality traits and growth rate in paternal rabbit line.
- Lenoir, G., Garreau, H., Banville, M. (2011): Estimation des paramètres génétiques des critères pondéraux à la naissance dans une lignée femelle Hycole. In: *Proc. 14èmes Journées de la Recherche Cunicole*. Le Mans, France, 181-184.
- Lenoir, G., Maupin, M., Leloire, C., Garreau, H. (2013): Analyse de la longévité des lapines d'une lignée commerciale. In: *Proc. 15èmes Journées de la Recherche Cunicole*. Le Mans, France, 117-120.
- Leroy, G. (2011): Genetic diversity, inbreeding and breeding practices in dogs: Results from pedigree analyses. *Vet. J.* 189: 177-182.
- Leroy, G., Mary-Huard, T., Verrier, E., Danvy, S., Charvolin, E., C. Danchin-Burge, (2013): Methods to estimate effective population size using pedigree data: examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genet. Sel. Evol.*, 45: 1.
- Leroy, G. (2014): Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. *Anim. Genet.* 45: 618-628.
- Lenoir, G., Morien, (2015): Intérêt de l'évaluation par échographie des caractéristiques de carcasse pour la sélection du lapin de chair. In: *Proc. 15èmes J. Rech. Cunicoles*, Le Mans, France, 177-180.
- Lewis, C.R.G., Kim, L., Bunter, L. (2011): Effects of seasonality and ambient temperature on genetic parameters for production and reproductive traits in pigs. *Anim. Prod. Sci.*, 51: 615-626.

- López-Cortegano, E., Vilas, A., Caballero, A., Garcia-Dorado, A. (2016): Estimation of genetic purging under competitive conditions. *Evolution*, 70: 1856-1870.
- Lukefahr, S.D., Odi, H.B., Atakora, J.K.A. (1996): Mass selection for 70-day body weight in rabbits. *J. Anim. Sci.*, 74: 1481-1489.
- Lukovic, Z., Mahnet, Z., Karolyi, D., Salajpal, K. (2013): Genetic parameters for litter size in Black Slavonian pigs with each parity treated as a different trait. *Acta Agric. Slov.*, (Supplement) 4: 33-35.
- Lundgren, H., Fikse, W.F., Grandison, K., Lundeheim, N., Canario, L., Vangen, O., Olsen, D., Rydhmer, L. (2014): Genetic parameters for feed intake, litter weight, body condition and rebreeding success in primiparous Norwegian Landrace sows. *Animal*, 82: 175-183.
- Lutaaya, E., Misztal, I., Bertrandt, J.K., Mabry, W., (1999): Inbreeding in populations with incomplete pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.*, 116: 475-480.
- Mabry, J.W., Benyshek, L.L., Johnson, M.H., Little, D.E. (1987): A comparison of methods for ranking boars from different central test stations. *J. Anim. Sci.* 65: 56-62.
- MacCluer, J.W. VandeBerg, J.L., Read, B., Ryder, O.A. (1986): Pedigree analysis by computer simulation. *Zoo Biol.* 5: 147-160.
- Maignel, L., Boichard, D., Verrier, E. (1996): Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*, 14: 49-54.
- Maignel, L., Wyss, S., Dion, N., Duggan, M., Sullivan, B. (2011): Évaluation génétique pour la survie périnatale et la variabilité du poids à la naissance dans le Programme canadien pour l'amélioration génétique des porcs. In: *Proc. 43èmes Journées de la Recherche Porcine*. Paris, France, 65-66.
- Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete (2009): Tenyésztési Program (http://www.mfse.eu/modul/files/tenyesztési_program_2009.03.24.pdf).
- Magyar Fajtatiszta Sertést Tenyésztők Egyesülete (2013): Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex. 8. Budapest, 1-53.
- Martín de la Rosa, A.J., Cervantes, I., Gutiérrez, J.P. (2016): Equivalent effective population size mating as a useful tool in the genetic management of the Ibicenco rabbit breed (Conill Pages d'Eivissa). *Czech J. Anim. Sci.*, 61: 108-116.
- Matics, Zs., Nagy, I., Gerencsér, Zs., Radnai, I., Gyovai, P., Donkó, T., Dalle Zotte, A., Curik, I., Szendrő, Zs. (2014): Pannon breeding program in rabbit at Kaposvár University. *World Rabbit Sci.*, 22: 287-300.
- Mc Parland, S., Kearny, F., Berry, D. (2009): Purging of inbreeding depression with the Irish Holstein-Friesian population. *Genet. Sel. Evol.*, 41: 16.
- MGSHZ 2009. Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex. 7. Budapest, 1-77.
- Mehrabani-Yeganeh, H., Gibson, J.P., Schaeffer, L. (2000): Including coefficients of inbreeding in BLUP evaluation and its effect on response to selection. *J. Anim. Breed. Genet.*, 117: 145-151.
- Meirmans, P.G., Hedrick, P.W. (2011): Assessing population structure: F_{ST} and related measures. *Mol. Ecol. Resour.*, 11: 5-18.
- Mészáros, G., Pálos, J., Ducrocq, V., Sölkner, J. (2010): Heritability of longevity in Large White and Landrace sows using continuous time and data models. *Genet. Sel. Evol.*, 42: 13.
- Merour, I., Bernard, E., Canario, L., Bidanel, J.P. (2008a): Analyse génétique de la productivité numérique et pondérale et la durée de mis bas de truies Large White et Landrace Français. In: *Proc. Journées Recherche Porcine*. Paris, France, 40: 133-136.
- Merour, I., Bernard, E., Canario, L., Bidanel, J.P. (2008b): Comment la sélection génétique peut améliorer la survie des porcelets en allaitement. *TecchniPorc*, 31: 23-24.

- Metzger, Sz., Odermatt, M., Szendrő, Zs., Mohaupt, M., Romvári, R., Makai, A., Bíró-Németh, E., Radnai, I., Sipos, L. (2006a): Comparison of carcass traits and meat quality of Hyplus hybrid, purebred Pannon White and their crossbreds. *Arch. Tierz.*, 49: 389-399.
- Metzger, Sz., Odermatt, M., Szendrő, Zs., Mohaupt, M., Romvári, R., Makai, A., Bíró-Németh, E., Radnai, I., Sipos, L., Horn P. (2006b): A study of the carcass traits of different rabbit genotypes. *World Rabbit Sci.*, 14: 107-114.
- Metzger, Sz., Odermatt, M., Szabó, A., Radnai, I., Bíró-Németh, E., Nagy, I., Szendrő, Zs. (2011): Effect of age and body weight on carcass traits and meat composition of rabbits. *Arch. Tierz.*, 54: 406-418.
- Meuwissen, T. (2009): Genetic management of small populations: A review. *Acta Agr. Scand. Section A*, 59: 71-79.
- Mielenz, N., Noor, R.R., Schüller, L. (2006): Estimation of Additive and nonadditive genetic variances of body weight, egg weight and egg production for quails (*Coturnix coturnix japonica*) with an animal model analysis. *Arch. Tierz.*, 49: 300-307.
- Milisits, G., Romvári, R., Dalle Zotte, A., Xiccato, G., Szendrő, Zs. (1996): Determination of body composition changes of pregnant does by X-ray computerized tomography. In: *Proc. 6th World Rabbit Congress. Toulouse, France, Vol. 3: 207-212.*
- Milisits, G., Romvári, R., Dalle Zotte, A., Szendrő, Zs. (1999): Non-invasive study of changes in body composition in rabbits during pregnancy using X-ray computerized tomography. *Ann. Zootech.*, 48: 25-34.
- Misztal I. (2001): New models and computations in animal breeding. 50th Annual National Breeders Roundtable. St. Louis, Missouri May 3-4, 2001.
- Misztal I., Besbes B. (2000): Estimates of parental-dominance and full-sib permanent environment variances in laying hens. *Anim. Sci.*, 71: 421-426.
- Mínguez, C., Sanchez, J.P., EL Nagar, A.G., Ragab, M. Baselga, M. (2016): Growth traits of four maternal lines of rabbits founded on different criteria: comparisons at foundation and at last periods after selection. *J. Anim. Breed. Genet.*, 133: 303-315.
- Molette, C., Gilbert, H., Larzul, C., Balmisse, E., Ruesche, J., Manse, H., Tirzaces, A., Theau-Clément, M., Joly, T., Gidenne, T., Garreau, H., Drouilhet, L. (2016): Direct and correlated responses to selection in two lines of rabbits selected for feed efficiency under ad libitum and restricted feeding: II. Carcass and meat quality. *J. Anim. Sci.*, 94: 49-57.
- Moura, A.S.A.M.T., Polastre, R., Wechsler, F.S., (2000): Dam and litter inbreeding and environmental effects on litter performance in Botucatu rabbits. *World Rabbit Sci.*, 8: 151-157.
- Nagy, I. (2000): Quantitative genetic studies on the Hungarian Merino sheep population. PhD értekezés, Debreceni Egyetem, Debrecen, 1-133.
- Nagy I., Csató L. (2004): Tenyészállat-kiválasztás a genetikai haladásért. *A Sertés*, 9: 28-33.
- Nagy, I., Sölkner, J., Komlósi, I., Sáfár, L. (1999a): Genetic parameters of production and fertility traits in Hungarian Merino Sheep. *J. Anim. Breed. Genet.*, 116: 399-413.
- Nagy I., Bálint P., Komlósi I., Sáfár L. (1999b): Magyar merino állományok közötti genetikai kapcsolat vizsgálata. *Acta Agr. Kap.*, 3: 15-23.
- Nagy, I., Adnøy, T., Komlósi, I., Bálint, P. (2001): Choosing a method for measuring genetic relation. *Állettenyésztés és Takarmányozás*, 50: 289-297.
- Nagy I., Csató L., Farkas J., Radnóczy L., Vígh Zs. (2002a): A Magyar nagy fehér hússertés és magyar lapálysertés központi hízékonyságvizsgálatának (HVT) elemzése túlélés becslés (survival analysis) alkalmazásával. *Acta Agr. Deb.*, 9: 37-40.
- Nagy, I., Csató, L., Farkas, J., Radnóczy, L., Vígh, Zs. (2002b): Analysis of the random distribution of station-tested pigs based on their genetic merit. *Acta Vet. Hung.*, 50: 373-383.

- Nagy I., Csató L., Farkas J., Radnóczy L. (2003): Genotípus x környezet kölcsönhatás becslése hazai sertésfajtáink teljesítményvizsgálati eredményei alapján. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 52: 297-305.
- Nagy, I., Szabó, A., Romvári, R., Szendrő, Zs. (2004a): Brief description of the survival analysis procedure using the running rejection behaviour of young rabbits as a model trait. *Agr. Consp. Sci.*, 69: 29-33.
- Nagy I., Gulyás R., Csató L., Farkas J., Radnóczy L., Vígh Zs. (2004b): Tenyészeteken belüli és tenyészetek közötti genetikai kapcsolat néhány hazánkban tenyésztett sertésfajtában. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 53: 101-110.
- Nagy, I., Sölkner, J., Csató, L., Farkas, J., Radnóczy, L. (2004c): Analysis of alternative models treating herd x year effects as fixed or random. *Czech J. Anim. Sci.*, 49: 349-356.
- Nagy I., Szendrő Zs., Romvári R., Metzger Sz., Horn P. (2004d): CT-re alapozott szelekció eredményességének vizsgálata. 16. Nyúltenyésztési Tudományos Nap. Kaposvár, 109-112.
- Nagy, I., Ibañez, N., Mekki, W., Metzger, Sz., Horn, P., Szendrő, Zs. (2006a): Genetic parameters of growth and in vivo computerized tomography based carcass traits in Pannon White rabbits. *Livestock Science* 104: 46-52.
- Nagy, I., Metzger, Sz., Princz, Z., Radnai, I., Bíró-Németh, E., Szendrő, Zs. (2006b): Vágási értékmérők genetikai paraméterei Pannon fehér nyúlpopulációban. 18. Nyúltenyésztési Tudományos Nap, Kaposvár, 215-218.
- Nagy, I., Csató, L., Farkas, J., Gyovai, P., Radnóczy, L., Komlósi, I. (2008): Genetic parameters of direct and ratio traits from field and station tests of pigs. *Arch. Tierz.*, 51: 166-172.
- Nagy, I., Nagyné Kiszlinger, H., Farkas, J. (2010a): Genetic study of longevity of Hungarian pigs. *Acta Agr. Kap.*, 14: 55-58.
- Nagy I., Curik I., Radnai I., Cervantes I., Gyovai P., Baumung R., Farkas J., Szendrő Zs. (2010b): Genetic diversity and population structure of the synthetic Pannon White rabbit revealed by pedigree analyses. *J. Anim. Sci.*, 88: 1267-1275.
- Nagy, I., Gyovai, P., Radnai, I., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Donkó, T., Szendrő, Zs. (2010c) Genetic parameters of growth in vivo CT based and slaughter traits in Pannon white rabbits. In: *Proc. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Event lab. GmbH, Leipzig, Germany, CD Com. No. 341.
- 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. *Arch. Tierz.*, 54: 297-307.
- Nagy, I., Gyovai, P., Radnai, I., Nagyné Kiszlinger, H., Farkas, J., Szendrő, Zs. (2013a): Genetic parameters, genetic trends and inbreeding depression of growth and carcass traits in Pannon terminal line rabbits. *Arch. Tierz.*, 56: 191-199.
- Nagy I., Gorjanc G., Curik I., Farkas J., Kiszlinger H., Szendrő Zs. (2013b): The contribution of dominance and inbreeding depression in estimating variance components for litter size in Pannon White rabbits. *J. Anim. Breed. Genet.*, 130: 303-311.
- Nagy I., Farkas J., Curik I., Gorjanc G., Gyovai, P., Szendrő Zs. (2014): Estimation of additive and dominance variance for litter size components in rabbits. *Czech J. Anim. Sci.*, 59: 182-189.
- Nagyné-Kiszlinger, H., Farkas, J., Kövér, Gy., Nagy, I. (2013): Selection for reproductive traits in Hungarian pig breeding in a two-way cross. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 31: 315-322.
- Neigel, J.E. (2002): Is F_{ST} obsolete? *Conserv. Genet.*, 3: 167-173.
- Nguyen, T.T.T., Szabó, Cs., Nagy, I. (2013): Application of computer tomography in animal breeding: a review. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 62: 152-165.
- Nielsen, B., Su, G., Lund, M.S., Madsen, P. (2013): Selection for increased number of piglets at d 5 after farrowing has increased litter size and reduced piglet mortality. *J. Anim. Sci.*, 91: 2575-2582.

- Noguera, J.L. Varona, L., Babot, D., Estany, J. (2002): Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. *J. Anim. Sci.*, 80: 2540-2547.
- Novozánszky G. (2013): A sertésenyésztés 2013. évi eredményei. NÉBIH, Budapest, 1-70.
- Novozánszky G. (2014): A sertésenyésztés 2014. évi eredményei. NÉBIH, Budapest, 1-68.
- Ollivier, L., Foulley, J.L. (2005): Aggregate diversity: New approach combining within- and between-breed genetic diversity. *Livest. Prod. Sci.*, 95: 247-254.
- OMMI (1995): Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex. 1. Budapest, 1-70.
- OMMI (1997): Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex. 2. Budapest, 1-73.
- OMMI (2000): Sertés Teljesítményvizsgálati Kódex. 3. Budapest, 1-79.
- Pecsenye K. (2006): Populációgenetika, Pars Kft, Budapest, 1-401.
- Pescovicova, D., Groeneveld, E., Kubicík, M., Hetényi L., Demo, P. (1999): Genetic and environmental trends for production traits in the Slovak pig population. *Czech. J. Anim. Sci.*, 44: 447-455.
- Pescovicova, D., Wolf, J., Groeneveld, E., Wolfova, M. (2002): Simultaneous estimation of the covariance structure of traits from field test, station test and litter recording in pigs. *Livest. Prod. Sci.*, 77: 155-165.
- Pérez-Enciso, M. (1995): Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. *J. Anim. Breed. Genet.*, 112: 333-340.
- Piles, M., Blasco, A., Pla, M. (2000): The effect of selection for growth rate on carcass composition and meat characteristics of rabbits. *Meat Sci.*, 54: 347-355.
- Piles, M., Gomez, E.A., Rafel, O., Ramon, J., Blasco, A. (2004): Elliptical selection experiment for the estimation of genetic parameters of growth rate and feed conversion ratio in rabbits. *J. Anim. Sci.*, 82: 654-660.
- Piles, M., García, M.L., Rafel, O., Ramon, J., Baselga, M. (2006a): Genetics of litter size in three maternal lines of rabbits: Repeatability versus multiple-trait models. *J. Anim. Sci.*, 84: 2309-23015.
- Piles, M., Sánchez, J.P., Orengo, J., Rafel, O., Ramon, J., Baselga, M. (2006b): Crossbreeding parameter estimation for longevity in rabbits using survival analysis methodology. *J. Anim. Sci.*, 84: 58-62.
- Piles, M., Garreau, H., Rafel, O., Larzul, C., Ramon, J., Ducrocq, V. (2006c): Survival Analysis in two lines of rabbits selected for reproductive traits. *J. Anim. Sci.*, 84: 1658-1665.
- Pla, M., Hernández, P., Blasco, A. (1996): Carcass composition and meat characteristics of two rabbit breeds of different degrees of maturity. *Meat Sci.*, 44: 85-92.
- Pla, M., Guerrero, L., Guardia, D., Olivier, M.A., Blasco, A. (1998): Carcass characteristics and meat quality of rabbit lines selected for different objectives: I. Between lines comparison. *Livest. Prod. Sci.*, 54: 115-123.
- Poujardieu, B., Theau-Clement, M. (1995): Productivité de la lapine et état physiologique. *Ann. Zootech.* 44: 29-39.
- Radnóczy L., Csató L., Farkas J. (1999): A BLUP módszerrel végzett tenyészték-bebecslés tapasztalatai. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 48: 744-746.
- Poigner, J., Szendrő, Zs., Lévai, A., Radnai, I., Bíró-Németh, E. (2000): Effect of birth weight and litter size on growth and mortality in rabbit. *World Rabbit Sci.*, 8: 17-22.
- Radnóczy L., Csató L., Farkas J. (1999): A BLUP módszerével végzett tenyészték-bebecslés tapasztalatai. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 48: 744-746.
- Radnóczy L., Kövér Gy., Farkas J., Nagy I. (2009): A hazai sertésállományok genetikai potenciáljának értékelése, teljesítményvizsgálati eredmények alapján. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 58: 397-410.

- Rafat, S.A., Allain, D., de Rochambeau, H. (2009): Genetic description of a divergent selection experiment in Angora rabbit with overlapping generations. *J. Anim. Breed. Genet.*, 126: 189-197.
- Ragab, M., Sánchez, J.P., Baselga, M. (2015): Effective population size and inbreeding depression on litter size in rabbits. A case study. *J. J. Anim. Breed. Genet.*, 132: 68-73.
- Reist-Marti, S.B., Abdulai, A., Simianer, H. (2006): Optimum allocation funds and choice of conservation programs for a set of African cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 38: 99-126.
- R Core Team (2016). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org/>.
- Romvári, R., Milisits, G., Szendrő, Zs., Sørensen, P. (1996): Non invasive method to study the body composition of rabbits by X-ray computerized tomography. *World Rabbit Sci.*, 4: 219-224.
- Romvári, R., Szendrő, Zs., Jensen, J. F., Sorensen, P., Milisits, G., Bogner, P., Horn, P., Csapó, J. (1998): Noninvasive measurement of body composition of two rabbit populations between 6 - 16 week of age by computer tomography. *J. Anim. Breed. Genet.*, 115: 383-395.
- Romvári R., Milisits G., Szendrő Zs., Repa I., Horn P. (2000): A CT felhasználása kisállattenyésztési kutatásokban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 49: 121-137.
- Romvári R. (2005): Keresztmetszeti Képalkotó eljárások (CT, MRI) állattenyésztési alkalmazási lehetőségei. MTA Doktori Értekezés, Kaposvári Egyetem, Kaposvár, 1-108.
- Rosendo, A., Druet, T., Gogué, J., Canario, L., Bidanel, J.P. (2007): Correlated responses for litter traits to six generations of selection for ovulation rate or prenatal survival in French Large White pigs. *J. Anim. Sci.*, 85: 1615-1624.
- Rossel, J.F., de la Fuente, L.F. (2009): Culling and mortality in breeding rabbits. *Prev. Vet. Med.*, 88: 120-127.
- Rouvier, R. (1970): Variabilité génétique du rendement à l'abattage et de la composition anatomique de lapins de trois races. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, 2: 325-346.
- Rye M., Mao I.L., (1998): Nonadditive genetic effects on growth rate in Atlantic Salmon. *Livest. Prod. Sci.*, 57: 15-22.
- SanCristobal-Gaudy, M., Bodin, M., Elsen, J.M., Chevalet, C. (1998): Prediction of the response to a selection for canalisation of a continuous trait in animal breeding. *Genet. Sel. Evol.*, 30: 423-451.
- Sánchez, J.P., Baselga, M., Perió, R., Silvestre, M.A. (2004): Analysis of factors influencing longevity of rabbit does. *Livest. Prod. Sci.*, 90: 227-234.
- Sánchez J.P., Baselga M., Korsgaard I.R. (2005) Estudio de los efectos de dominancia en la determinación de la longevidad del conejo de carne. *Proceedings of XI Jornadas sobre Producción Animal de la Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario (AIDA)*. May 11-12, 2005. Zaragoza, Spain. (<http://acteon.webs.upv.es/CONGRESOS/AIDA%202005/Dominb.pdf>)
- Sánchez, J.P., Baselga, M., Ducrocq, V. (2006): Genetic and environmental correlations between longevity and litter size in rabbits. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123: 180-185.
- Sánchez, J.P., Theilgaard, P., Mínguez, C., Baselga, M. (2008): Constitution and long-lived productive rabbit line. *J. Anim. Sci.*, 86: 515-525.
- Sellier, P. (1976): The basis of crossbreeding in pigs; A review. *Livest. Prod. Sci.*, 3: 203-226.
- Sell-Kubiak, E., Bijma, P., Knol, E.F., Mulder, H.A. (2015): Comparison of methods to study uniformity of traits: Application to birth weight in pigs. *J. Anim. Sci.*, 93: 900-911.
- Serenius, T., Stalder, K.J., Puonti, M. (2006): Impact of dominance effects of sow longevity. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123: 355-361.

- Serenius, T., Stalder, K.J. (2007): Length of productive life of crossbred sows is affected by farm management, leg conformation, sow's own prolificacy, sow's origin parity and genetics. *Animal*, 1: 745-750.
- Simianer, H., Marti, S.B., Gibson, J., Hanotte, O., Rege, J.E.O. (2003): An approach to optimal allocation of conservation funds to minimize loss of genetic diversity between livestock breeds. *Ecol. Econ.*, 45: 377-392.
- Skorput, D., Gorjanc, G., Dikic, M., Lukovic, Z. (2014): Genetic parameters for litter size in Black Slavonian pigs. *Span. J. Agric. Res.*, 12: 89-97.
- Sölkner, J., Filipcic, L., Hampshire, N. (1998): Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. *Anim. Sci.*, 67: 249-256.
- Sobczynska, M., Blicharski, T., Tyra, M. (2013): Relationships between longevity, lifetime productivity, carcass traits and conformation in Polish maternal pig breeds. *J. Anim. Breed. Genet.*, 130: 361-371.
- Su, G., Lund, M.S., Sorensen, D. (2007): Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. *J. Nim. Sci.*, 85: 1385-1392.
- Suwanlee, S., Baumung, R., Sölkner, J., Curik, I. (2007): Evaluation of ancestral inbreeding coefficients: Ballou's formula versus gene dropping. *Conserv. Genet.*, 8: 489-495.
- Szendrő, K. (2014): Effect of genotype and management systems on performance, economics and societal perceptions in rabbit meat production. PhD Dissertation, Kaposvár University, Kaposvár 1-186.
- Szendrő, K., Szendrő, Zs. (2012): Trade Balance of Hungarian rabbit meat. In: Proc. 10th World Rabbit Congress, Sharm El-Sheik, Egypt, 749-753.
- Szendrő, Zs., Ballay, A., Ráczkevy, S., Bíró, E. (1988): Progeny test on statiton in Hungary. In: Proc. 4th World Rabbit Congress, Budapest, Hungary, 289-293.
- Szendrő, Zs., Horn, P., Kövér, Gy., Berényi, E., Radnai, I., Bíróné Németh, E. (1992) In vivo measurement of the carcass traits of meat type rabbits by X-ray computerised tomography. *J. Appl. Rabbit Res.*, 15: 799-809.
- Szendrő, Zs., Romváry, R., Horn, P., Radnai, I., Bíró-Németh, E., Milisits, G. (1996): Two-way selection for carcass traits by computerised tomography. In: Proc. 6th World Rabbit Congress, Toulouse, Vol. 2: 371-375.
- Szendrő Zs., Bíróné Németh E., Radnai I. (1997): A kaposvári nyúlállomány súlygyarapodásának alakulása 1988. és 1996. között. 9. Nyúltenyésztési Tudományos Nap, Kaposvár, 11-16.
- Szendrő, Zs., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Nagy, I., Lengyel, M., Horn, P., Dalle Zotte, A. (2010): Effect of dam and sire genotypes on productive and carcass traits of rabbits. *J. Anim. Sci.*, 88: 533-543.
- [Szendrő Zs.](#), [Metzger Sz.](#), [Nagy I.](#), [Szabó A.](#), [Petrási Z.](#), [Donkó T.](#), [Horn P.](#) (2012): Effect of divergent selection for the computer tomography measured thigh muscle volume on productive and carcass traits of growing rabbits. [Livest. Sci.](#), 149: 167-172.
- Szendrő Zs., Nagy I., Gerencsér Zs., Donkó T., Gyovai P., Matics Zs. (2015): Pannon Nyúltenyésztési program (I. rész). *Baromfiágazat*, 15: 84-87.
- Szőke Sz., Komlósi I. (2000): A BLUP modellek összehasonlítása. *Tájékoztató. Állattenyésztés és Takarmányozás*, 49: 231-245.
- Templeton, A.R., Read, B. (1984): The elimination of inbreeding depression in a captive herd of Speke's gazelle. *Zoo Biol.*, 3: 177-199.
- Templeton, A.R., Read, B. (1998): Elimination of inbreeding depression from a captive herd of Speke's gazelle: validity of the original statistical analysis and confirmation by permutation testing. *Zoo Biol.*, 17: 77-94.

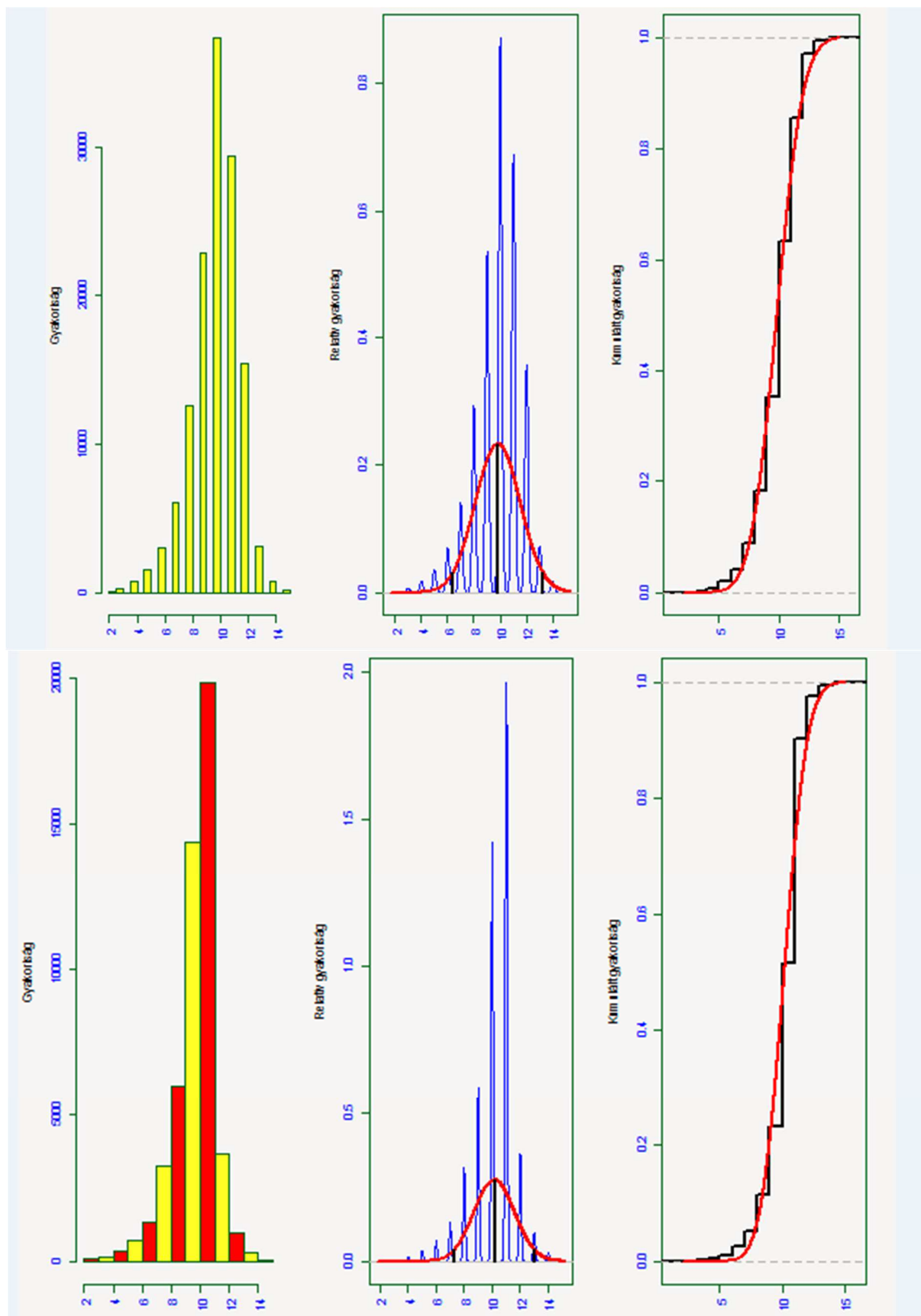
- Templeton, A.R. (2002): The Speke's gazelle breeding program as an illustration of the importance of multilocus genetic diversity in conservation biology: Response to Kalinowski et al. *Conserv. Biol.* 16: 1151-1155.
- Thaon d'Arnoldi, C., Foulley, J.L., Ollivier, L. (1998): An overview of the Weitzman approach to diversity. *Genet. Sel. Evol.*, 30: 149-161.
- Theilgaard, P., Sanchez, J.P., Pascual, J.J., Friggens, N.C., Baselga, M. (2006): Effect of body fatness and selection for prolificacy on survival of rabbit does assessed using a cryopreserved control population. *Livest. Sci.*, 103: 65-73.
- Thompson, R., Meyer, K. (1986): A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multitrait selection. *Livest. Prod. Sci.*, 15: 299-313.
- Tribout, T., Caritez, J.C., Gogu  , J., Gruand, J., Bouffaud, M., Billon, Y., P  ry, C., Griffon, H., Brenot, S., Le Tiran, M.H., Bussi  res, F., Le Roy, P., Bidanel, J.P. (2004): Estimation par utilisation de semence congel  e r  alis  e en France entre 1977 et 1998 dans la race porcine Large White: r  sultats pour quelques caract  res de production et de qualit   des tissus gras et maigre. In: *Proc. Journ  es Recherche Porcine*. Paris, France, 36: 275-282.
- Toro, M.A., Caballero, A. (2005): Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. *Phil. Trans. R. Soc. B.*, 360: 1367-1378.
- Tran A.T. (1992a): H  onaphat  sok a sert  sek   zemi saj  tteljes  tm  ny-vizsg  lat  ban. *  llatteny  sztes   s Takarm  nyoz  s*, 41: 109-118.
- Tran A.T. (1992b): M  dszer a k  rnyezethat  sok kiiktat  s  ra sert  sek   zemi saj  tteljes  tm  ny-vizsg  lat  ban. *  llatteny  sztes   s Takarm  nyoz  s*, 41: 213-222.
- Tran A.T., Wittmann M., Laky Gy. (1993): Genetikai param  terek becsl  se sert  sek   zemi saj  tteljes  tm  ny-vizsg  lat  ban. *  llatteny  sztes   s Takarm  nyoz  s*, 42: 235-246.
- Visscher, P.M., Goddard, M.E. (1993): Fixed and random contemporary groups. *J. Dairy Sci.*, 76: 1444-1454.
- V  gh Zs., Nagy I., Farkas J., Cs  t   L. (2005): A BLUP alap   teny  sz  rt  kek   s teny  szethat  sok kapcsolat  nak vizsgálata hazai sert  sfajt  kban. *Acta Agr. Kap.*, 9: 13-22.
- V  gh Zs., Cs  t   L., Gyovai P., Nagy I. (2007): K  rnyezeti hat  sok nagys  ga a Magyar nagy feh  r h  ssert  s   zemi saj  tteljes  tm  ny vizsg  lat  ban. *Agro Napl  *. 85-86.
- V  gh Zs., Cs  t   L., Nagy I. (2008): A pedigr  anal  zisben alkalmazott mutatosz  muk   s   rtelmez  s  k. *Szakirodalmi   ttekint  s*. 57: 549-567.
- Varewyck, H., Bouquet, Y., Van Zeveren, A. (1986): A progeny test for carcass quality in meat rabbits. *Arch. Gefl  gelk.*, 50: 26-31.
- Walling, C.A., Nussey, D.H., Morris, A., Clutton-Brock, T.H., Kruk, I.E., Pemberton, J.M. (2011): Inbreeding depression in red deer calves. *BMC Evol. Biol.* 11:318.
- Weitzman, M.L. (1992): On diversity. *Q. J. Econ.*, 107: 363-405.
- Weitzman, M.L. (1993): What to preserve? Application of diversity theory, to crane conservation. *Q. J. Econ.*, 108: 157-183.
- Weitzman, M.L. (1998): The Noah's ark problem. *Econometrica*, 66: 1279-1298.
- Willis, K., Wiese, R.J. (1997): Elimination of inbreeding depression from captive populations: Speke's gazelle revisited. *Zoo Biol.*, 16: 9-16.
- Wittmann M. (1986): A teny  sz  rt  kbecsl  s m  dszereinek fejleszt  se a sert  steny  sztesben. *  llatteny  sztes   s Takarm  nyoz  s*, 35: 199-200.
- Wright, S. (1922): Coefficients of inbreeding and relationship. *Am. Nat.*, 56: 330-338.
- Wright, S. (1943): Isolation by distance. *Genetics*, 28: 114-138.
- Wright, S. (1951): The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.*, 15: 323-353.
- Wright, S. (1965): The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19: 395-420.
- Wolf, J. (2010): Heritabilities and genetic correlations for litter size and semen traits in Czech Large White and Landrace pigs. *J. Anim. Sci.*, 88: 2893-2903.

- Wolf, J., Wolfova, M. (2012): Effect of service sire on litter size in Czech Large White and Landrace pigs. *Czech J. Anim. Sci.*, 57: 220-230.
- 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.
- Wolf, J., Horacková, S., Groeneveld, E., Pescovicova, D. (2000): Estimation of genetic parameters for sire pig breeds using purebred and crossbred information. *Czech J. Anim. Sci.*, 45: 525-532.
- Wolf, J., Horacková, S., Wolfova, M. (2001): Genetic parameters for the Black Pied Prestice breed: comparison of different multi-trait animal models. *Czech J. Anim. Sci.*, 46: 165-171.
- Wolf, J., Zakova, E., Groeneveld, E. (2005): Genetic parameters for a joint genetic evaluation of production and reproduction traits in pigs. *Czech J. Anim. Sci.*, 50: 96-103.
- Wolf, J., Zakova, E., Groeneveld, E. (2008): Within-litter variation of birth weight in hyperprolific Czech Large White sows and its relation to litter size traits, stillborn piglets and losses until weaning. *Livest. Sci.*, 115: 195-205.
- Zechner, P., J. Sölkner, I. Bodó, T. Druml, R. Baumung, R. Achmann, E. Marti, F. Habe, and G. Brem. (2002): Analysis diversity and population structure in the Lipizzan horse bred based on pedigree information. *Livest. Prod. Sci.*, 77: 137-146.
- Ziedena, I., Jonkus, D., Paura, L. (2011): Genetic and phenotypic parameters for reproduction traits of Landrace Sows in Latvia. *Agric. Conspec. Sci.*, 76: 219-222.

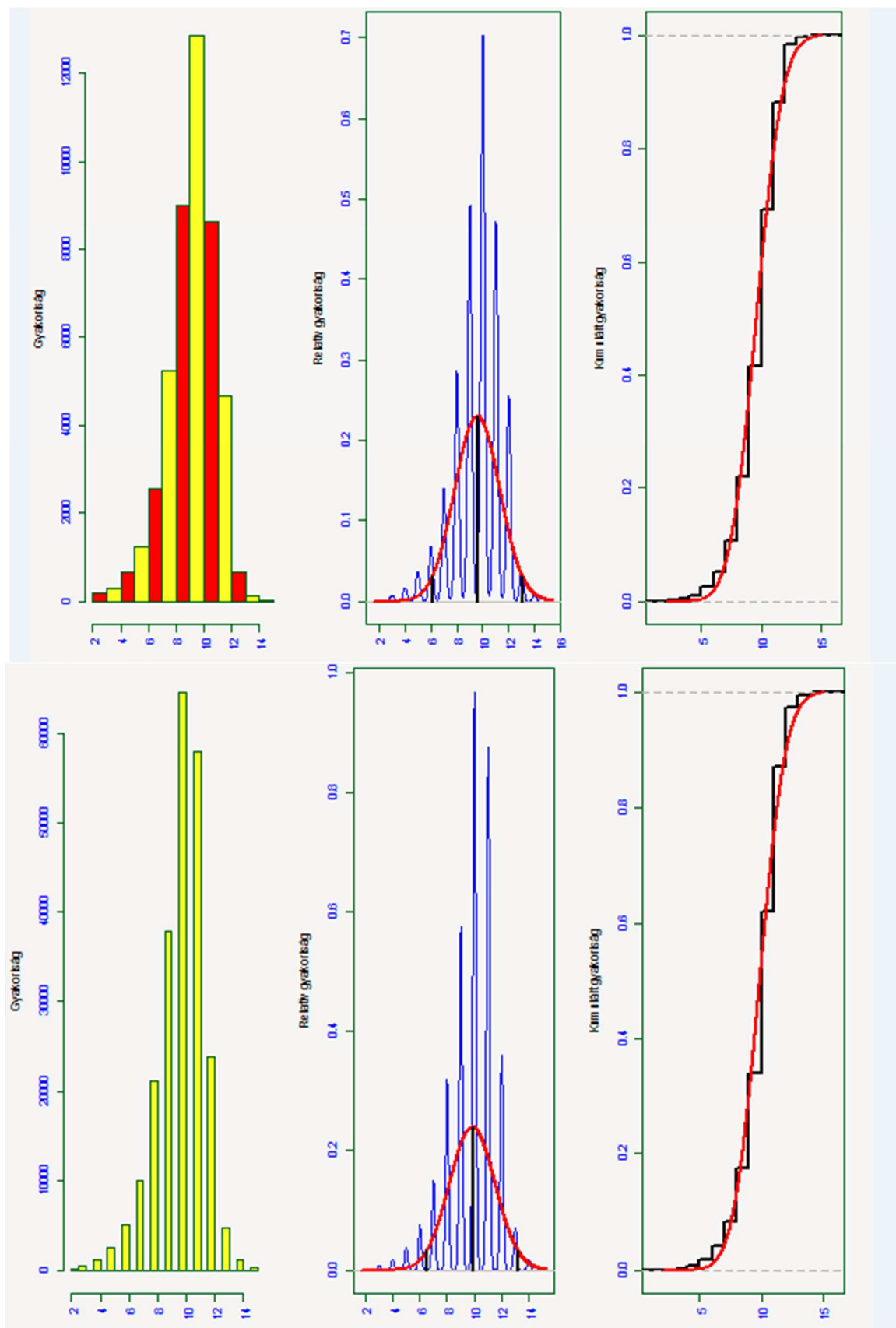
9. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Hálás köszönetemet szeretném kifejezni Komlósi István, Johann Sölkner, Ino Curik és Szendrő Zsolt professzor uraknak azért az útmutatásért, mely nagymértékben hozzájárult tudományos szemléletem kialakításához. Őszinte köszönetemet fejezem ki valamennyi tanszékvezetőmnek: Prof. Dr. Mihók Sándornak, Dr. Csató Lászlónak, Prof. Dr. Szendrő Zsoltnak, Prof. Dr. Romvári Róbertnek, Dr. Mezőszentgyörgyi Dávidnak és Dr. Matics Zsoltnak, hogy kutatómunkában folyamatosan támogattak. Köszönöm a Doktori Iskola jelenlegi és korábbi vezetőinek Prof. Dr. Horn Péternek és Prof. Dr. Kovács Melindának, hogy tudományos tevékenységemet folyamatosan segítették. Köszönöm Dr. Bokor Árpád tudományos dékánhelyettes úrnak, hogy mindvégig biztatott az értekezés benyújtására. Köszönöm Prof. Dr. Szabó Andrásnak az MTA doktori pályázat részletes összeállításához adott átfogó segítségét. Köszönöm Dr. Farkas Jánosnak azt a szakmai és erkölcsi támogatást mely nélkül sem az értekezés, sem az értekezés témakörében megjelent közlemények nem készültek volna el. Kutatásaimat az OTKA Iroda és az Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíj Kuratóriuma is támogatta, amit szintén nagyon köszönök. Külön köszönöm feleségem és édesanyám biztatását és támogatását.

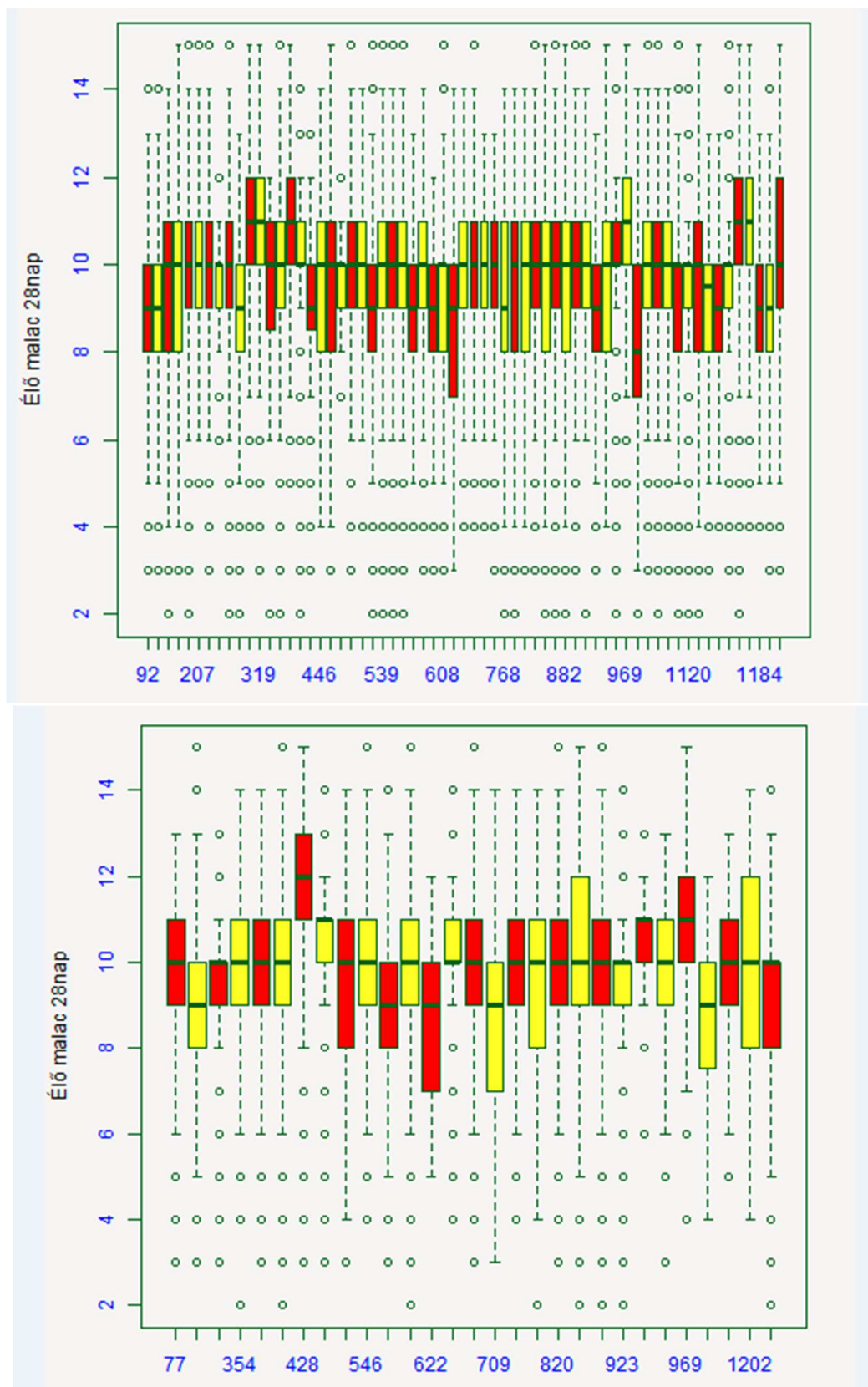
10. Mellékletek



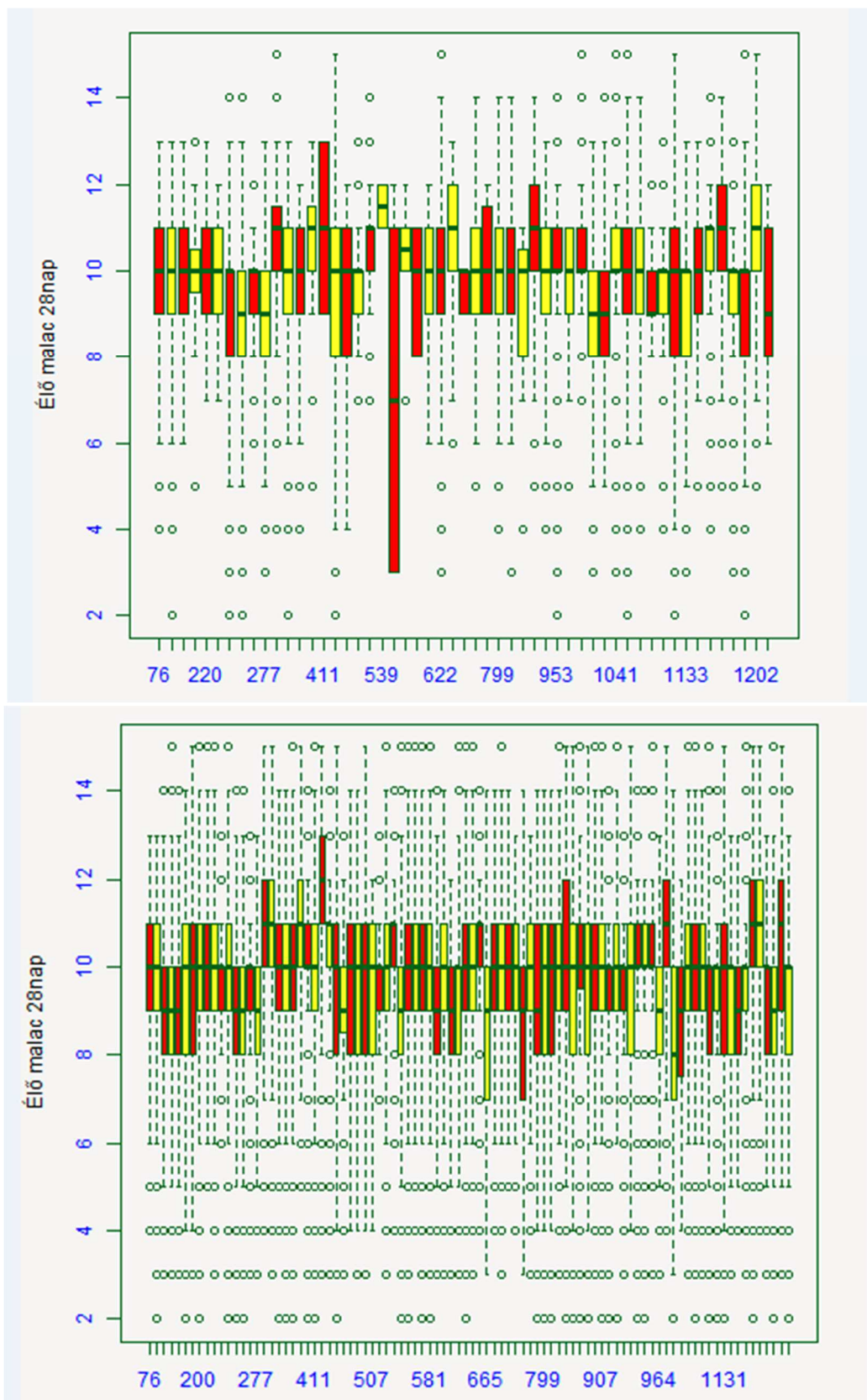
1. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák élve 28 napos malacszámanak hisztogramja, sűrűség és eloszlásfüggvénye



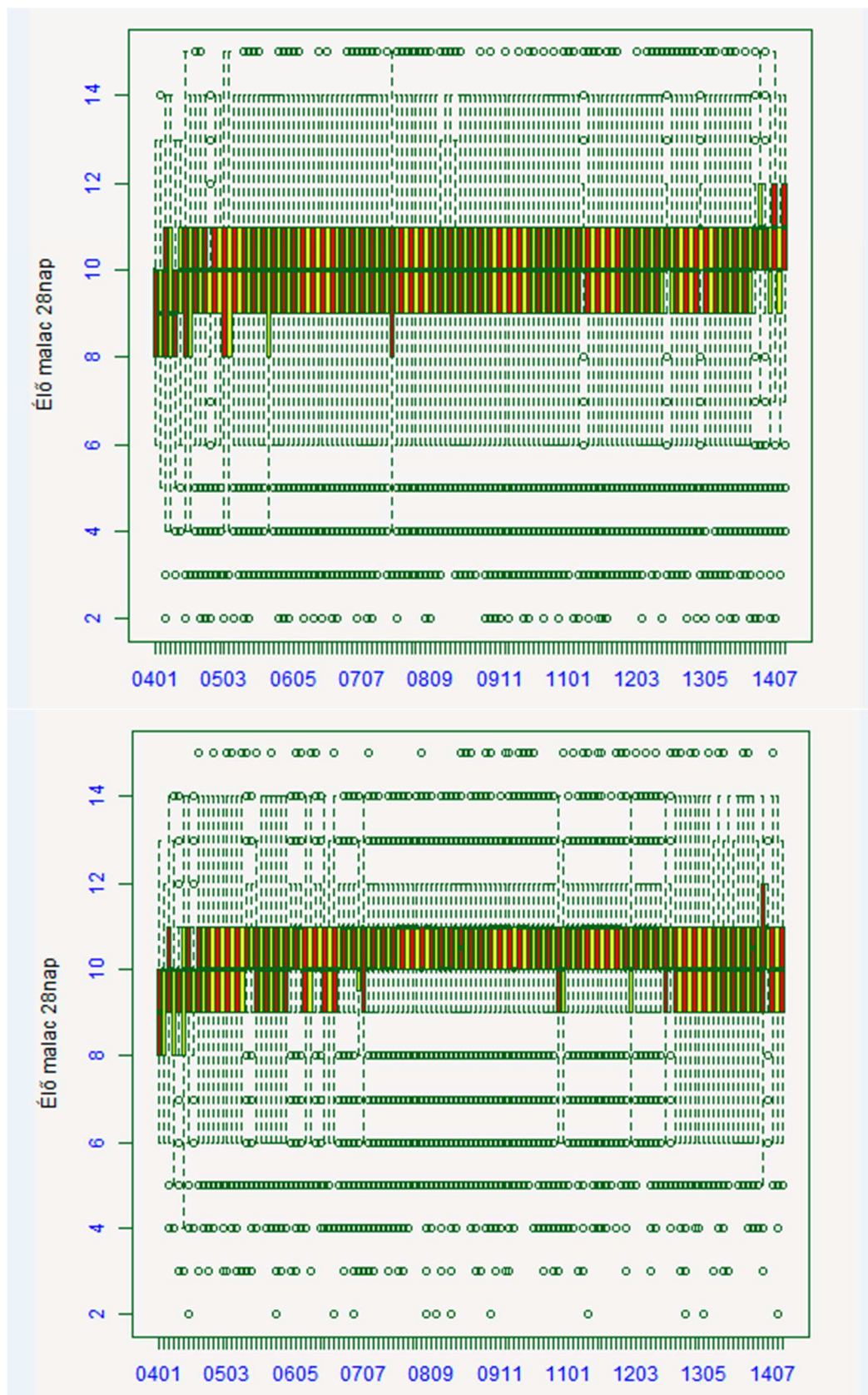
2. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák 28 napos malacsámának hisztogramja, sűrűség és eloszlásfüggvénye



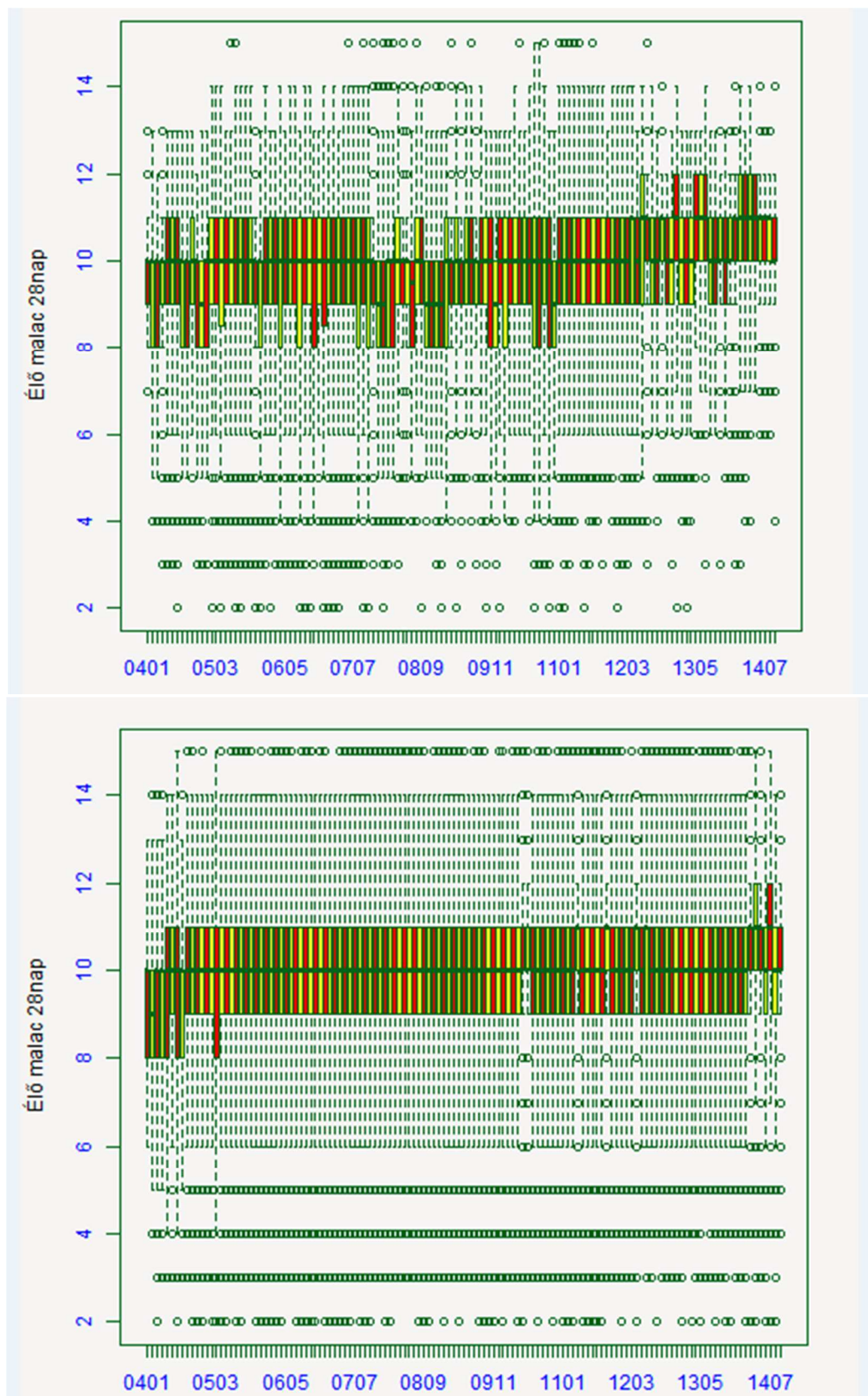
3. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák 28 napos malacsámának eloszlása, tenyészetek alapján



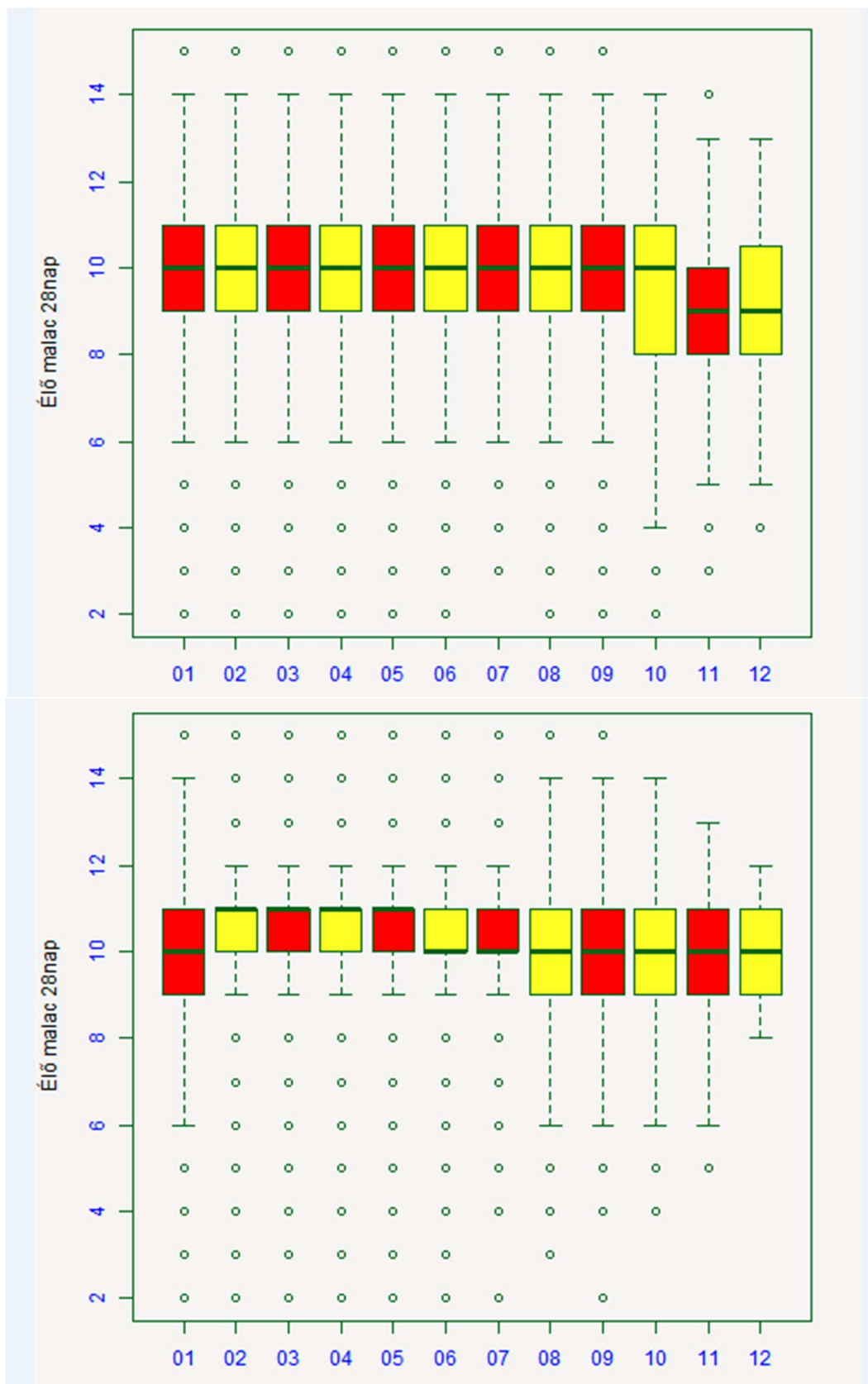
4. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák 28 napos malacsámának eloszlása, tenyészetek alapján



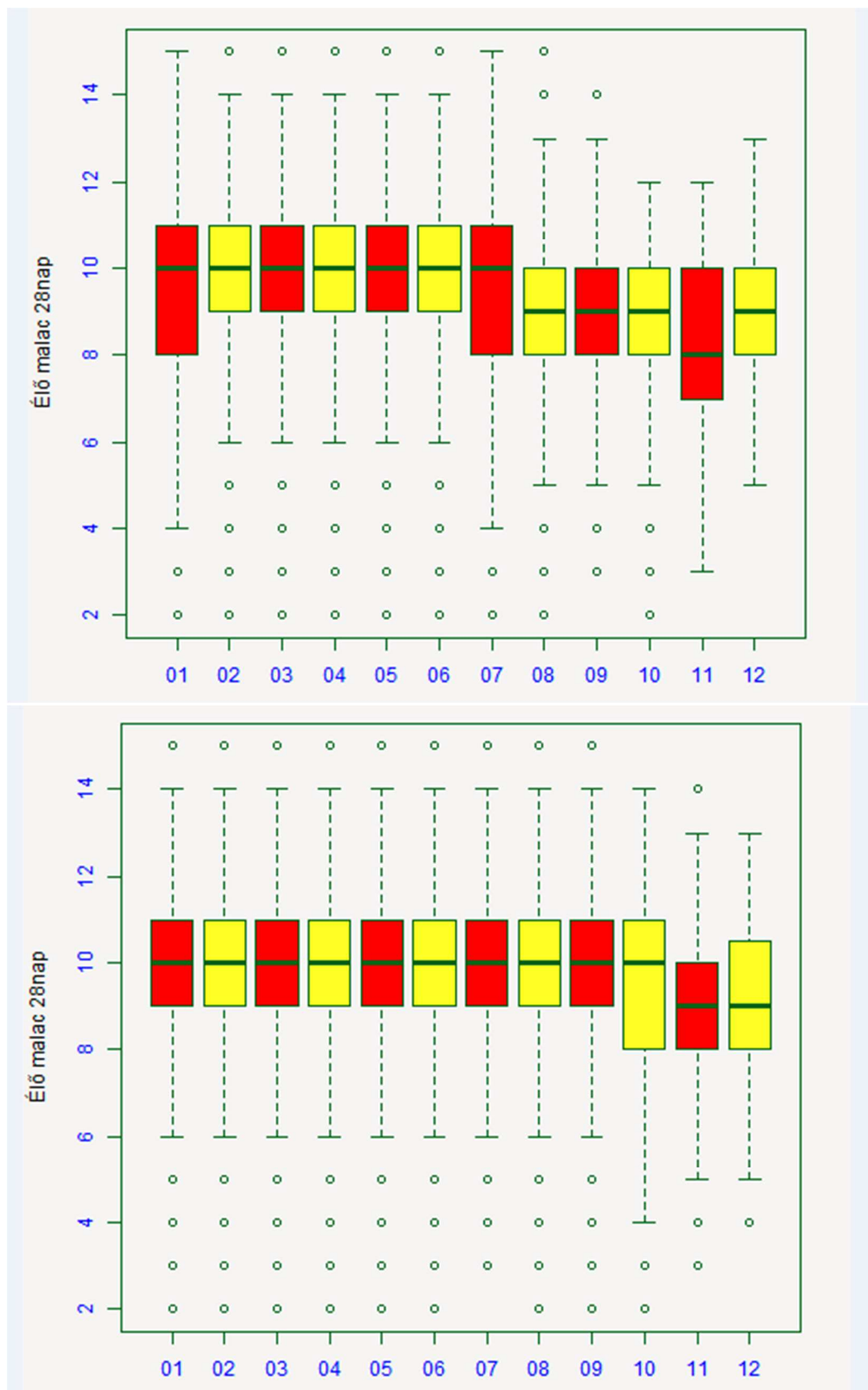
5. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák 28 napos malacsámának eloszlása, választási év-hónap alapján



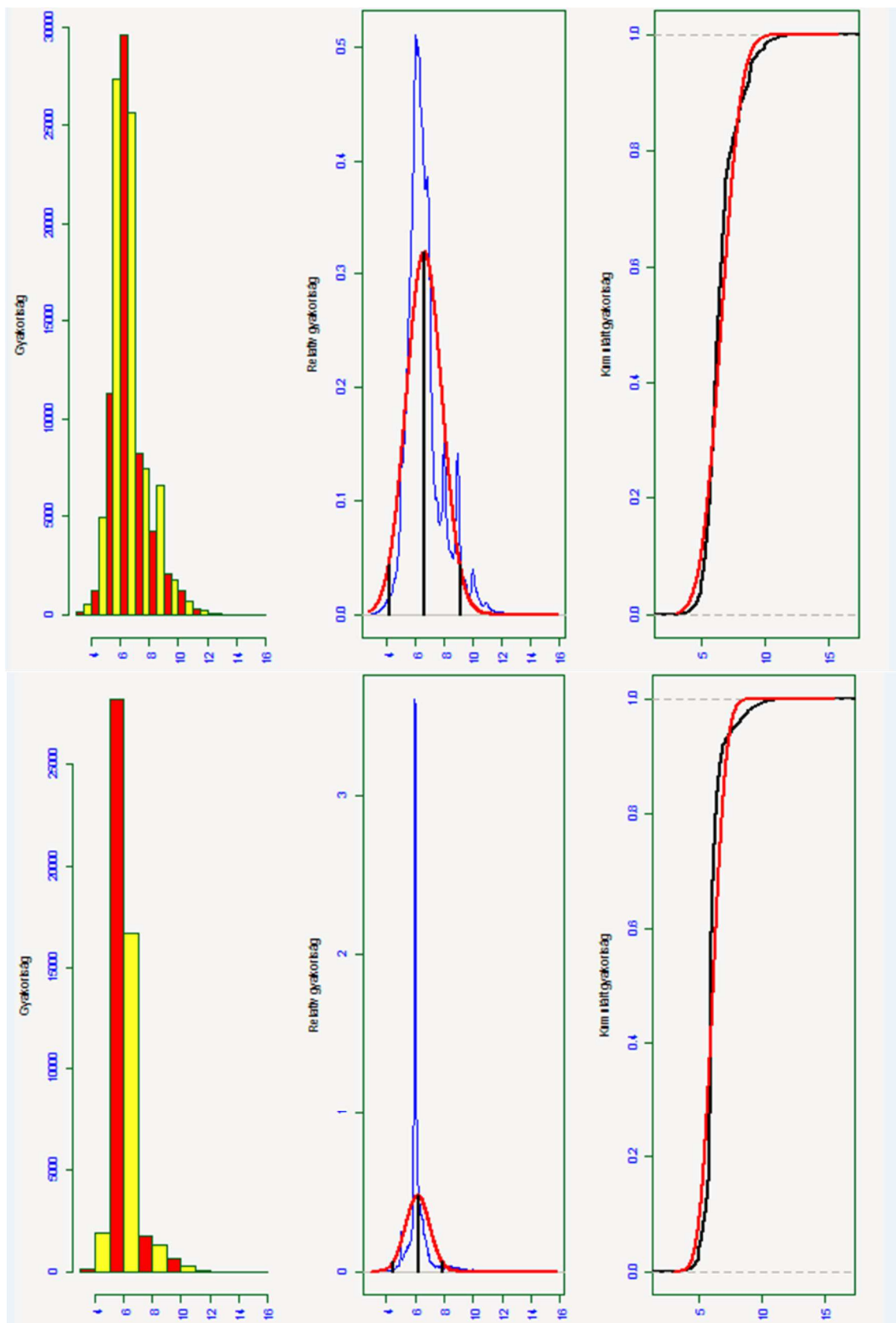
6. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák 28 napos malacsámának eloszlása, választási év-hónap alapján



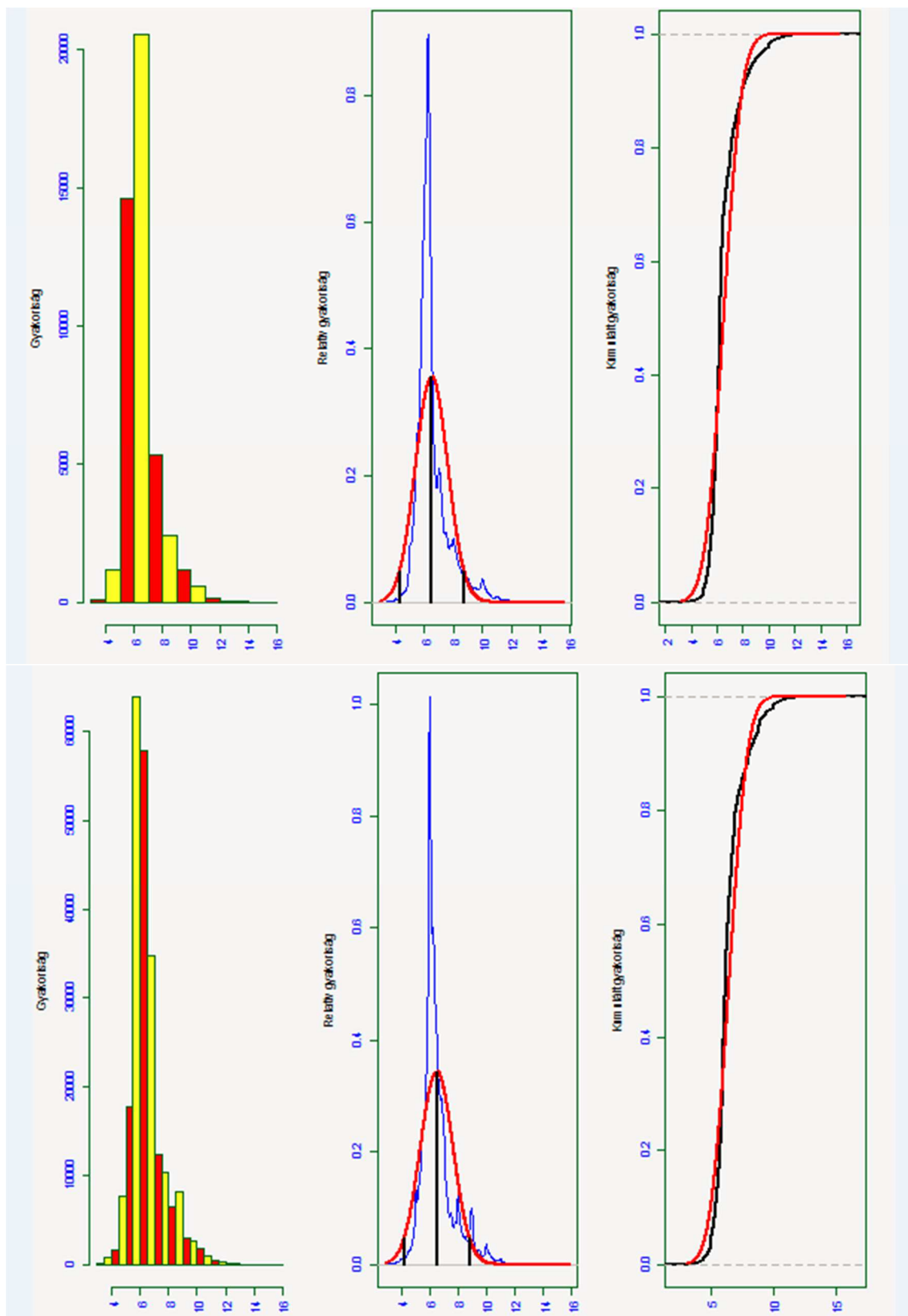
7. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák 28 napos malacszámának eloszlása, fialási sorszám alapján



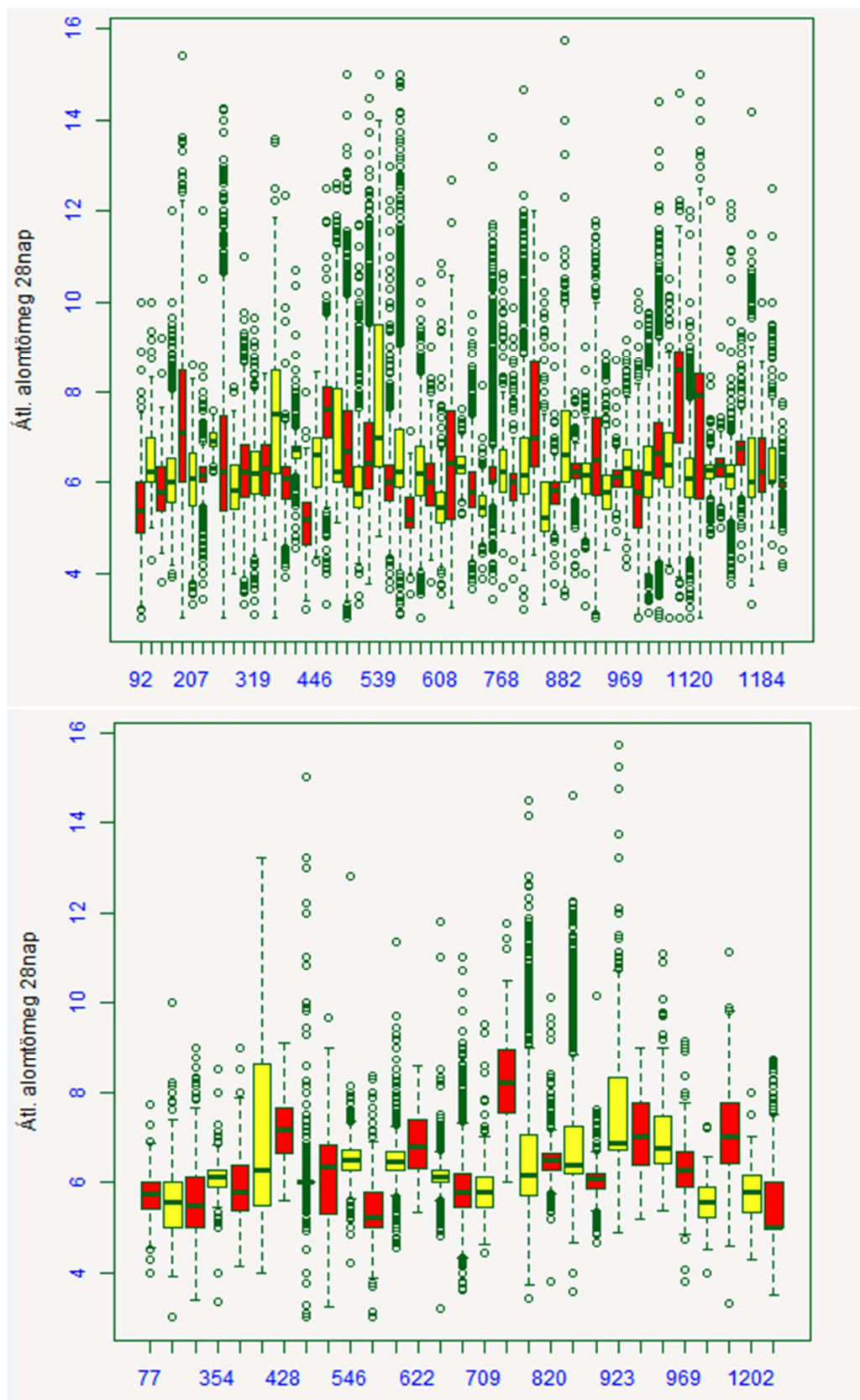
8. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák 28 napos malacsámának eloszlása, fialási sorszám alapján



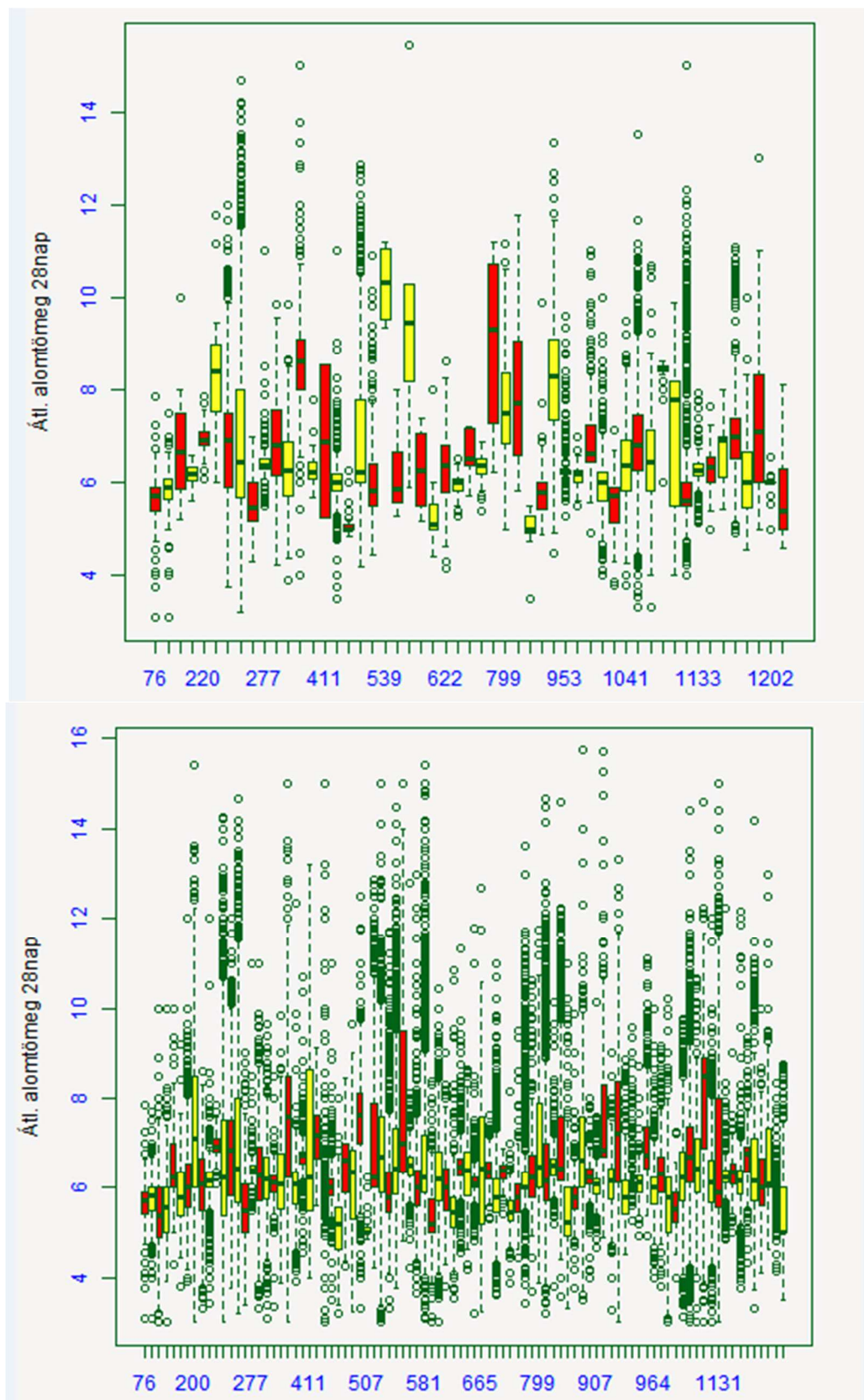
9. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák átlagos alomtömegének hisztogramja, sűrűség és eloszlásfüggvénye



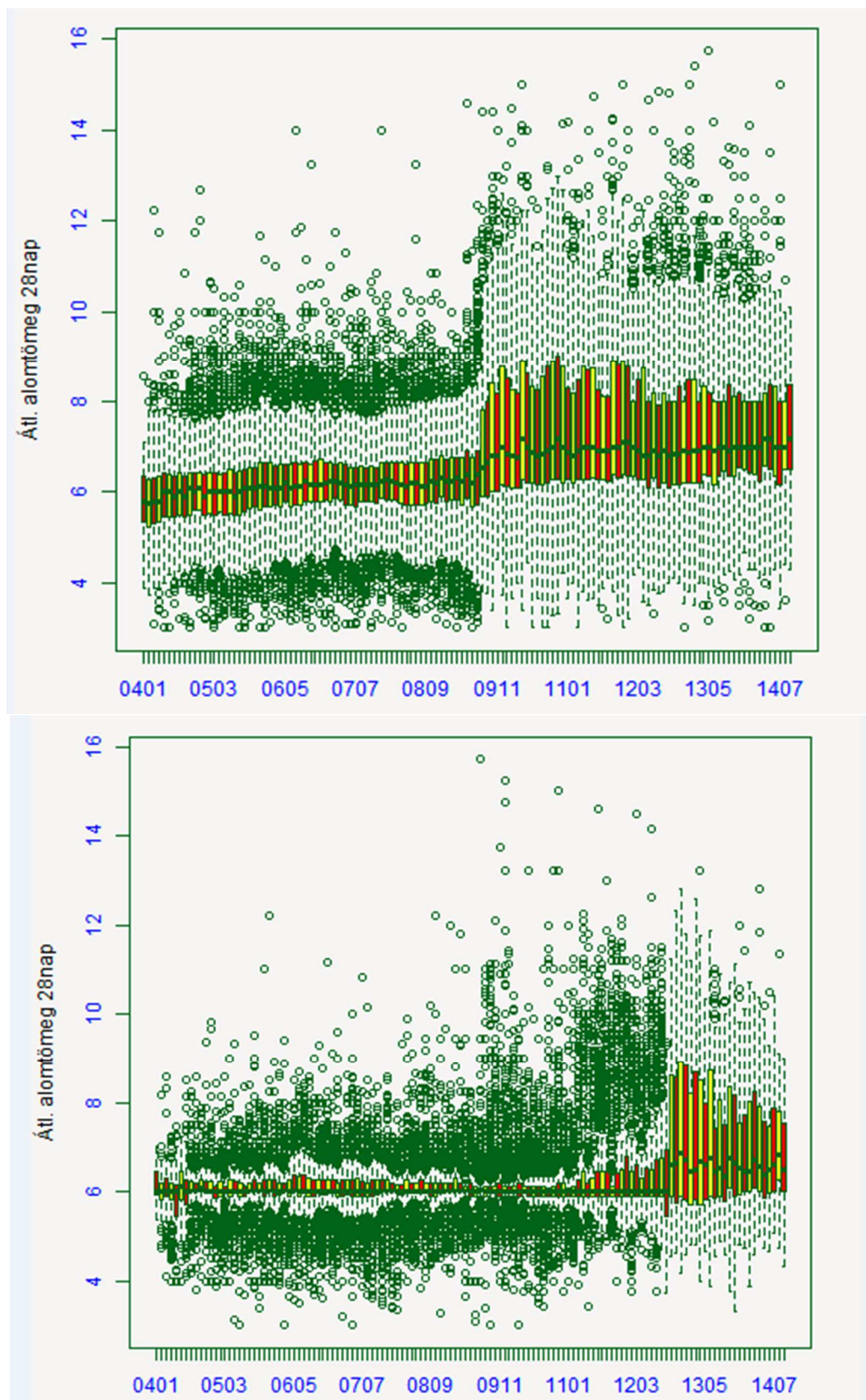
10. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák átlagos alomtömegének histogramja, sűrűség és eloszlásfüggvénye



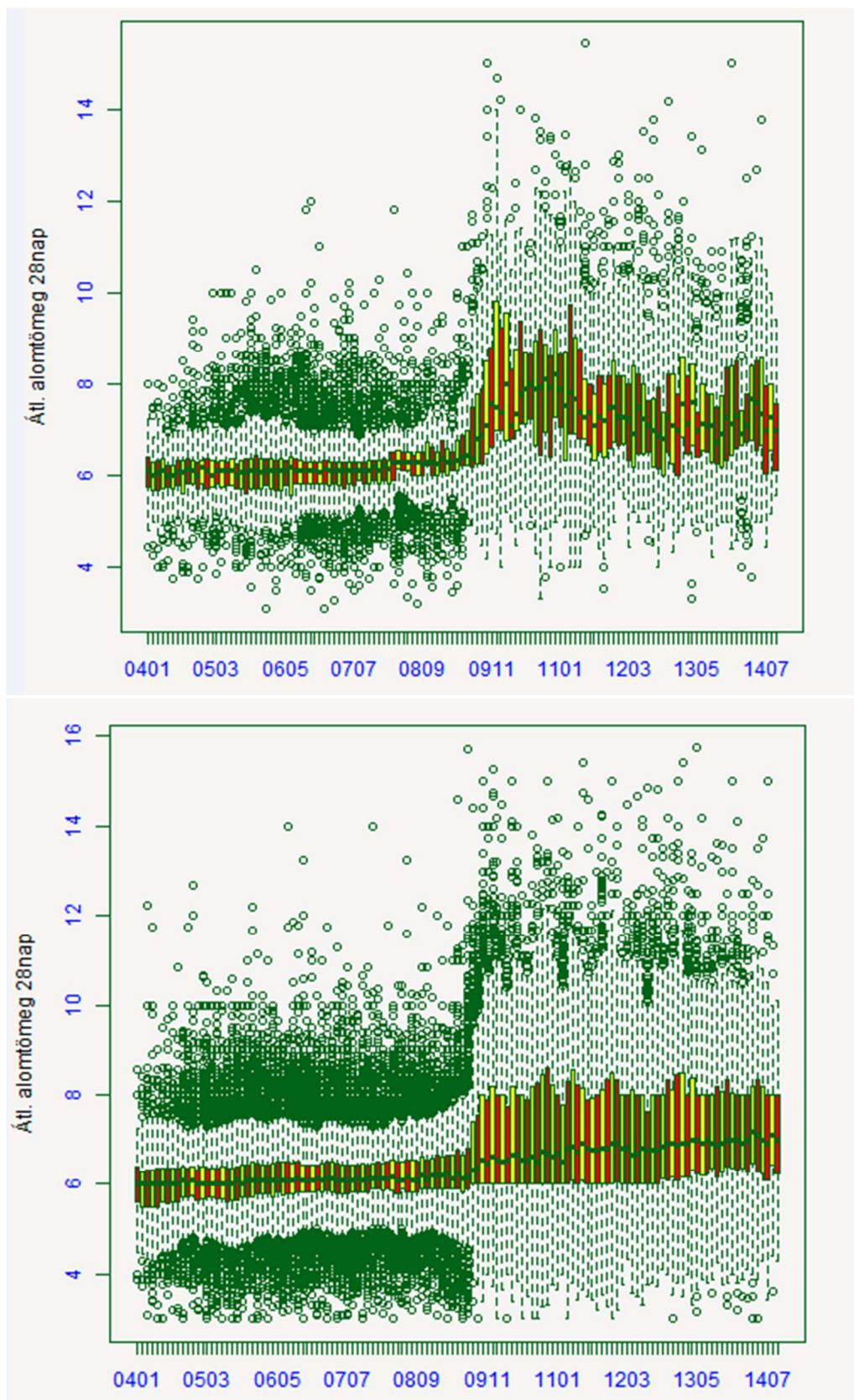
11. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysértés (alsó rész) kocák átlagos alomtömegének eloszlása, tenyészetek alapján



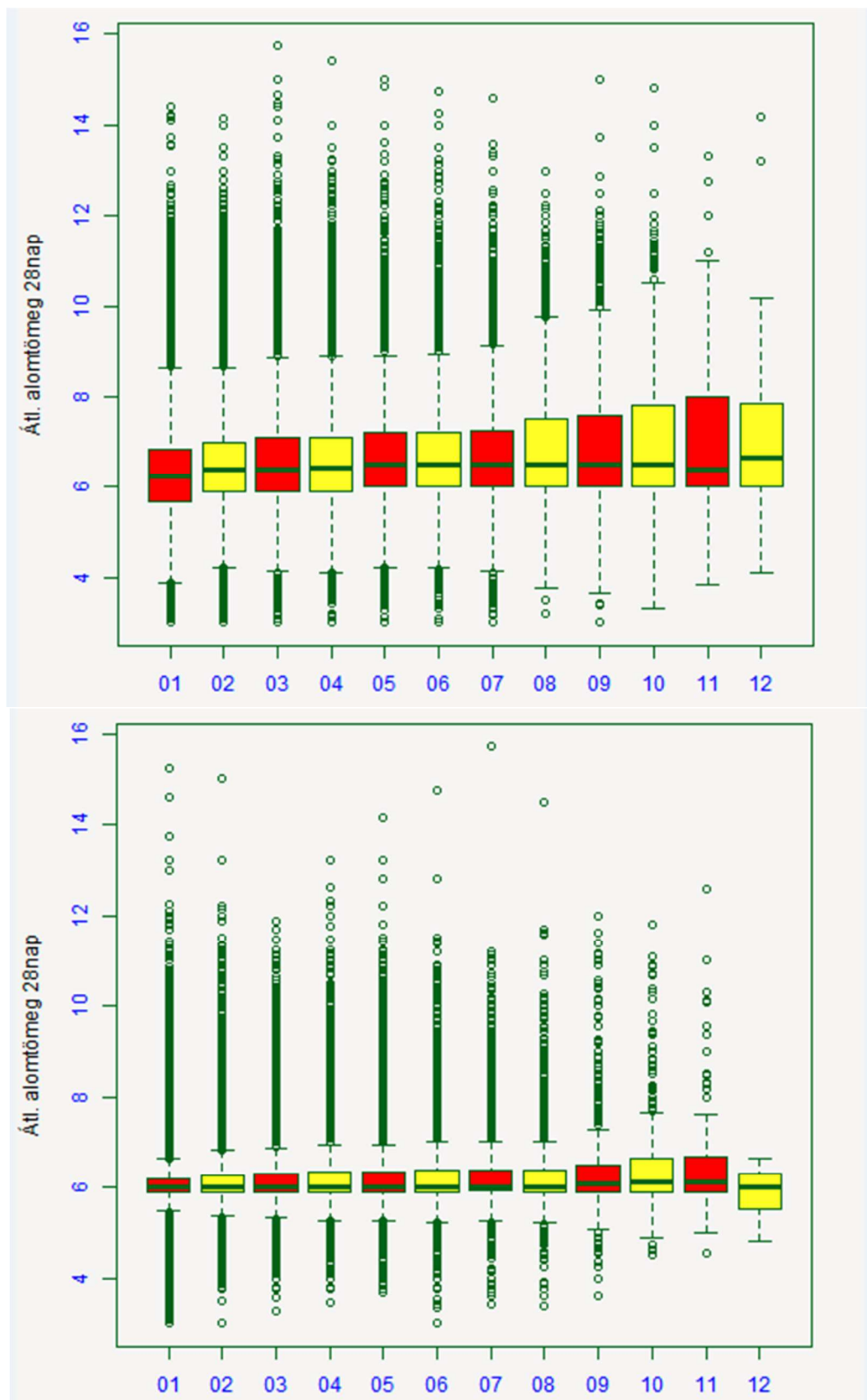
12. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák átlagos alomtömegének eloszlása, tenyészetek alapján



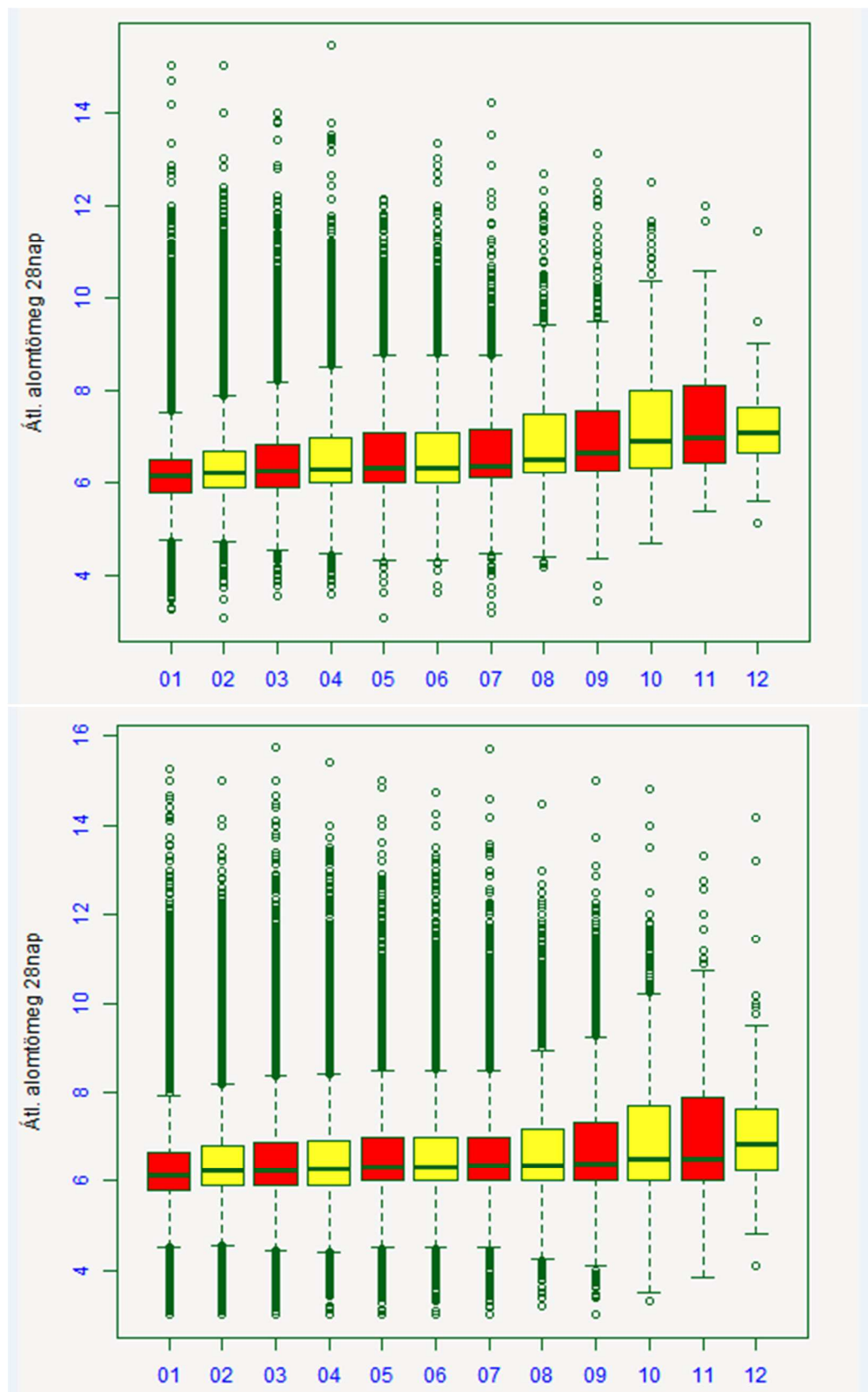
13. melléklet - Magyar nagy fehér hússertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák átlagos alomtömegének eloszlása, választási év-hónap alapján



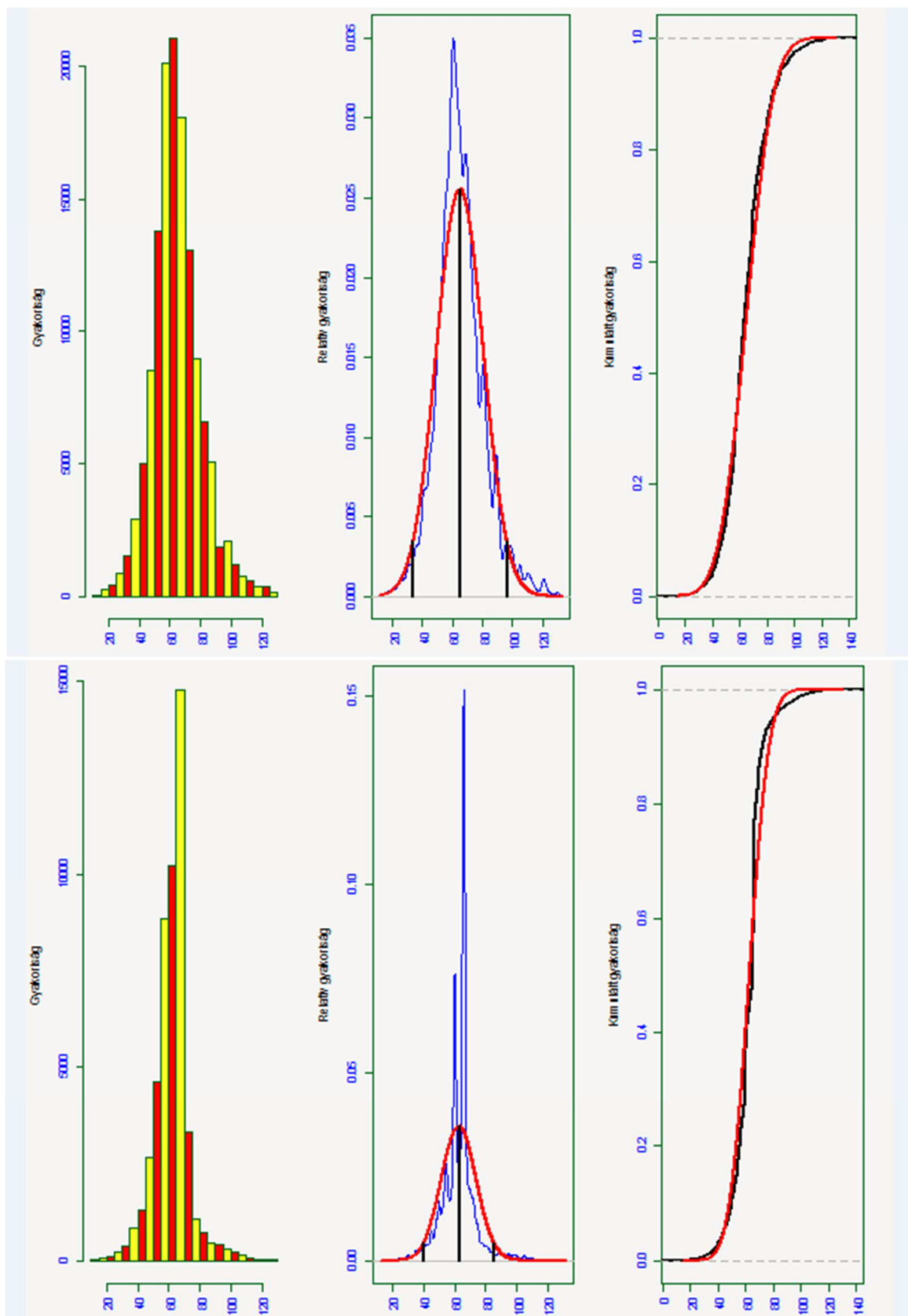
14. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) átlagos alomtömegének eloszlása, választási év-hónap alapján



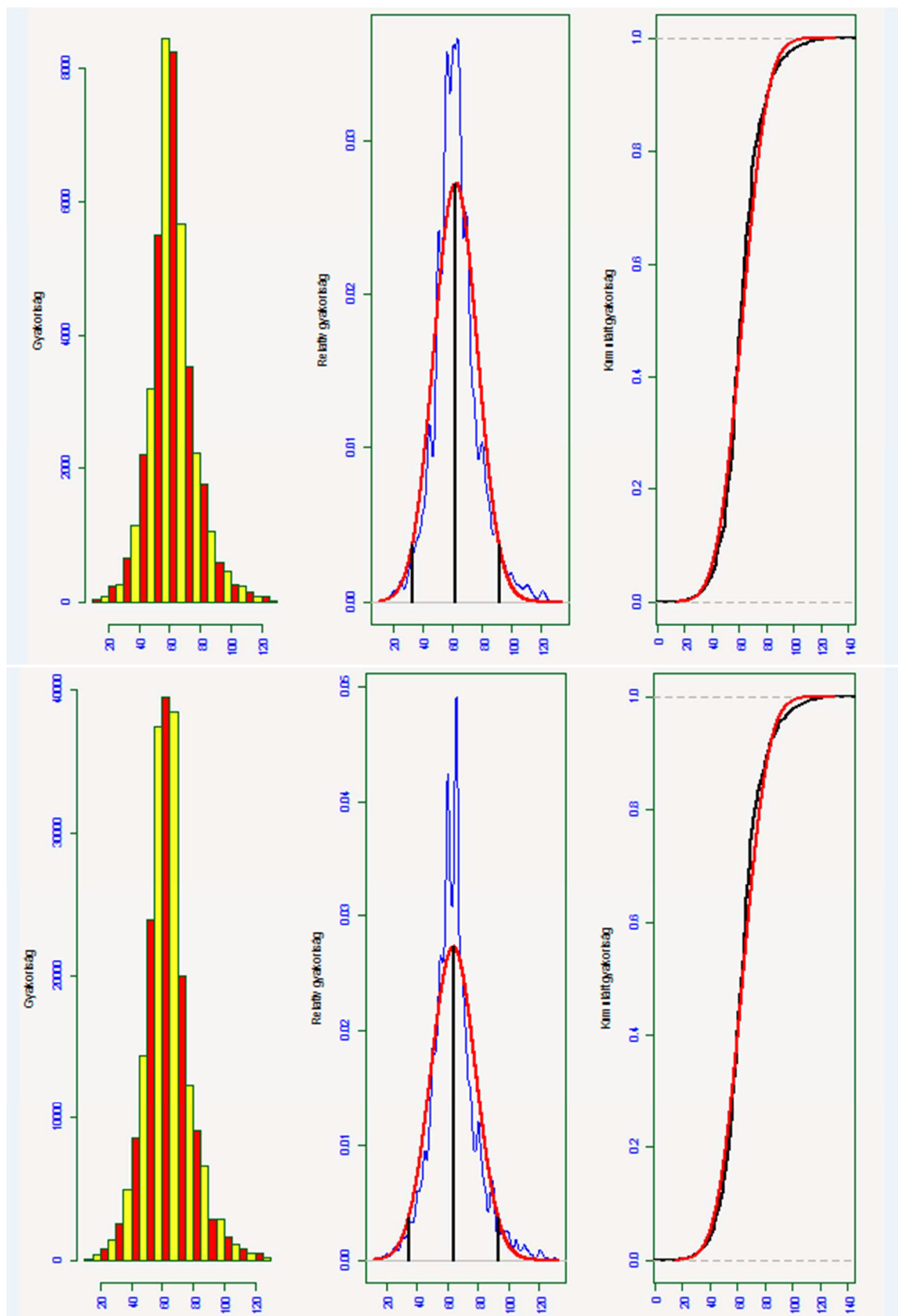
15. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák átlagos alomtömegének eloszlása, fialási sorszám alapján



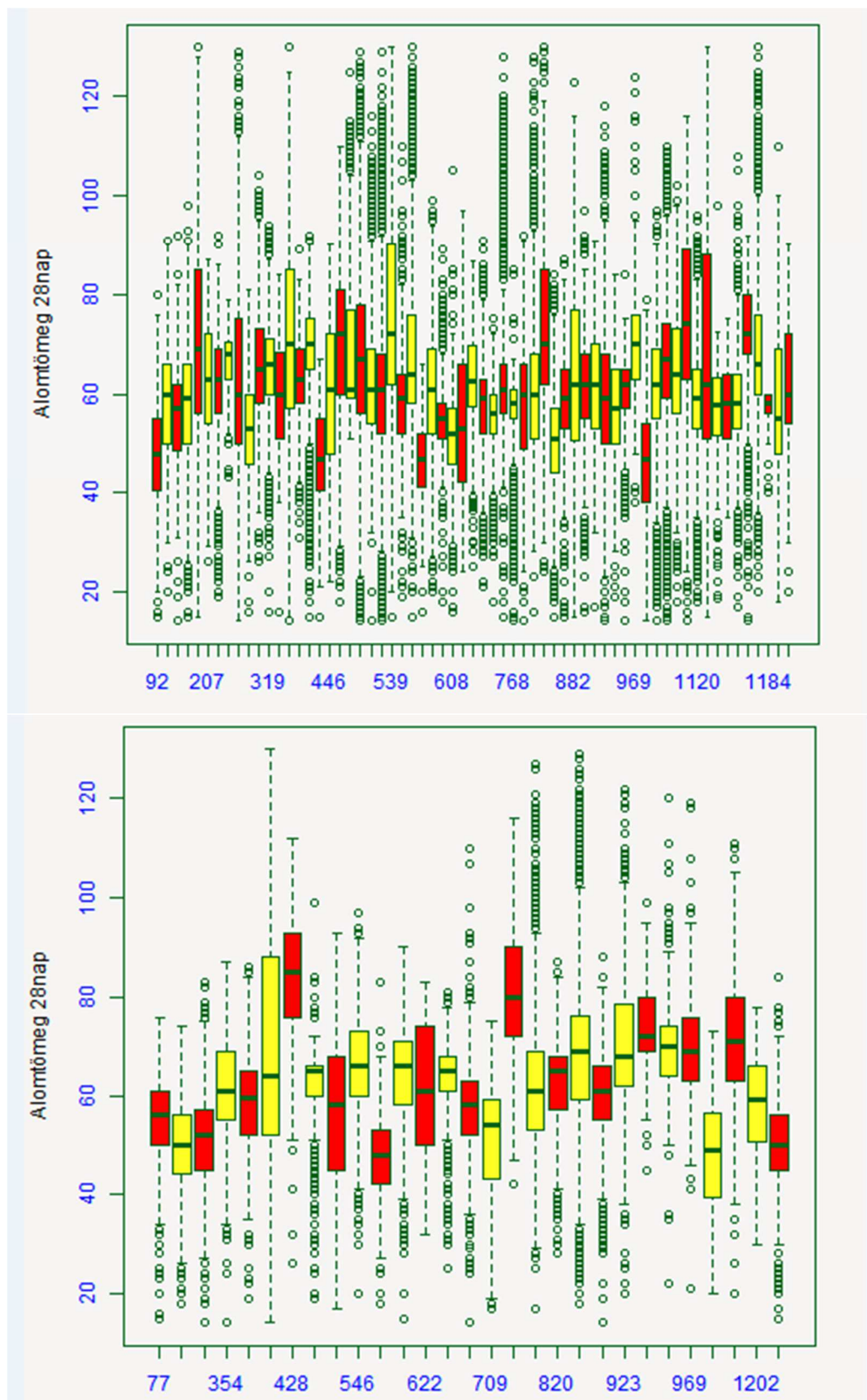
16. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák átlagos alomtömegének eloszlása, fialási sorszám alapján



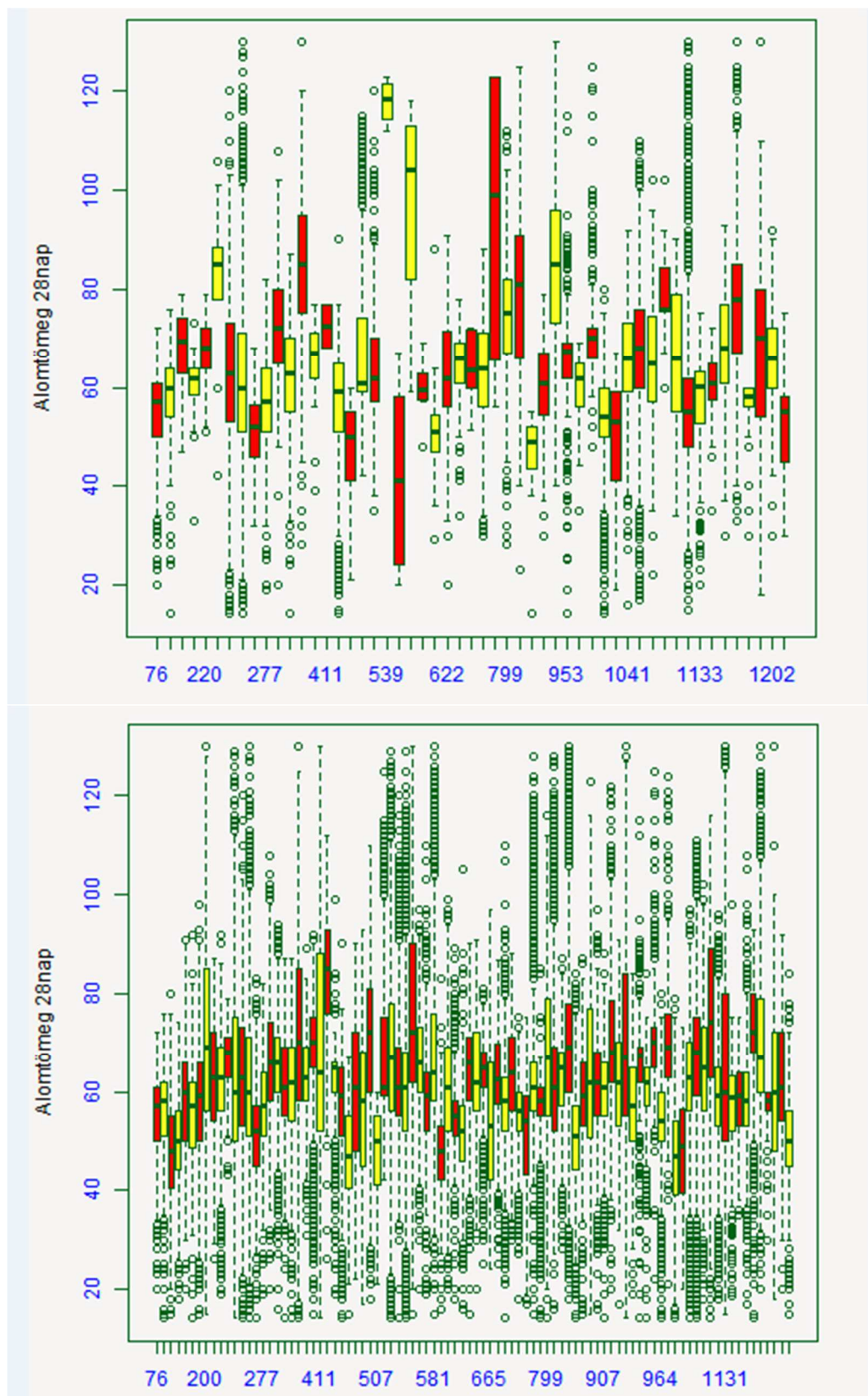
17. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák alomtömegének hisztogramja, sűrűség és eloszlásfüggvénye



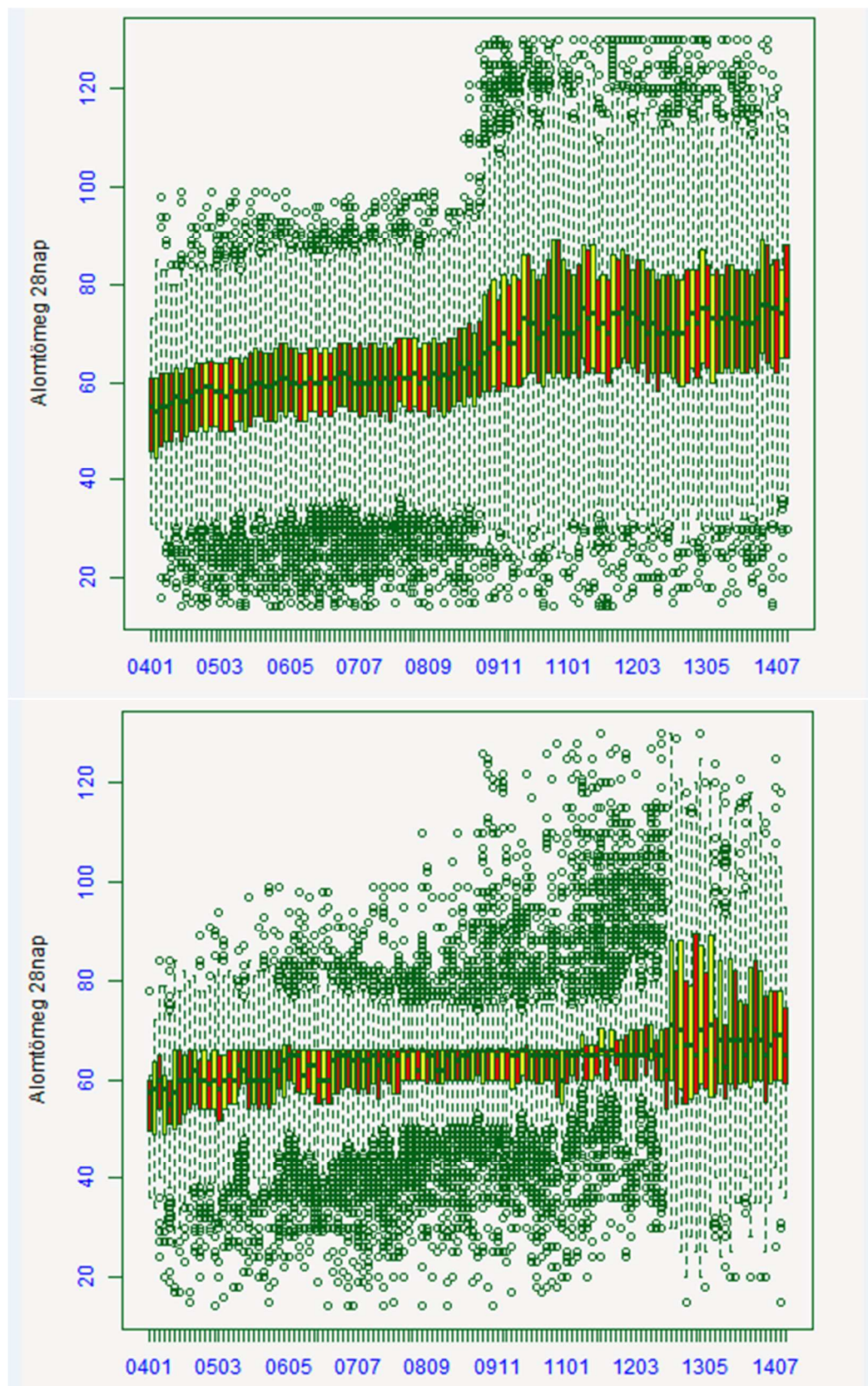
18. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák alomtömegének hisztogramja, sűrűség és eloszlásfüggvénye



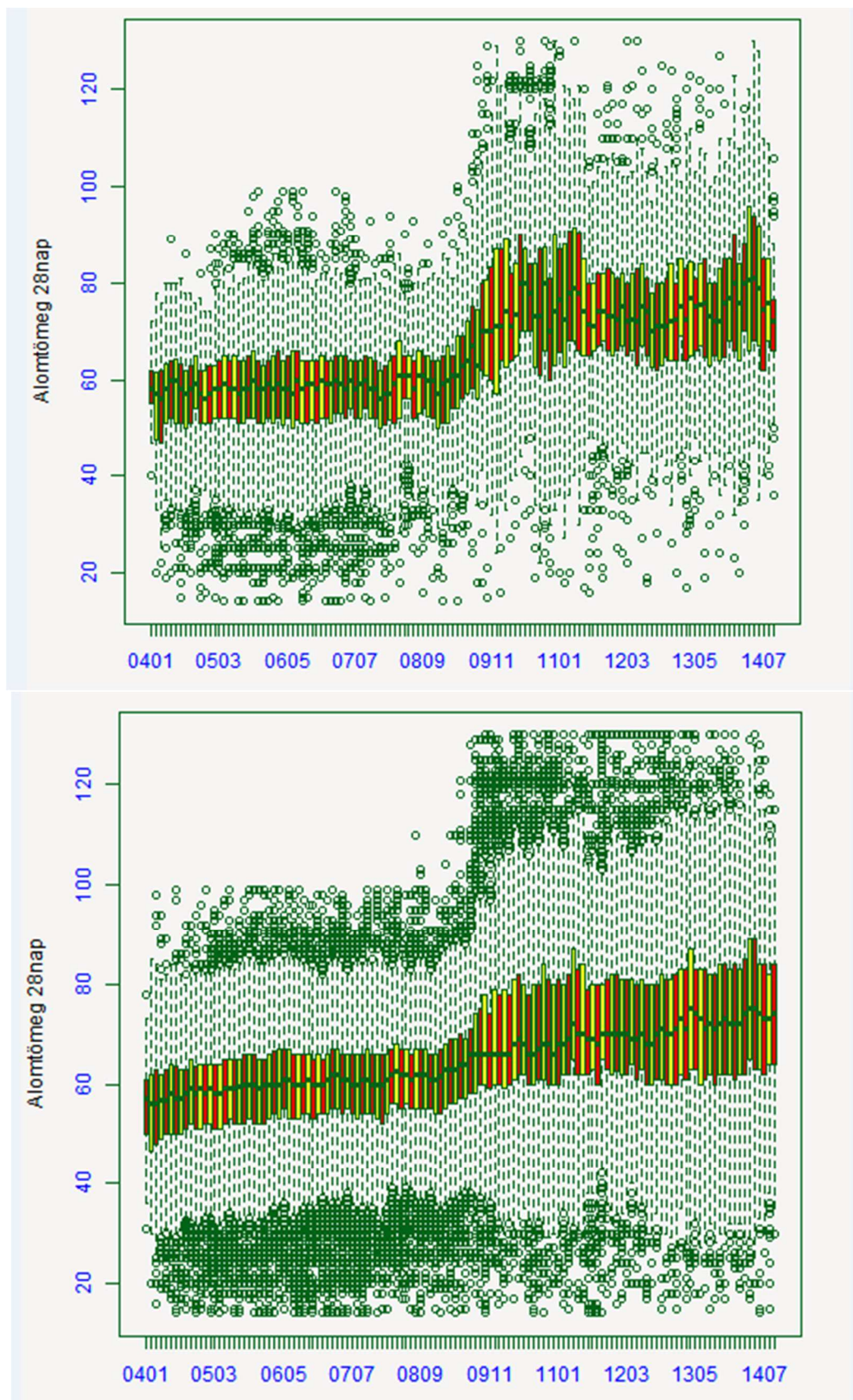
19. melléklet - Magyar nagy fehér hússertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák alomtömegének eloszlása, tenyészetek alapján



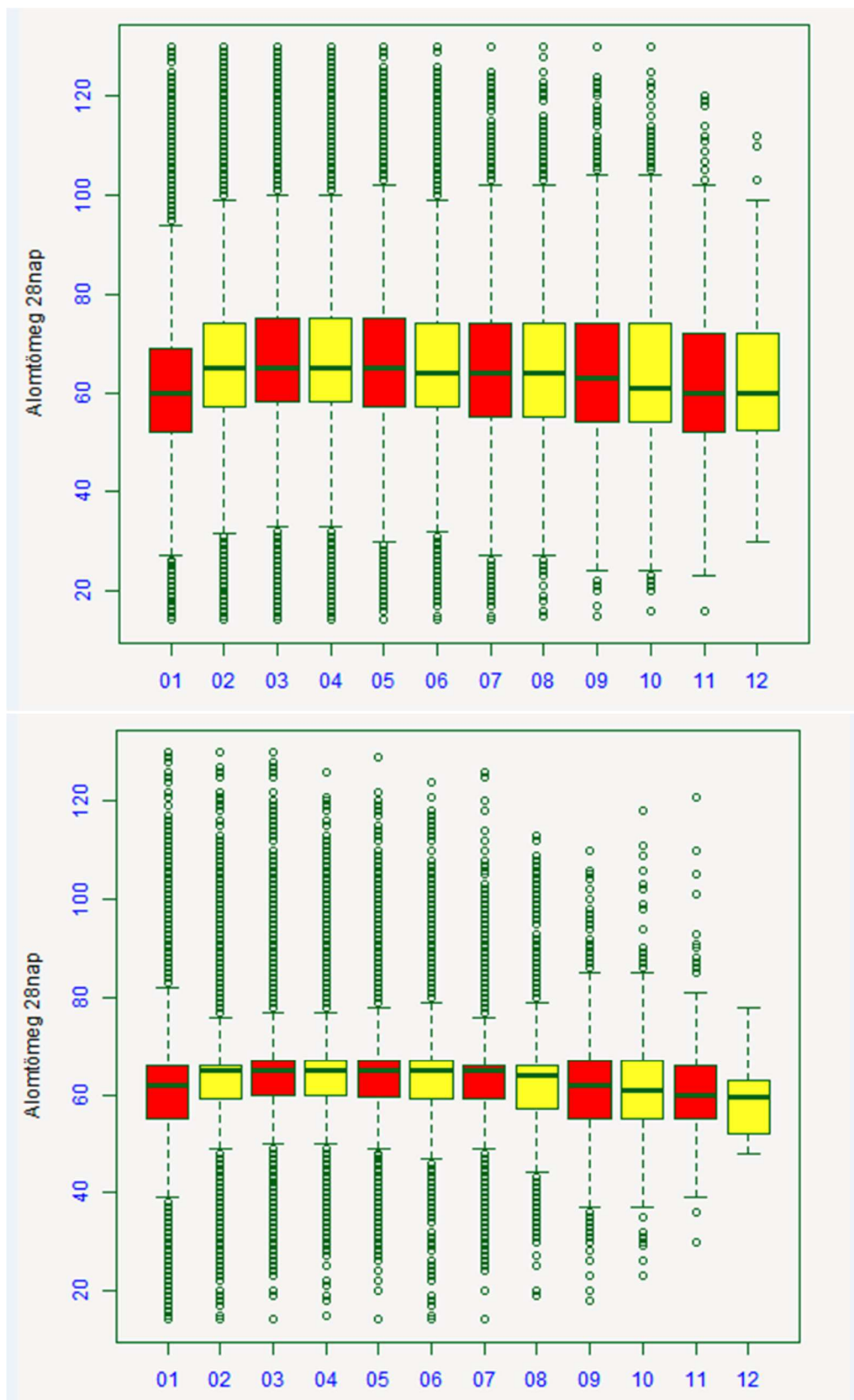
20. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák alomtömegének eloszlása, tenyészetek alapján



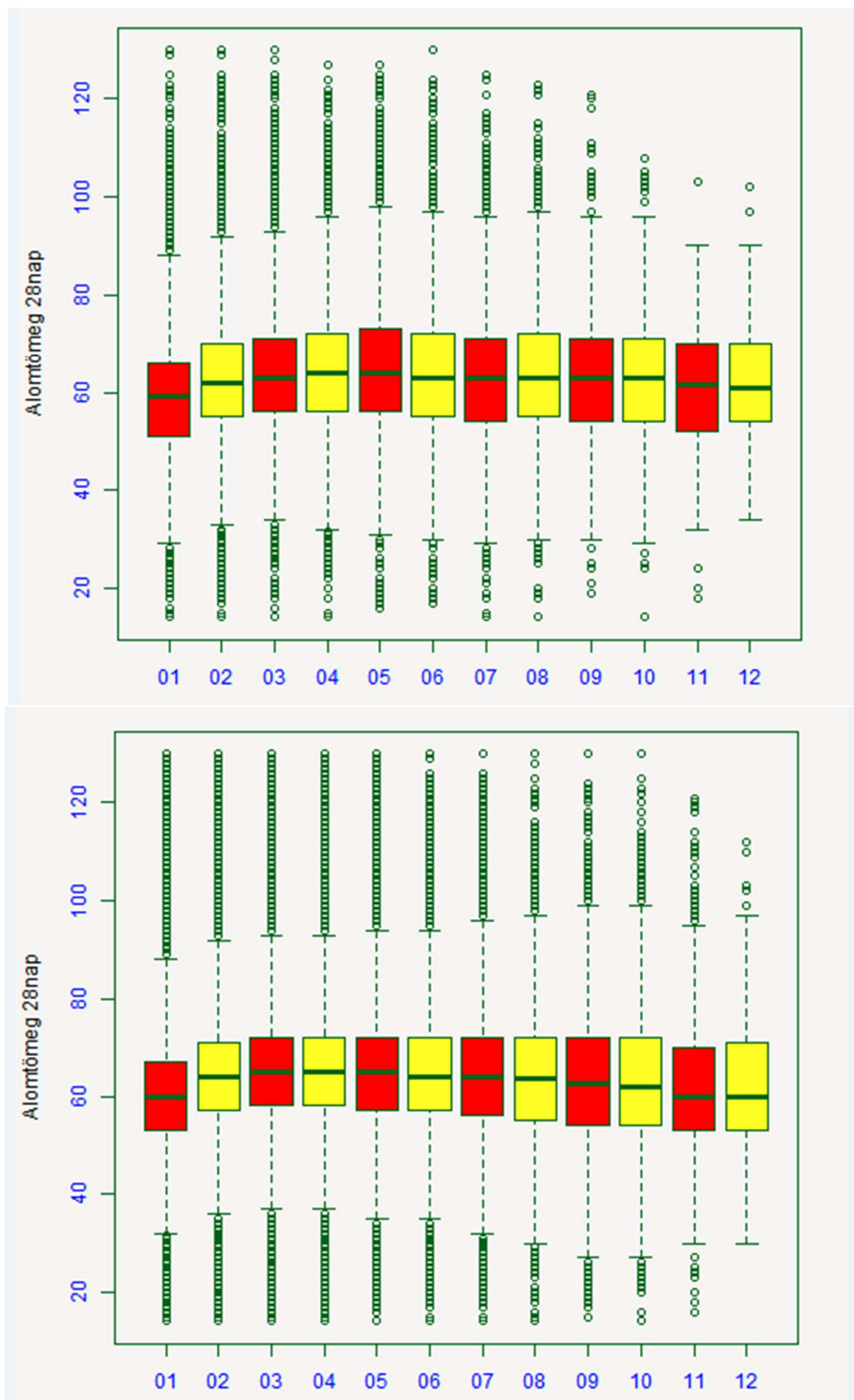
21. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák alomtömegének eloszlása, választási év-hónap alapján



22. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) alomtömegének eloszlása, választási év-hónap alapján



23. melléklet - Magyar nagy fehér húsertés (felső rész) és magyar lapálysertés (alsó rész) kocák alomtömegének eloszlása, fialási sorszám alapján



24. melléklet - F1-es (felső rész) és a vizsgált fajták és fajtakonstrukciók alapján összesített (alsó rész) kocák alomtömegének eloszlása, fialási sorszám alapján