

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

**KAPOSVÁRI EGYETEM
ÁLLATTUDOMÁNYI KAR**

Mezőgazdasági Termékfeldolgozás és Minősítés Tanszék

A doktori iskola vezetője

DR. HORN PÉTER

MTA rendes tagja

Témavezető

DR. NAGY ISTVÁN PhD

Tudományos főmunkatárs

A CT VIZSGÁLAT ALAPJÁN VÉGZETT SZELEKCIÓ GENETIKAI ELEMZÉSE HÁZINYÚLBAN

Készítette

GYOVAI PETRA

KAPOSVÁR

2011

1. A kutatás előzményei, célkitűzés

A gazdasági állatfajok szelekciója során a tenyészcél általában a szaporasági (pl. alomnagyság), a hízékonysági (pl. tömeggyarapodás) és a vágási tulajdonságok (pl. értékes húsrészek aránya) javítása.

A vágóérték genetikai javításával kapcsolatban a szakirodalomban olvasható általános megállapítások mellett nem találhatók konkrét kísérleti eredmények. Ez azt jelenti, hogy külföldön nem, vagy alig szelektálnak a vágási tulajdonságokra.

A hagyományos teljesítményvizsgálatok során a vágási értékmérőkre vonatkozóan csak testvér vagy ivadékvizsgálattal kapunk információt az értékelendő tenyészállatjelölt teljesítményére vonatkozóan. A computer röntgen tomográf (CT) eljárásnak köszönhetően a testösszetétel élő állatokon is becsülhető. A Kaposvári Egyetem Diagnosztikai és Onkoradiológiai Intézete lehetőséget nyújt a CT szelekciós célú alkalmazására, mely lehetővé teszi, hogy a Kaposvári Egyetem Pannon fehér nyúlállományán a vágási értékmérőkre élő egyedeken végezett vizsgálatok alapján végezzenek szelekciót. A CT vizsgálatok során nyert adatokat 2002-től BLUP módszerrel értékelik. Mivel a Pannon fehér állomány zárt, az intenzív BLUP szelekció az állomány beltenyésztési szintjének növekedéséhez vezethet.

Munkám célja a Kaposvári Egyetem Tan- és Kísérleti Üzemének nyúltelepén folyó tenyész kiválasztás eredményességének vizsgálata

- a CT szelekció közvetlen hatása a növekedési- és vágási tulajdonságokra
- a CT szelekció közvetett hatása a szaporasági tulajdonságokra

A tenyészkiválasztás eredményességének vizsgálatához elvégzem

- a különböző növekedési, vágási, illetve reprodukciós értékmérők genetikai paramétereinek, szelekciós haladásának becslését
- a különböző vizsgált periódusokra becsült genetikai paraméterek és tenyészértékek stabilitásának vizsgálatát

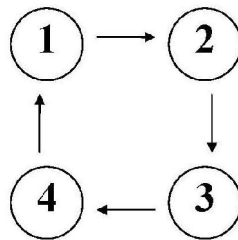
A célkitűzésekkel összefüggésben vizsgálom

- a szelekció állományszerkezetre gyakorolt hatását, továbbá
- a beltenyésztéses leromlást (az alomnagyságra, mely tulajdonságot nem vesznek figyelembe a tenyészkiválasztás során)

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatokat a Kaposvári Egyetem Tan- és Kísérleti Üzemének nyúltelepén tartott és tenyésztett Pannon fehér nyulakon végeztem.

A tenyésznnyulakat pontheesztett fémrácsból készült ketrecekben egyedileg tartották. A növendék nyulakat 35 napos kori választásukat követően zárt istállóban, pontheesztett dróthálóból készült ketrecekben csoportosan (2-3 nyúl/ketrec) helyezték el. Télen az istállókat 12-18 °C-ra fűtötték, míg nyáron – hűtési rendszer hiányában – a hőmérséklet esetenként elérhette a 28°C-ot. Mind a növendéknyulak, mind a tenyésznnyulak kereskedelmi forgalomban kapható nyúltápot fogyasztottak *ad libitum* és súlyszelepes önitatókból tetszés szerint ihattak. A '90-es évek elején, vagyis a Pannon fehér kialakításának kezdetén a fajta nemesítője olyan párosítási rendszert dolgozott ki, mellyel mérsékelhető a rokon egyedek párosítása az állományban. Az alkalmazott körkörös párosítási rendszert az 1. ábra szemlélteti.



$$1 \times 2$$

$$2 \times 3$$

$$3 \times 4$$

$$4 \times 1$$

1. ábra. A Pannon fehér fajtában alkalmazott párosítási rendszer

2.1 Pedigréanalízis

Pedigré információk és generációintervallum

A vizsgálatot az 1992. január 1. és 2007. december 31. között született nyulakon végeztem el. A pedigrében 4749 egyed szerepelt. Azokat az egyedeket, melyeknek két ismeretlen ($n=363$) ősök van, mint alapító őseket vettem figyelembe. Azoknál az egyedeknél, ahol csak az egyik szülő volt ismert (218), az ismeretlen szülőt alapító ősnek tekintettem. Így a pedigrében szereplő egyedek száma 4967-re emelkedett. Az összes ivadék esetében megállapításra került a pedigré teljessége, mely az egyed generációnként ismert őseinek aránya. A pedigrében ismert teljes generáció ekvivalensek számát az $(1/2)^n$ összegéből kapjuk, ahol „n” azon generációk száma, melyben az összes ős ismert.

A generációintervallumot kiszámoltam mind a 4 szülő-ivadék vonalon (bak – hímivarú ivadék; bak – nőivarú ivadék; anya – hímivarú ivadék; anya – nőivarú ivadék).

Átlagos rokonsági fok és beltenyésztettség

A pedigrében szereplő összes egyed esetében kiszámításra került az átlagos rokonsági fok (AR). A vizsgálat során két különböző beltenyésztési együttható került kiszámításra. Az egyik esetben az említett mérőszám a teljes pedigré információ alapján került kiszámításra (F_i), míg a másik esetben csak 4 generációnyi pedigré információt (F_{i4}) vettem figyelembe az együttható kiszámításakor.

A parciális beltenyésztési együttható (pF_i) az úgynevezett „gene dropping” módszerrel került kiszámításra (10^6 ismétlésszám). A

számításba bevontam mind az 581 alapító őst, mely hozzájárult a beltenyésztési szinthez, és lehetővé tette, hogy a „teljes” beltenyésztési együtthatót felbontsuk a 2007-es referencia populációra nézve.

Effektív populációméret

Meghatároztam a családméreték varianciájából számolt effektív populációméret (N_{efv}), a beltenyésztéses effektív populációméretet (N_{elr}) és a realizált effektív populáció méretet ($\overline{N_e}$).

Az alapító ősök effektív létszáma, a nem alapító ősök effektív létszáma és az alapító ősök genom ekvivalens értéke

Alapító ősök effektív létszáma (f_e) az utódgenerációhoz egyenlő mértékben hozzájáruló ősök száma, melyek a vizsgált populáció genetikai diverzitásával megegyező állományt hoznának létre.

Azért, hogy figyelembe lehessen venni a palacknak effektusból eredő génvesztésüket is, ami a mesterséges termékenyítés következtében alakul ki, kiszámításra került a nem alapító ősök effektív létszáma is (f_a), mely azon ősök minimális létszáma (nem feltétlenül alapító ős), amellyel magyarázható a populáció teljes genetikai diverzitása.

Az alapító ősök genom ekvivalens értéke (f_g) az utódgenerációhoz egyenlő mértékben hozzájáruló ősök száma, melyek a vizsgált populáció genetikai diverzitásával megegyező állományt hoznának létre abban az esetben, ha feltételezzük, hogy nem történik allélvesztés.

Alkalmazott szoftverek

A genetikai variabilitás és hasonlóság számítása az ENDOG szoftver 4.6-os verziójával történt. A pF_i kiszámításához a GRain 2.0 szoftvert

használtam, míg az adatrendezéshez, a leíró statisztika készítéséhez és az egyszerű statisztikákhoz a SAS program különböző eljárásait alkalmaztam.

2.2 Genetikai paraméterek és trendek

2.2.1 Átlagos napi súlygyarapodás, combizom-térfogat, hátulsó rész aránya és vágási kitermelés

A nyulak testsúlyát 5 és 10 hetes korukban mérték, melyből meghatározható az átlagos napi súlygyarapodást.

A legjobb hízekonyságot mutató egyedeket 10 hetes korban vittük CT-vizsgálatra a Kaposvári Egyetem Diagnosztikai és Onkoradiológiai Intézetébe. A vizsgálat SIEMENS SOMATOM PLUS 40 illetve SIEMENS SOMATOM Emotion 6 típusú géppel, altatás nélkül történt. A csípőlapát és a térdízület között teljes átfedéssel, 10 mm-es szeletvastagsággal 11-12 felvétel készült, amelyeken meghatároztam az izomdenzitás értékéhez tartozó pixelgyakoriságokat. Az átlagos napi súlygyarapodás és combizom-térfogat h^2 értékeinek meghatározásához a nyúltelepen 2003 és 2009 között született növendék nyulak adatait felhasználtam fel. 2004 február és 2010 január között 49 alkalommal történt CT vizsgálat.

A hátulsó rész aránya és a vágási kitermelés tulajdonságok örökölhetőségének megállapításához próbavágásokat végeztünk 2007. december és 2009. szeptember között 10 alkalommal az Olivia Kft. vágóhídján. A vágási tulajdonságok meghatározását a WRSA ajánlás alapján végeztük. A kábítás, vágás után meghatároztuk a meleg karkasz tömegét (mely magában foglalta a fejet, a májat, a veséket, a szív+tüdőt, a vese körüli- és vállövi zsírt). 24 órás hűtés (3 °C) után mértük a hűtött

karkasz tömegét. A vizsgált értékmérők átlagát és szórását a 1. táblázatban tüntettem fel.

1. táblázat. A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikái

Tulajdonság	Egyedszám	Átlag	Szórás	Relatív szórás
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)	29435	43,2	6,68	15,46
Combizom-térfogat (cm ³)	4434	336	38,9	11,58
Hátulsó rész aránya (%)	557	31,7	0,97	3,06
Vágási kitermelés (%)	557	60	1,75	2,92
Testtömeg CT vizsgálatkor (g)	4434	2612	238	9,11
Vágás előtti testtömeg (g)	557	2558	234	9,15
Meleg karkasz tömege (g)	557	1582	166	10,50
Hűtött karkasz tömege (g)	557	1528	165	10,80
Hűtött karkasz hátulsó részének tömege (g)	557	493	48	9,74

Az átlagos napi súlygyarapodás, a CT alapján becsült combizom-térfogat, a hűtött karkaszhoz viszonyított hátulsó rész aránya valamint a vágási kitermelés értékmérőkre vonatkozóan REML és BLUP módszerekkel genetikai paraméterbecslést és tenyésztértékbecslést végeztem, melyhez a PEST és VCE 5 szoftvereket használtam.

Az alkalmazott lineáris modell egyenlete:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

A modellben szereplő környezeti hatásokat és azok jellemzőit a 2. táblázatban közlöm.

2. táblázat. A vizsgált tulajdonságokat leíró modellben szereplő hatások és azok jellemzői

Környezeti hatás	Szintek száma	Hatás	Tulajdonság			
			Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)	Combizom-térfogat (cm ³)	Hátulsó rész aránya (%)	Vágási kitermelés (%)
Év-hónap	62	F	x	x	x	x
Egyed	31402	A	x	x	x	x
Alom	4407	R	x	x	x	x
Testtömeg CT vizsgálatkor	1	C	–	x	–	–
Ivar	2	F	x	x	x	x
Pixel	3	F	–	x	–	–

F: fix hatás; A: additív genetikai hatás; R: random hatás; C: kovariáló tényező

Az átlagos napi súlygyarapodás és combizom-térfogat tulajdonságokban fenotípusos és genetikai trendeket is becsültem. A fenotípusos trendek becslése során az azonos évben született egyedek mérési eredményeit, a genetikai trendek becslésénél pedig azok tenyésztértékeit átlagoltam, majd az átlagokat lineárisan illesztettem a születési évekre. A genetikai trend becslésénél is csak azon egyedek tenyésztértékeit használtam fel, melyek mérési eredménnyel rendelkeznek az adott tulajdonságra nézve. A trendek becsléséhez a SAS szoftvert használtam.

2.2.2 21 napos alomsúly

A 21 napos alomsúlyra vonatkozó 1992 óta folyamatos és kitartó adatgyűjtés tette számomra lehetővé, hogy megbecsüljem az említett tulajdonság örökölhetőségét és vizsgáljam, hogy az átlagos napi

súlygyarapodásra és combizom-térfogatra folytatott szelekció milyen hatással van az anyák nevelőképességére, vagyis a 21 napos alomsúlyra. A vizsgálat során az első 4 fialást külön értékeltem. Az adatokat leíró statisztikákat a 3. táblázatban mutatom be.

3. táblázat. A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikái

Fialási sorszám	Egyedszám	Átlag	Szórás	Relatív szórás
21 napos alomlétszám				
1	3143	6,97	1,68	24,10
2	2588	7,59	1,54	20,29
3	2161	7,57	1,57	20,74
4	1746	7,55	1,55	20,53
21 napos alomsúly (kg)				
1	3143	2,22	0,55	24,77
2	2588	2,69	0,63	23,42
3	2161	2,77	0,66	23,83
4	1746	2,77	0,67	24,19
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)				
1	6462	45,53	6,14	13,49
2	6020	45,79	6,06	13,23
3	5600	45,99	6,04	13,13
4	5251	46,27	5,92	12,79
Testtömeg CT vizsgálatkor (kg)				
1-4	3878	2,62	0,24	9,16
Combizom-térfogat (cm ³)				
1-4	3878	338	38,67	11,44

A 21 napos alomsúly genetikai paramétereinek becsléséhez és a tenyésztékek megállapításához használt módszerek és szoftverek valamint az alkalmazott egyedmodell szerkezete megegyezik a 2.2.1. fejezetben leírtakkal. A modellben szereplő környezeti hatásokat és azok jellemzőit a 4. táblázatban közlöm.

4. táblázat. A vizsgált tulajdonságot leíró modellben szereplő környezeti hatások és jellemzőik

Környezeti hatás	A hatás típusa	Fialási sorszám	Szintek száma	Tulajdonság		
				21 napos alomsúly (kg)	Combizom -térfogat (cm ³)	Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)
21 napos alomlétszám	C	1-4	1	x	–	–
Év-hónap	F	1	188	x	–	–
		2	195			
		3	193			
		4	184			
Egyed	A	1-4	9772	x	x	x
Alom	R	1	3732	x	x	x
		2	3515			
		3	3240			
		4	2981			
Testtömeg CT-vizsgálatkor	C	1-4	1	–	x	–
Ivar	F	1-4	2	–	x	x
CT-vizsgálat év-hónap	F	1-4	48	–	x	x
Pixel	F	1-4	3	–	x	–

C: kovariáló tényező; F: fix hatás; A: additív genetikai hatás; R: random hatás

A fenotípusos és genetikai trendek számítása is megegyezik a 2.2.1. fejezetben közöltekkel.

2.2.3 Élve és holtan született fiókák száma

A vizsgálatban 1992 és 2009 között született 3883 anyanyúl 18398 fialási adatait elemeztem. A pedigrében összesen 4804 egyed szerepelt. A holtellések esetében 4487 rekordnál tapasztaltam nagyobb értéket, mint 0 (24%). Az tulajdonságok leíró statisztikái a 8. táblázatban láthatók.

A vizsgálatban 1992 és 2009 között született 4804 anya fialási adatait vizsgáltam, melyek 3883 alomból származtak. Az adatok leíró statisztikái az 5. táblázatban láthatók.

5. táblázat. A vizsgált tulajdonságok leíró statisztikái

Tulajdonság	Fialások száma	Átlag	Szórás	Relatív szórás
Élve született fiókák száma	18398	8,09	3,34	41,29
Holtan született fiókák száma	18398	0,63	1,58	250,79

A genetikai paraméterek becsléséhez és a tenyésztékek megállapításához REML és BLUP módszereket használtam.

Az élve és holtan született fiókák száma tulajdonságok genetikai paramétereinek megállapítására ismételtetőségi egyedmodellt használtam, ahol az egyes fialásokat mint ismételt tulajdonságot vettem figyelembe. A fialások nem egyenletes eloszlása miatt az egyes fialási sorszámok összevonásával csoportokat képeztem (1, 2, 3-10, 11-). Az alkalmazott lineáris modell egyenlete:

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

A modellben szereplő környezeti hatásokat és azok jellemzőit a 6. táblázatban közlöm.

6. táblázat. A vizsgált tulajdonságot leíró modellben szereplő környezeti hatások és jellemzőik

Környezeti hatás	A hatás típusa	Szintek száma	Tulajdonság	
			Élve született fiókák száma	Holtan született fiókák száma
Fialási sorszám ¹	F	4	x	x
Fialási év-hónap	F	196	x	x
Az anya beltenyésztési együttthatója	C	1	x	x
Az anya pedigrelteljessége	C	1	x	x
Az alom beltenyésztési együttthatója	C	1	x	x
Az alom pedigrelteljessége	C	1	x	x
Egyed	A	4804	x	x
Anya	R	3883	x	x

¹: 1. fialás, 2. fialás, 3-10. fialás, 10 fölötti fialási sorszám;

F: fix hatás; C: kovariáló tényező; A: additív genetikai hatás; R: random hatás

Az élve és holtan született fiókák száma tulajdonságokra vonatkozó fenotípusos és genetikai trendeket a 2.2.1. fejezetben leírtak szerint becsültem.

2.2.4 Beltenyésztés okozta leromlás

Mivel az élve és holtan született fiókák számára nem történik szelekció az állományban, ezért választottam ezeket a tulajdonságokat a beltenyésztés okozta leromlás becsléséhez.

Az adatok leíró statisztikái az 2.2.3. fejezet 5. táblázatban láthatók. A beltenyésztési leromlások megállapítására egyedmodellt használtam, melynek egyenlete:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

A vizsgált tulajdonságot leíró egyedmodellben szereplő környezeti hatásokat és azok jellemzői a 2.2.3. fejezet 6. táblázatában láthatók. A 2009-ben született anyáktól még nagyon kevés fialási adat állt rendelkezésemre, ezért a vizsgálati periódus utolsó két évét (2008, 2009) együtt értékeltem a beltenyésztési együtthatók és a pedigrelteljességek számítása során.

2.3 Genetikai paraméterek és tenyésztékek stabilitása

Ebben a vizsgálatban 47242 Pannon fehér nyúl adatát elemeztem, melyek 7470 alomból származtak, és 2000 és 2008 között születtek. A vizsgálatban résztvevő nyulak 590 baktól és 1849 anyától származtak. A pedigrében összesen 49130 egyed szerepelt. Az adatbázist 5 éves periódusokra osztottam fel (2000-2004, 2001-2005, 2002-2006, 2003-2007 és 2004-2008), melyeket külön elemeztem. Az adatbázis és a részadatbázisok leíró statisztikái a 7. táblázatban láthatók.

7. táblázat. Az átlagos napi súlygyarapodás leíró statisztikái

Tulajdonság	A vizsgált periódus	Mérések száma	Átlag	Szórás	Relatív szórás
Testsúly 5 hetes korban (kg)	2000-2008	47242	0,88	0,17	19,32
Testsúly 10 hetes korban (kg)	2000-2008	47242	2,37	0,29	12,24
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)	2000-2008	47242	42,5	6,35	14,94
	2000-2004	28305	41,7	6,22	14,92
	2001-2005	30585	42,2	6,13	14,53
	2002-2006	29021	42,3	6,26	14,80
	2003-2007	27873	42,8	6,34	14,81
	2004-2008	25132	43,2	6,47	14,98

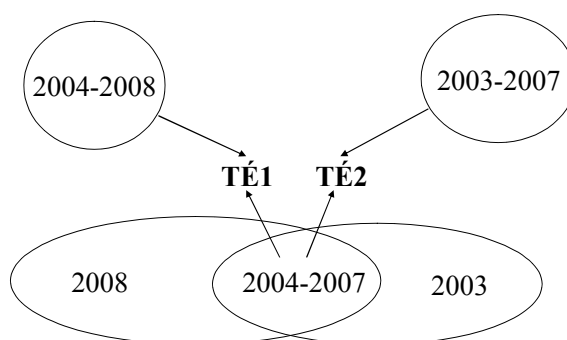
Az átlagos napi súlygyarapodásra vonatkozó genetikai paramétereket és tenyésztértékeket REML és BLUP módszerekkel becsültem. A vizsgált tulajdonságot leíró egyedmodellben szereplő környezeti hatásokat és jellemzőiket a 8. táblázatban tüntettem fel.

8. táblázat. A vizsgált tulajdonságot leíró modellben szereplő környezeti hatások és jellemzőik

Környezeti hatás	A hatás típusa	Periódusok					
		2000-2008	2000-2004	2001-2005	2002-2006	2003-2007	2004-2008
Ivar	F	2	2	2	2	2	2
Év-hónap	F	102	60	59	58	58	55
Egyed	A	49130	30063	32345	30816	29609	27081
Alom	R	7470	4676	4870	4558	4235	3775

A tenyésztértékbecslés (TÉ1) után a legutolsó részadatbázist (2004-2008) a többi részadatbázishoz illesztettem (2003-2007, 2002-2006, 2001-2005)

és 2000-2004) (közös rekordok). Az összefűzött adatbázisban csak azok a rekordok maradtak, melyek a legutolsó (2004-2008) és a többi részadatbázisban is szerepeltek. Az összefűzött adatbázisban minden nyúlnek két tenyésztési értéke (TÉ1, TÉ2) van az átlagos napi súlygyarapodásra vonatkozóan, melyek két különböző 5 éves perióduson alapulnak. A 2004-2008 és a 2003-2007 periódusok esetében az összefűzött adatbázis a 2004 és 2007 között született nyulak adatait tartalmazza melyeknek két tenyésztési értéke van (2. ábra). A legutolsó részadatbázis (2004-2008) és az aktuális részadatbázis alapján (5 éves periódusonként) számolt tenyésztési értékek között (TÉ1, TÉ2) Spearman-féle rangkorrelációt számoltam a SAS szoftvercsomag segítségével.



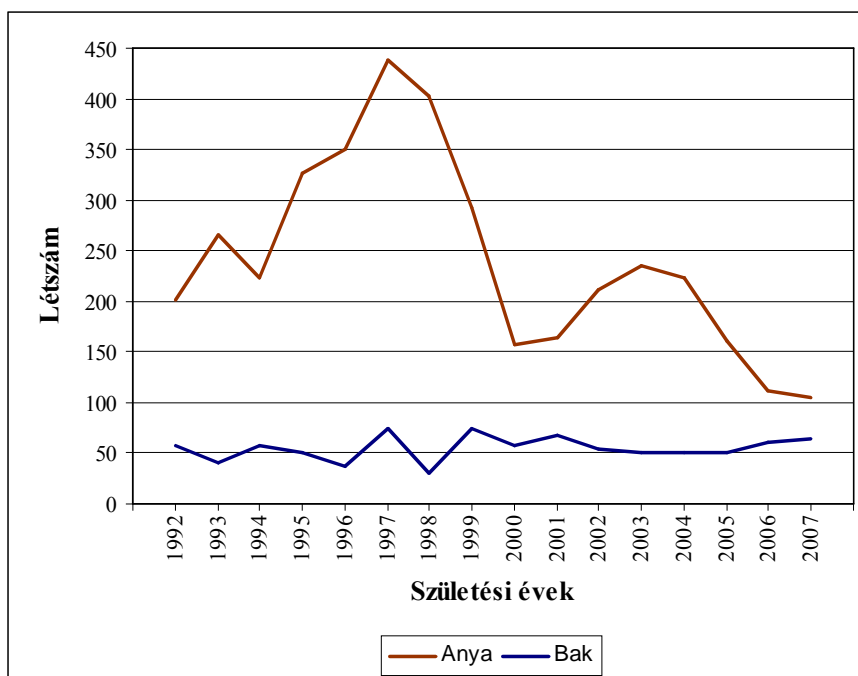
2. ábra. A 2004-2007 között született nyulak két különböző adatbázisból származó tenyésztési értékei (TÉ1 és TÉ2)

3. EREDMÉNYEK

3.1 Pedigréanalízis

Pedigréinformációk és generációintervallum

A 3. ábrán a Pannon fehér anyák és bakok létszámában 1992 és 2007 között bekövetkezett változásokat szeretném bemutatni. 1998 és 2000 között az anyák létszámának drasztikus csökkenését mutatja az ábra.



3. ábra. A Pannon fehér demográfiai adatai 1992 és 2007 között

Az összes lehetséges rokonsági útvonalon számolt generációintervallumot a 9. táblázatban mutatom be.

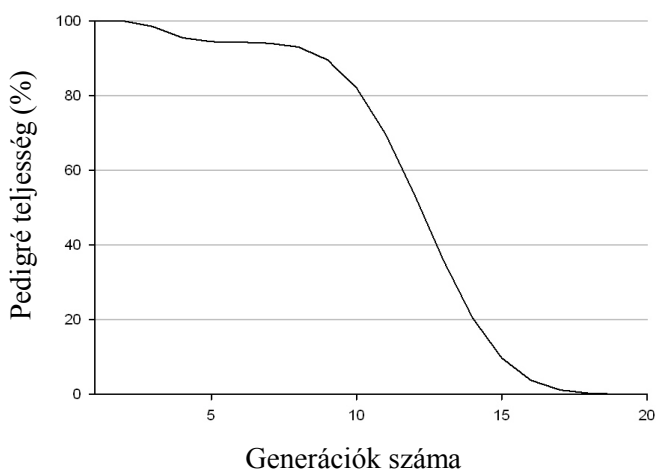
Az átlagos generációintervallum a bak leszármazási vonalakon 1,4, míg az anyai leszármazási vonalakon egy év körüli. A bak és annak hímivarú utódja közötti generációs intervallum a legnagyobb (1,4 év), melynek

oka, hogy az anyáknál erősebb szelekciós nyomást (110%) alkalmaznak, mint a bakoknál, ezért az anyák produktív életszakasza nem éri el az egy évet.

9. táblázat. A Pannon fehér nyulak generációs intervallumának statisztikai jellemzése a teljes vizsgálati periódusra vonatkozóan

	Létszám	Átlag	Szórás
Bak – hímivarú ivadék	522	1,400	0,739
Bak – nőivarú ivadék	1601	1,399	0,700
Anya – hímivarú ivadék	535	0,989	0,504
Anya – nőivarú ivadék	1598	1,035	0,530
Összesen	4256	1,211	0,652

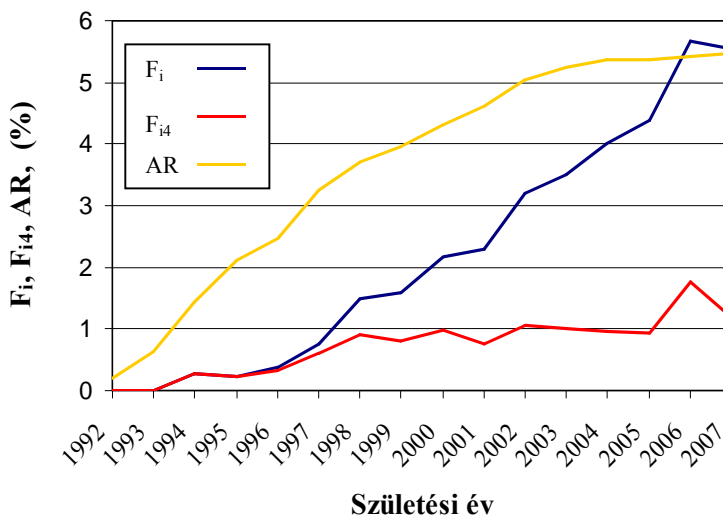
A 2007-es referencia populáció pedigrelteljessége 90 % feletti egészen a 9. generációig, mely a populáció ismert generációs ekvivalenseinek átlagosan nagy számát eredményezi (4. ábra).



4. ábra. A 2007-ben született tenyészállatok generációnként ismert őseinek aránya

Átlagos rokonsági fok és beltenyésztettség

A teljes pedigréinformáció alapján számolt beltenyésztési együtthatók (F_i) trendjei és a vizsgált 15 éves periódusra jellemző átlagos rokonsági fok (AR) az 5. ábrán látható.



5. ábra. A beltenyésztési együtthatók és az átlagos rokonsági fok trendjei

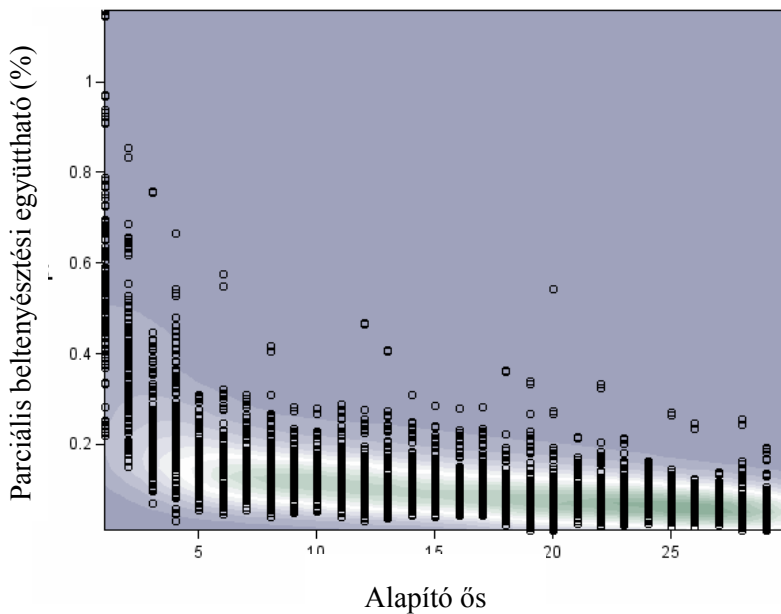
F_i : teljes pedigréinformáció alapján számolt beltenyésztési együttható,
 F_{i4} : 4 generációnyi pedigréinformáció alapján számolt beltenyésztési együttható,
 AR: átlagos rokonsági fok

Az átlagos F_i folyamatosan nőtt, és a legnagyobb 1,29 %-os növekedést 2005 és 2006 között mutatja. Ennek oka az állomány létszámának jelentős csökkenése volt. Az F_i értéke az utolsó két évben meghaladja az AR értékét. AR eléri az 5,4%-ot, de az utolsó 4 évben értéke alig változik (5. ábra).

A 4 generációnyi pedigré információból becsült beltenyésztési együttható 1998 és 2005 között stabilan 1 %. 2006-ban a mérőszám jelentős növekedése figyelhető meg, azonban a 2007-es érték ismét 1 % körüli, ami az alkalmazott párosítási rendszer hatékonyságát bizonyítja.

A 2007-es referencia populációban vizsgáltam az egyedi beltenyésztési együtthatót. Kiszámolva az egyes ősök hozzájárulását az egyedi beltenyésztési együtthatóhoz, megállapítottam, hogy az 581 ősből 146 ős, azaz az ősök 25 %-a járult hozzá a referencia populáció beltenyésztési együtthatójához. A 146 ős parciális beltenyésztési együtthatójának átlaga 0,038 %, varianciája 0,044 %. A 6. ábrán a 2007-es referencia populáció beltenyésztési együtthatójához legnagyobb mértékben hozzájáruló 30 óstól származó parciális beltenyésztési együtthatók eloszlása látható.

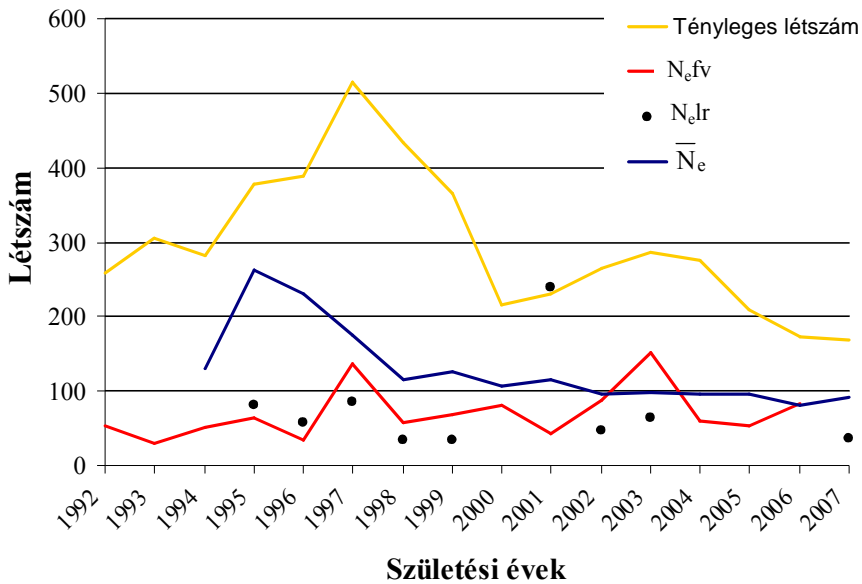
A beltenyésztettséghez leginkább hozzájáruló 10 illetve 30 alapító ős a populáció beltenyésztettségének 42,24 és 73,18 %-át adták. A 2007-es referencia populáció beltenyésztett nyulainak teljes beltenyésztési együtthatójához hozzájáruló ősök száma 70 és 128 között ingadozott, ezek átlaga 103.



6. ábra. A 2007-ben született Pannon fehér nyulak parciális beltenyésztési együtthatóinak eloszlása

Tényleges és effektív populációméret

Az állomány valós létszámának és a 3 különböző módon becsült effektív populációméret trendjei a 7. ábrán láthatók.



7. ábra. Az állomány valós létszámának és a 3 különböző módon becsült effektív populációméret trendjei

N_e fv: a családi variancia alapján számolt effektív populációmérete,

N_e lr: a beltenyésztéses effektív populációmérete,

\bar{N}_e : a realizált effektív populációmérete;

A Pannon fehér fajta tenyészegyedeinek száma folyamatosan nőtt 1997-ig, amikor a létszáma meghaladta az 500 egyedet. A következő 3 évben megfeleződött az állomány létszáma. 2000 és 2005 között keveset változott, míg 2006-tól nagymértékben csökkent és a 2007-es referencia populációban elérte a minimumát ($n=169$). A 2007-es referencia populáció effektív populációmérete 37,19 és 91,08 között változott a választott számítási módtól függően. Az 7. ábrán piros színel jelölt N_e fv

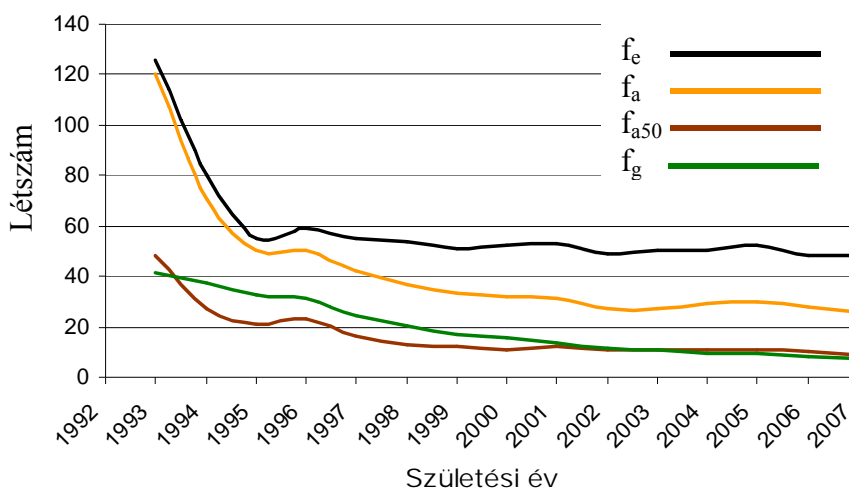
számítása során nem kaptam becslést az utolsó évben született egyedekre. Az esetek többségében a logaritmikus regressziós becslés hasonló eredményt ad, mint a családi variancia alapján számolt effektív populációméret. Azonban az előbbi módszer kedvezőtlen tulajdonságai észlelhetőek voltak egyes években, amikor a tudatosan tervezett párosítások (a párosítandó egyedek közti rokonsági fok csökkentése) értelmezhetetlen negatív effektív populációméretet eredményeztek. Tehát azokban az években, amikor a fiatalabb egyedek kevésbé voltak beltenyésztettek – például a 2000-es referencia populációban – lehetetlen bármilyen becslést adni (7. ábra.)

Valamivel nagyobb becslést kaptam, amikor az effektív populációméret az egyedi beltenyésztési ráta alapján került kiszámításra. Ez a becslési módszer is megbízhatatlan abban az esetben, ha a pedigré nem eléggé informatív, de a pedigrételjesség stabilizálódása után (2002) jól értelmezhető eredményt ad (7. ábra).

Az alapító ősök effektív létszáma, a nem alapító ősök effektív létszáma és az alapító ősök genom ekvivalens értéke

Az alapító ősök effektív létszámának, a nem alapító ősök effektív létszámának és az alapító ősök genom ekvivalens értékének trendjei a 8. ábrán láthatók. A vizsgálati periódus első pár évében (1993-1995) drasztikus csökkenés következett be az alapító ősök (f_e) – és a nem alapító ősök effektív létszámában (f_a), bár ez nem volt szignifikáns. Az alapító ősök genom ekvivalens (f_g) értékét kivéve az összes többi mutató (alapító ősök effektív létszáma, a nem alapító ősök effektív létszáma és a genetikai variancia 50%-áért felelős nem alapító ősök effektív létszáma)

értéke megefeleződött 1993 és 1995 között. A Pannon fehérben alkalmazott párosítási rendszer hatékonynak bizonyult a beltenyésztési ráta és a genetikai variancia elvesztésének arányát nézve. A kapott eredmények alátámasztják a folyamatos ellenőrzés szükségességét a felhalmozódott genetikai terheltségek és genetikai variancia veszteségeket illetően.



8. ábra. A gén származási valószínűségét jellemző paraméterek trendjei

f_e : alapító ősök effektív létszáma, f_a : nem alapító ősök effektív létszáma, f_g : alapító ősök genom ekvivalens értéke, f_{a50} : a genetikai variancia 50%-áért felelős nem alapító ősök effektív létszáma

A Pannon fehér állományban az egyes ősök aránytalan használata nyilvánvaló volt azok genetikai hozzájárulásából. Bár a 2007-es referencia populáció alapító őseinek száma 581, a 10 legbefolyásosabb nem alapító ős genetikai hozzájárulása a 2007-ben született Pannon fehér nyulak genetikai varianciájához is igen nagy volt (10. táblázat).

10. táblázat. A 10 legbefolyásosabb nem alapító ős százalékban kifejezett genetikai hozzájárulása a 2007-ben született Pannon fehér nyulak genetikai variáciájához.

A nem alapító ős			
azonosítója	születési éve	ivara	genetikai hozzájárulása (%)
200538519	2005	bak	8,80
200109343	2001	bak	7,96
199406850	1994	bak	6,90
200212057	2002	bak	5,63
200506325	2005	anya	5,53
199901085	1999	bak	4,95
200518447	2005	bak	3,95
200506675	2005	anya	3,54
200448283	2004	anya	3,53
200413105	2004	bak	3,19

A Pannon fehérben alkalmazott párosítási rendszer hatékonynak bizonyult a beltenyésztési ráta és a genetikai variancia elvesztésének arányát nézve, bár az állomány valós populációméretének 2006-ban bekövetkezett csökkenése jelentősen csökkentette a genetikai variabilitást. A kapott eredmények alátámasztják a folyamatos ellenőrzés szükségességét a felhalmozódott genetikai terheltségek és genetikai variancia veszteségeket illetően.

3.2 Genetikai paraméterek és trendek becslési eredményei

3.2.1 Átlagos napi súlygyarapodás, combizom-térfogat, hátulsó rész aránya és vágási kitermelés

Az átlagos napi súlygyarapodásra kapott h^2 érték (11. táblázat) gyakorlatilag azonos a populációra korábban becsült öröklődhetőségi értékkel (0,25; 0,2; 0,24; 0,27).

11. táblázat. Az átlagos napi súlygyarapodás, a combizom-térfogat, a hátulsó rész aránya és a vágási kitermelés öröklődhetőségi értékei (h^2) (zárójelben a standard hiba) és a tulajdonságokban becsült véletlen alomhatások (c^2) értékei (zárójelben a standard hiba)

Tulajdonság	h^2	c^2
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)	0,30 (0,01)	0,13 (0,01)
Combizom-térfogat (cm ³)	0,19 (0,02)	0,12 (0,01)
Hátulsó rész aránya (%)	0,59 (0,05)	0,07 (0,03)
Vágási kitermelés (%)	0,27 (0,04)	0,17 (0,05)

A 2004-ben fő szelekciós kritériumként bevezetett combizom-térfogat h^2 értéke elmarad a vágási kitermelésre (0,79) és a hosszú hátizom keresztmetszetére (L-érték) kapott (0,41) öröklődhetőségi értékektől. Magas öröklődhetőségi értéket becsültem a hátulsó rész aránya tulajdonságban, ami igen kedvező, hiszen a nyúl hátulsó részén található az érékes húsrészek legnagyobb hányada.

A vágási kitermelés öröklődhetőségi értéke kicsi, és elmarad az állományban korábban becsült 0,47-es értéktől. A véletlen alomhatás nagysága az átlagos napi súlygyarapodás és combizom-térfogat értékmérőben kicsi volt.

A vizsgált tulajdonságok közötti genetikai korrelációk

A 12. táblázatban láthatók az egyes tulajdonságok között becsült genetikai korrelációk.

12. táblázat. Az átlagos napi súlygyarapodás, a combizom térfogat, hátulsó rész aránya és a vágási kitermelés közötti genetikai korrelációk és standard hibáik (zárójelben)

Tulajdonság	Combizom-térfogat (cm ³)	Hátulsó rész aránya (%)	Vágási kitermelés (%)
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)	0,06 (0,06)	-0,08 (0,05)	-0,20 (0,08)
Combizom-térfogat (cm ³)		0,59 (0,05)	0,01 (0,07)
Hátulsó rész aránya (%)			-0,16 (0,04)

Mérsékelt szoros és kedvező genetikai korrelációt találtam a combizom-térfogat és a hátulsó rész aránya között. Ez alapján megállapítható, hogy a combizom-térfogat növelésére végzett szelekció közvetve hatékonyan növeli a hátulsó rész arányát is, melyet egy korábbi keresztezési kísérlet is bizonyított, ahol a Pannon genotípus mutatta a legjobb eredményeket a hátulsó rész aránya tulajdonságban. Az átlagos napi súlygyarapodás gyenge negatív korrelációban van a hátulsó rész arányával és a vágási kitermeléssel.

A következő táblázatban (13. táblázat) a tulajdonságokban becsült éves genetikai és fenotípusos előrehaladások láthatók.

13. táblázat. Az átlagos napi súlygyarapodásban, combizom-térfogatban becsült éves fenotípusos és genetikai előrehaladás

Tulajdonság	Genetikai előrehaladás	Fenotípusos előrehaladás
Átlagos napi súlygyarapodás (g/év)	0,009 (NS)	0,331 (NS)
Combizom-térfogat (cm ³ /év)	1,909 (***)	1,852 (NS)

NS: nem szignifikáns, ***: p<0,001

Az átlagos napi súlygyarapodás tulajdonságban becsült éves előrehaladás mértéke nagyon kicsi. Korábban az állományban 0,64 g éves előrehaladást becsültek. A tulajdonságban becsült kis h^2 oka, hogy a Pannon fehér fajta vélhetően elérte genetikai képességének maximumát. A combizom-térfogat és a hátulsó rész aránya tulajdonság esetében tapasztalt előrehaladást nem tudtam más szerzők eredményeihez hasonlítani. Itt azonban meg kell említenem, hogy a hátulsó rész aránya tulajdonságban a rendelkezésre álló kis adatszám nem teszi lehetővé, hogy a genetikai trendeket megbízhatóan becsüljük. A combizom-térfogatban kapott statisztikailag igazolt genetikai előrehaladás a CT szelekció sikerességét igazolja.

3.2.2 21 napos alomsúly

A 21 napos alomsúly tulajdonság esetében a 4. fialáskor tapasztalható a legmagasabb h^2 érték (14. táblázat). A véletlen alomhatások igen alacsonyak voltak a vizsgált tulajdonság esetében (14. táblázat), tehát a 21 napos alomsúly teljes fenotípusos varianciájának csak igen kis hányadát magyarázza az anyai hatás.

14. táblázat. A 21 napos alomsúly, a combizom-térfogat és az átlagos napi súlygyarapodás örökölhetőségi értékei (h^2) valamint a becsült véletlen alomhatások értékei (c^2) fialásonként (zárójelben a standard hiba)

Tulajdonság	Fialási sorszám	h^2	c^2
21 napos alomsúly (kg)	1	0,14 (0,02)	0,04 (0,02)
	2	0,10 (0,02)	0,02 (0,02)
	3	0,08 (0,02)	0,07 (0,03)
	4	0,16 (0,03)	0,12 (0,04)
Combizom-térfogat (cm^3)	1	0,21 (0,02)	0,13 (0,01)
	2	0,21 (0,02)	0,13 (0,01)
	3	0,21 (0,02)	0,14 (0,01)
	4	0,22 (0,02)	0,13 (0,01)
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)	1	0,30 (0,02)	0,33 (0,01)
	2	0,30 (0,02)	0,36 (0,01)
	3	0,31 (0,02)	0,35 (0,01)
	4	0,36 (0,02)	0,30 (0,01)

A vizsgált tulajdonságok közötti genetikai korrelációk

A vizsgált tulajdonságok közötti genetikai korrelációk a 15. táblázatban láthatók.

15. táblázat. A 21 napos alomsúly, a combizom-térfogat és az átlagos napi súlygyarapodás közötti genetikai korrelációk fialásonként és azok standard hibái (zárójelben)

Tulajdonság	Fialási sorszám	Combizom-térfogat (cm ³)	Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap)
21 napos alomsúly (kg)	1	-0,31 (0,14)	-0,02 (0,08)
	2	-0,33 (0,14)	0,23 (0,05)
	3	-0,83 (0,17)	0,15 (0,10)
	4	-0,86 (0,11)	0,10 (0,09)
Combizom- térfogat (cm ³)	1		0,22 (0,10)
	2		0,10 (0,05)
	3		0,18 (0,10)
	4		0,14 (0,09)

Az átlagos napi súlygyarapodás és a combizom-térfogat, valamint az átlagos napi súlygyarapodás és a 21 napos alomsúly között gyenge pozitív korrelációt találtam (15. táblázat). A combizom-térfogat és a 21 napos alomsúly között a 3. és 4. fialásokban szoros negatív korrelációt becsültem, ami arra figyelmeztet, hogy az alkalmazott CT szelekció a vizsgált szaporasági tulajdonságban az állomány teljesítményének romlását eredményezheti.

A 16. táblázatban a tulajdonságok éves genetikai és fenotípusos előrehaladását szeretném bemutatni.

16. táblázat. A 21 napos alomlétszámban fialásonként és, a különböző időintervallumokban, az átlagos napi súlygyarapodásra becsült fenotípusos és genetikai előrehaladás

Tulajdonság	Fialási sorszám	Genetikai előrehaladás	Fenotípusos előrehaladás
21 napos alomsúly (kg)	1	0,148 (***)	0,007 (NS)
	2	0,131 (***)	0,027 (***)
	3	0,113 (***)	0,038 (***)
	4	0,121 (***)	0,013 (NS)
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap) 1991-2009		0,304 (***)	0,583 (***)
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap) 1991-2001		0,308 (***)	0,389 (***)
Átlagos napi súlygyarapodás (g/nap) 2002-2009		0,102 (***)	0,336 (***)

NS: nem szignifikáns, ***: $p < 0,001$

A kapott eredmények alapján megállapítható, hogy a Pannon fehér fajtában a fialásonkénti 21 napos alomsúlyok esetében becsült genetikai előrehaladás jelentősen meghaladják a szakirodalom által közölt értékeket. Meg kell azonban említeni, hogy a tulajdonság az elmúlt években fenotípusosan nem mutatott változást, továbbá a becsült tenyésztési értékek az utolsó években egységesen pozitív reziduális értékeket mutatnak, ami alapján a kapott eredményeket fenntartással kell kezelni.

3.2.3 Élve és holtan született fiókák száma

Az élve és holtan született fiókák száma tulajdonságra vonatkozó h^2 értékeket a 17. táblázatban mutatom be. Az általam kapott 0,1 alatti örökölhetőségek megfelelnek a fajtában végzett korábbi becsléseknek (0,06 és 0,05).

17. táblázat. Az élve és holtan született fiókák számának örökölhetőségi értékei (h^2) és azok standard hibái (zárójelben)

Tulajdonság	h^2
Élve született fiókák száma	0,06 (0,01)
Holtan született fiókák száma	0,02 (0,01)

A 18. táblázatban az állomány fialási tulajdonságokban becsült éves genetikai és fenotípusos előrehaladását mutatom be.

18. táblázat. Az élve és holtan született fiókák száma tulajdonságokban becsült éves fenotípusos és genetikai előrehaladás

Tulajdonság	Genetikai előrehaladás	Fenotípusos előrehaladás
Élve született fiókák száma (fióka/év)	0,069 (***)	0,031 (**)
Holtan született fiókák száma (fióka/év)	-0,006 (***)	-0,003 (NS)

NS: nem szignifikáns, ***: $p < 0,001$; **: $p < 0,01$

Az élve született fiókák számában kapott előrehaladás meglepő, ugyanis a fajtát nem szelektálják alomnagyságra. A kapott javulás hátterében esetleg az egyéb szelekciós tevékenységnek köszönhetően megnövelt kifejllett kori testtömeg állhat.

3.2.4 Beltenyésztés okozta leromlás

A vizsgálati periódus utolsó két évét (2008, 2009) jellemző beltenyésztési együtthatókat az anyára és az alomra, valamint pedigreljességeket szintén az anyákra és almokra vonatkozóan a 19. táblázat tartalmazza.

19. táblázat. Az anyákra és almokra vonatkozó beltenyésztési együtthatók és pedigreljességek 2008 és 2009-ben született nyulakra vonatkozóan. A standard hibákat zárójelben tüntettem fel

Tulajdonság	Egyedszám	Átlag
Anya beltenyésztési együtthatója	118	6,3 (0,18)
Alom beltenyésztési együtthatója	118	5,9 (0,25)
Anya pedigreljessége	118	12,1 (0,19)
Alom pedigreljessége	118	12,6 (0,20)

A vizsgálatban külön becslést végeztem az anya, illetve az alom beltenyésztési együtthatójának növekedése esetén várható leromlás mértékére az élve és holtan született fiókák száma tulajdonságokban. Eredményeimet az 20. táblázatban közlöm.

20. táblázat. Az élve és holtan született fiókák számában várható leromlás az anyai beltenyésztési együttható 10%-os növekedése (anyai), illetve az alom beltenyésztési együtthatójának 10%-os növekedése (alom) esetén.

Tulajdonság	Leromlás (anyai)	Leromlás (alom)
Élve született fiókák száma	-0,17	-0,40
Holtan született fiókák száma	0,19	0,07

Az élve született fiókák számában becsült várható leromlás csekély mértékű. A holtan született fiókák létszámát a beltenyésztés a vártaknak megfelelően növeli, de a mértéke nem jelentős.

3.3 Genetikai paraméterek és tenyésztékek stabilitásvizsgálatának eredményei

A különböző részadatbázisok alapján az átlagos napi súlygyarapodásra becsült örökölhetőségeket és véletlen alomhatásokat a 21. táblázatban mutatom be. Az egymást követő 5 éves periódusokra becsült h^2 értékek alacsonyok és stabilak voltak. A véletlen alomhatás mértéke szintén kicsi volt és stabil. Mindkét hatás nagysága megegyezik a Pannon fehér fajtában korábban becsült eredményeivel.

21. táblázat. A különböző részadatbázisok alapján az átlagos napi súlygyarapodásra becsült örökölhetőségi (h^2) értékek és véletlen alomhatások (c^2), zárójelben a standard hibák.

Vizsgált periódus	h^2	c^2
2004-2008	0,28 (0,02)	0,14 (0,01)
2003-2007	0,28 (0,02)	0,15 (0,01)
2002-2006	0,29 (0,02)	0,15 (0,01)
2001-2005	0,27 (0,02)	0,16 (0,01)
2000-2004	0,28 (0,02)	0,16 (0,01)
2000-2008	0,28 (0,01)	0,15 (0,01)

Az átlagos napi súlygyarapodásra becsült örökölhetőségi értékekben megfigyelhető csekély mértékű különbség valószínűleg a környezeti hatások változásának tudható be és/vagy annak, hogy az egyedek kb. 14%-a kicserélődött az egymást követő részadatbázisokban. Mivel a Pannon fehér pedigrijét 1992-ben lezárták, az összes egyed rendelkezik

mérési adattal az átlagos napi súlygyarapodás tulajdonságban, és a pedigre információk is rendelkezésre állnak a fajta alapításáig visszamenően, így várható volt, hogy a genetikai paraméterek pontosak lesznek.

A különböző részadatbázisokban szereplő közös egyedek száma és aránya, továbbá a részadatbázisokon alapuló tenyészték ekvivalensek rang-korreláció eredményei a 22. táblázatban láthatók.

22. táblázat. Az átlagos napi súlygyarapodásra becsült tenyésztékek stabilitását jellemző rang-korreláció eredményei

Összefűzött adatbázis (periódus)	Közös egyedek száma	Közös egyedek aránya (%)	r^1	Szignifikancia
2004-2008; 2003-2007	20777	64,5	0,989	***
2004-2008; 2002-2006	16003	41,9	0,979	***
2004-2008; 2001-2005	12562	29,1	0,965	***
2004-2008; 2000-2004	6195	13,1	0,924	***

¹ A tenyésztékek rangkorrelációs együtthatói a legutolsó részadatbázis és a többi 5 éves részadatbázis közös egyedei alapján. *** $p < 0.001$

A különböző részadatbázisok alapján becsült tenyésztékek közötti rangkorrelációs koefficiensek az évek során csökkentek. Ettől függetlenül a kapott együttható még abban az esetben is nagy volt, amikor a részadatbázisokban szereplő közös rekordok száma csekély volt.

A tenyészték stabilitás mellett vizsgáltam az első 100 és első 1000 nyúl tenyésztékének stabilitását is, melynek eredménye a 23. és 24. táblázatban látható.

23. táblázat. Az egyes részadatbázisok közös egyedeinek tenyészték-stabilitása

Összefűzött adatbázis (periódus)	A legnagyobb tenyésztékű egyedek	
	100	1000
2004-2008; 2003-2007	63	846
2004-2008; 2002-2006	67	863
2004-2008; 2001-2005	75	824
2004-2008; 2000-2004	55	761

24. táblázat. Az egyes részadatbázisok közös egyedeinek átlagos tenyészték különbsége a legjobb 100 illetve 1000 egyed esetében

Összefűzött adatbázis (periódus)	A legnagyobb tenyésztékű egyedek	
	100	1000
2004-2008; 2003-2007	0,47	0,14
2004-2008; 2002-2006	0,35	0,10
2004-2008; 2001-2005	0,17	0,12
2004-2008; 2000-2004	0,46	0,24

A 23. táblázatból látható, hogy a genetikai paraméterek (21. táblázat) és tenyésztékek (22. táblázat) kiváló stabilitásával ellentétben a különböző részadatbázisokban egyaránt megtalálható, és a rangsorban legjobb helyet elfoglaló nyulak aránya viszonylag alacsony. Tehát a rangsor tetején álló nyulak a különböző adatbázisokhoz képest is lényegesen eltérő átlagos genetikai értéket mutatnak (23. táblázat).

4. KÖVETKEZTETÉSEK

Genetikai paraméterek és trendek

A CT-vel becsült combizom-térfogat és a 21 napos alomsúly közti negatív genetikai korreláció (különösen a 3. és 4. fialás esetében) azt jelzi, hogy a Pannon fehér fajta szaporasági teljesítménye a jövőben jelentősen csökkenthet.

A CT alapján meghatározott combizom-térfogat értékmérőre becsült fenotípusos és genetikai trendek egyértelműen bizonyították a Pannon fehér fajta tenyésztési programjának sikerességét.

Beltenyésztési leromlás és pedigréanalízis

Az állományban alkalmazott speciális párosítási módnak köszönhetően a beltenyésztettség szintje alacsony, 2008 és 2009-ben átlagosan mintegy 6,3 % volt. A beltenyésztési ráta viszonylag csekély, évente megközelítőleg 0,5 %-os.

A Pannon fehérben alkalmazott párosítási rendszer hatékonynak bizonyult a beltenyésztési ráta és a genetikai variancia elvesztésének arányát nézve. Bár az állomány valós populációméretének 2006-ban bekövetkezett csökkenése jelentősen csökkentette a genetikai variabilitást.

Genetikai paraméterek és tenyészértékek stabilitása

Az átlagos napi súlygyarapodás genetikai paraméterei a különböző periódusokra stabilak voltak. Az egyes részadatbázisokat egymáshoz illesztve a közös egyedek arányának csökkenésével a tenyészértékek stabilitása a gyakorlat számára változatlan marad. A különböző

adatbázisok közös egyedei közül a legnagyobb tenyésztékű egyedek aránya viszonylag csekély volt. Ez azt jelzi, hogy ha a korlátozott számítógépes kapacitás miatt nem a teljes adatbázist értékeljük (hanem meghatározott időtartamú periódusokat, pl.: 5 év), előzetes vizsgálatokat kell végeznünk a tenyésztékek stabilitására vonatkozóan.

5. ÚJ KUTATÁSI EREDMÉNYEK

1. Az átlagos napi súlygyarapodás, a combizom-térfogat, a hátulsó rész aránya, a vágási kitermelés, a 21 napos alomsúly, az élve és holtan született fiókák száma tulajdonságokra genetikai paramétereket, valamint - a hátulsó rész aránya és vágási kitermelés értékmérők kivételével - genetikai trendeket becsültem egyedmodell alkalmazásával Pannon fehér nyúlfajtában.
2. Igazoltam a CT-re alapozott, combizom-térfogatra történő szelekció helyességét (eredményességét).
3. Az élve és holtan született fiókák száma tulajdonságokra meghatároztam és értékeltem a beltenyésztéses leromlást az anyák, illetve az almok beltenyésztési együttthatójának 10%-os növekedése esetén.
4. Meghatároztam a Pannon fehér fajta populáció-szerkezetét leíró és jellemző paramétereket, minősítettem a populációt.
5. A vizsgált adatbázis 5 éves periódusain az átlagos napi súlygyarapodás tulajdonság számított genetikai paraméterei és becsült tenyésztékei alapján megállapítható azok stabilitása.

6. JAVASLATOK

A combizom-térfogat mérési pontosságának javítása érdekében megoldási lehetőségként hosszú távon szükség lenne az automatizált értékelő szoftverek alkalmazása.

Mivel a nyulak esetében a szaporasági teljesítmény a kondícióval van összefüggésben, célszerű lenne a 10 hetes korban végzett CT vizsgálatoknál a nőivarú növendék nyulakon teljestest-analízist végezni. Ezáltal a kondíció elbírálható, mely információt célszerű lenne figyelembe venni a tenyésztési programban.

Az állomány beltenyésztési rátájának növekedése esetén olyan módszerek alkalmazása javasolt, melyeket az állattenyésztésben a közelmúltban dolgoztak ki annak érdekében, hogy a minimalizálják a beltenyésztési rátát és maximalizálják a szelekciós előrehaladást.

Ezen túlmenően javaslom a káros recesszív géneket hordozó ősök azonosítását azért, hogy a párosítási tervekben elkerüljék ezen ősök parciális beltenyésztési hozzájárulását az utódgeneráció beltenyésztési együttthatójához.

7. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBŐL ÍRT TUDOMÁNYOS KÖZLEMÉNYEK

Idegen nyelven megjelent tudományos közlemények

Gyovai, P., Nagy, I., Radnai, I., Bíróné-Németh, E., Szendrő, Zs. (2009): Heritability and genetic trends of number of kits born alive in a synthetic maternal rabbit line. *Ital. J. Anim. Sci.* 8: 110-112.

Nagy, I., Curik, I., Radnai, I., Cervantes, I., **Gyovai, P.**, Baumung, R., Farkas, J., Szendrő, Zs. (2010): Genetic diversity and population structure of the synthetic Pannon White rabbit revealed by pedigree analyses. *J. Anim. Sci.* 88: 1267-1275.

Nagy, I., Farkas, J., **Gyovai, P.**, Radnai, I., Szendrő, Zs. (2011): Stability of estimated breeding values for average daily gain in Pannon White rabbits. *Czech J. Anim. Sci.* (megjelenés alatt)

Magyar nyelven megjelent tudományos közlemények

Gyovai P., Nagy I. (2010): A beltenyésztés hatása a különböző állatfajok szaporasági, termelési és morfológiai tulajdonságaira. *Állattenyésztés és Takarmányozás* 59: 157–173.

Proceedings-ben teljes terjedelemben megjelent közlemények

Gyovai, P., Nagy, I., Gerencsér, Zs., Metzger, Sz., Radnai, I., Szendrő, Zs. (2008): Genetic parameters and trends of the thigh muscle volume in Pannon White rabbits. 9th World Rabbit Congress, Verona, 115-119.

Gyovai P., Vigh Zs. (2008): A Pannon fehér nyúl combizom térfogatának genetikai paraméterei és trendjei. 20. Nyúltenyésztési Tudományos Nap, Kaposvár, 145-149.

Nagy I., **Gyovai P.**, Gerencsér Zs., Matics Zs., Radnai I., Bíróné Németh E., Szendrő Zs. (2009): Vágási értékmérők közti fenotípusos korrelációk Pannon fehér nyulakban. 21. Nyúltenyésztési Tudományos Nap, Kaposvár, 73-77.

Nagy I., **Gyovai P.**, Radnai I., Matics Zs., Gerencsér ZS., Donkó T., Nagyné Kiszlinger H., Szendrő ZS. (2010). Növekedési, CT-vel becsült és vágási tulajdonságok genetikai paraméterei Pannon fehér nyulakban. 22. Nyúltenyésztési Tudományos Nap, Kaposvár, 115-117.

Gyovai, P., Nagy, I., Gerencsér, Zs., Matics, Zs., Radnai, I., Donkó, T., Szendrő Zs. (2010). Genetic parameters of growth in vivo Computer Tomography based and reproduction traits in Pannon white rabbits. In Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Proc., Germany CD-ROM Commun. No. 343.

Nagy, I., **Gyovai, P.**, Radnai, I., Matics, Zs., Gerencsér, Zs., Donkó, T., Szendrő Zs. (2010). Genetic parameters of growth in vivo CT based and slaughter traits in Pannon white rabbits. In Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Proc., Germany CD-ROM Commun. No. 341.

Ismeretterjesztő közlemények

Vigh, Zs., **Gyovai, P.** (2008): A pedigréanalízis szerepe az állattenyésztési programokban. Agro Napló 1: 94-95.