



## Magyarországi sertéspopulációk néhány értékmérő tulajdonságának örökölhetőségi értéke

Csató L. Farkas J. Groeneveld E.<sup>1</sup> Radnóczy L.<sup>2</sup>

Pannon Agrártudományi Egyetem, Állattenyésztési Kar, Sertésenyésztési Tanszék, Kaposvár, Guba S. u. 40. H-7400

<sup>1</sup> F.A.L Institut f. Tierzucht und Tiervershalten, Mariensee, D-31535

<sup>2</sup> Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet, Budapest, Keleti K. u. 24. H-1525

### ÖSSZEFOGLALÁS

*Szerzők variancia-komponens becslést végeztek Groeneveld(1993) által kifejlesztett VCE 3.2 program segítségével magyarországi sertés fajtákban. A  $h^2$ -érték meghatározását 4 tisztavérű fajtában és két hibrid alapvonalban végezték el, egyed modell alkalmazásával. A modellben két kovariáló változó, 5 fix hatás, egy random(alom) és az egyed hatás szerepelt. A becslésnél a program az üzemi sajátjeljesítmény vizsgálati(ÜSTV) és a központi állomási vizsgálati(HVT) adatbázist egyidejűleg használta. Az ÜSTV-ből két tulajdonság  $h^2$ -értékét becsülték. A növekedési erélyt kifejező tulajdonságnál 0,14-0,33 közötti értékeket kaptak, alacsony(2-8% közötti) becslési hibával. A vágóértéket kifejező átlagos hátszalonna-vastagságnál a becsült  $h^2$ -ek 0,13-0,33 közöttiek voltak, 2-13% közötti standard hibával. A kapott alacsony  $h^2$ -értékek az un. confounding jelenségnek tulajdoníthatók, mely a genetikailag zárt tenyészetekben lép fel, az üzemi és a genetikai hatás keveredésével. A HVT-nél 4 tulajdonság  $h^2$ -értékeinek becslésére került sor. A kapott örökölhetőségi értékek a következők voltak. A hizlalási napok számánál 0,24-0,46, a teszt alatt elfogyasztott takarmány mennyiségénél 0,25-0,55, az értékes húsrészek mennyiségénél 0,39-0,67 és a húsmínőségi pontszámnál 0,04-0,21. Az örökölhetőség becslési hibája az első három tulajdonságnál 3,0-24,8%, míg a negyediknél 14,1 és 61,6% között mozgott. A fajták, illetve a genotípusok közötti  $h^2$ -érték különbségek magyarázatára vonatkozóan a szerzők további, nagyobb adatbázisra támaszkodó becslést terveznek.*

### ABSTRACT

#### Heritability ( $h^2$ ) estimation of certain traits serving as measures of value in pure-bred Hungarian pig populations

L. Csató, J. Farkas, E. Groeneveld, <sup>1</sup>L. Radnóczy <sup>2</sup>

Pannon University of Agriculture, Faculty of Animal Science, Department of Pig Breeding Science  
Kaposvár, H-7400 Guba S. u. 40., Hungary

<sup>1</sup> F.A.L Institut f. Tierzucht und Tiervershalten, Mariensee, D-31535, Germany

<sup>2</sup> Hungarian National Institute for Agricultural Classification,  
Budapest, H-1525 P.O. Box 30

*The authors performed variance component estimation on Hungarian pig breeds by means of the VCE 3.2 programme developed by Groeneveld(1993). Determination of  $h^2$*

value was performed for four pure-bred types and two basic hybrid lines by the application of individual models. Two covariant variables, 5 fixed effects, one random (i.e., litter) and the characteristic effect were included in the models. The databases of the Hungarian operational individual performance examination (ÜSTV) and the central station examination (HVT) were used simultaneously by the programme in the estimation process.  $h^2$  values for two traits were estimated from the ÜSTV. Values between 0.14 and 0.33 were obtained for the trait relating to growth intensity, with a low degree of estimation error (between 2 and 8%). In the case of mean back fat thickness, which serves as an expression of slaughter value, the  $h^2$  values estimated fell into the range 0.13 to 0.33, with a standard error of 2 to 13%. The low  $h^2$  values obtained can be attributed to the so-called confounding phenomenon, which occurs, through the mingling of the operational and the genetic effect, at genetically closed breeding sites. In the HVT  $h^2$  values for four traits were estimated. The heritability estimates obtained were the following: for the number of days of the fattening period, 0.24-0.46; for the quantity of diet consumed during the trial, 0.25-0.55; for the quantity of the valuable meat parts, 0.39-0.67; and for the meat quality points total, 0.04-0.21. Error in the heritability estimation varied between 3.0 and 24.8% for the first three traits, and between 14.1 and 61.6% for the fourth. Further estimations, founded on a larger database, are planned by the authors in an endeavour to provide an explanation for the differences in  $h^2$  value observed between breeds and genotypes.

(Keywords: pig breeding, genetic parameters, heritability, BLUP methods)

## BEVEZETÉS

Az állatpopulációk genetikai paramétereinek ismerete minden állattenyésztő, minden állatnemesítéssel foglalkozó kutató számára alapvetően szükséges. Az elmúlt évtizedekben, a populációgenetika térhódításával a gyakorlati tenyésztők is megismerkedtek a legfontosabb genetikai alapfogalmakkal, így például az öröklődéssel ( $h^2$ -értékkel), a genetikai korrelációkkal ( $r_g$ -értékkel), a genotípus-környezet kölcsönhatással és így tovább.

Nehézséget inkább a genetikai paraméterek kiszámítása, számszerű becslése jelentett. Erre csak a kutatóintézetekben, egyetemi tanszékeken és jól felszerelt tenyésztőközpontokban volt -korlátozottan- lehetőség. A genetikai számításokhoz ebben az időszakban -mai szemmel nézve- kis teljesítményű, manuális számítógépek álltak rendelkezésre, melyekkel csak csekély létszámú állatállományoknál, vagy egy-egy részpopulációra vonatkozóan lehetett a variancia-komponenseket becsülni. Ebből fakadóan a számított (becsült) paraméterek csak lokális érvényűek voltak, azokat nem lehetett általánosítani.

A számítástechnika rohamos fejlődésével megnyílt a lehetőség, hogy teljes populációkra vonatkozóan is végezzenek becsléseket (Henderson, 1984, Lundeheim és Eriksson, 1984). Ehhez nagy segítséget jelentettek a genetikai paraméterbecslő programok, amelyek a 80-as évek második felében kezdtek elterjedni (Busse és Groeneveld, 1986; Kovac és Groeneveld, 1990).

Az állatpopulációk genetikai paraméterbecslésének pontosabbá és gyorsabbá válásával, a tenyésztérbecslésben is ugrásszerű fejlődés következett be. Ahhoz ugyanis, hogy a Hazel-féle index-módszerre épülő korábbi tenyésztérbecslést új, pontosabb, a környezeti hatásokat kiszűrő eljárás váltsa fel, az állatpopulációk genetikai szerkezetének alaposabb megismerésére van szükség. A Henderson (1975) által

kidolgozott BLUP-eljárás tenyésztékbecslési adaptációja visszahatott a genetikai paraméterbecslési eljárásokra, sürgetve azok továbbfejlesztését.

A magyarországi sertéspopulációkra vonatkozó genetikai paraméterek becslésére, a korábbi években Tran Anh Tuan et al. (1993), Váradi et al. (1997) tettek kísérletet. Velük egyidőben Csató és mtsai (1994a, 1994b) kezdték el a hazai sertéspopulációk genetikai paramétereinek becslését, Groeneveld (1990, 1993) által kifejlesztett programok segítségével. Az azóta végzett számításaik eredményeiről több közleményben számoltak be (Csató et al., 1996, 1997, Csató; 1998).

A fajtatizsza magyarországi sertéspopulációk  $h^2$ -értékeiről az elmúlt években összefoglaló jellegű publikáció nem készült. E hiány pótlására végeztünk örökölhetőségi számítást a hazai 4 legnagyobb létszámú sertésfajtára és a két legnépesebb hibrid alapvonalra vonatkozóan.

## ANYAG ÉS MÓDSZER

Számításaink a 4 hazai sertésfajtában és két hibrid alapvonalban végeztük. A populációk létszámát az 1. táblázat tartalmazza. A genetikai alapparamétereket a sertések üzemi sajátjeljesítmény-vizsgálatában (ÜSTV), illetve a központi állomási tesztben (ivadékvizsgálatban, rövidítve HVT-ben) mért tulajdonságokból becsültük.

### 1. táblázat

#### A vizsgált sertéspopulációk létszáma

Genotípus (1)	Populációlétszám (2)	
	Sajátjeljesítmény-vizsgálatban (ÜSTV-ben) (3)	Központi állomási tesztben (HVT-ben) (4)
Magyar nagyfehér hússertés (5)	118.717	6.194
Magyar lapálysertés (6)	48.967	2.992
Duroc sertés (7)	7.375	1.150
Pietrain sertés (8)	3.399	709
Hibrid-A alapvonal (9)	13.710	1.670
Hibrid-B alapvonal (10)	13.084	1.771

Table 1: Size of pig populations included in the examination

*Genotype(1), Population(2), Individual performance examination(3), Central station test(4), Hungarian Large White meat type pig(5), Hungarian Landrace pig(6), Duroc pig(7), Pietrain pig(8), Hybrid A line(9), Hybrid B line(10)*

Az ÜSTV-ben Magyarországon a törzskönyvi ellenőrzés alatt álló tenyészetekben minden megszületett, egészséges sertésegyed részt vesz. A sajátjeljesítmény-vizsgálatot akkor zárják le, amikor a sertések elérik a 80-110 kg közötti testsúlyt. Ekkor kerül sor a tenyészszüldők mérlegetelésére (kg-os pontossággal), illetve a szalonnavastagság mérésére ultrahangos mérőszondával, a hát középvonalában 3 helyen. E három szalonnavastagsági méret számtani átlaga adja az ún. átlagos hátszalonna-vastagságot.

**2. táblázat**

**Az „életnapok száma” és az „átlagos hátszalonna-vastagság” átlaga, illetve szórása a hat vizsgált genotípusnál**

Genotípus (1)	Életnapok száma (2)		Átlagos hátszalonna-vastagság (mm) (3)	
	Átlag (4)	Szórás (5)	Átlag (4)	Szórás (5)
Magyar nagyfehér húsertés (6)	201.6	26.2	19.4	1.90
Magyar lapálysertés (7)	191.2	24.5	18.5	1.72
Duroc (8)	187.8	23.1	18.4	2.78
Pietrain (9)	199.3	29.9	15.7	2.37
Hibrid-A alapvonal (10)	183.3	19.0	20.1	1.65
Hibrid-B alapvonal (11)	185.5	23.0	19.5	1.84

Table 2: Mean values and standard deviation of age in days and mean back fat thickness in the six genotypes examined

Genotype(1), Number of days of life(2), Mean back fat thickness(mm)(3), Average(4), Standard deviation(5), Hungarian Large White meat type pig(6), Hungarian Landrace pig(7), Duroc pig(8), Pietrain pig(9), Hybrid A line(10), Hybrid B line(11)

**3. táblázat**

**A központi állomási tesztből (HVT) származó 4 tulajdonság átlaga és szórása a hat vizsgált genotípusnál**

Genotípus (1)	Hízalási napok száma (2)		Takarmány fogyasztás hízlalás alatt (kg) (3)		Értékes húsrészek mennyisége (kg) (4)		Húsminőségi pontszám (5)	
	Átlag (6)	Szórás (7)	Átlag	Szórás	Átlag	Szórás	Átlag	Szórás
Magyar nagyfehér húsertés (8)	86,2	12,9	197,6	23,4	37,6	2,8	9,0	1,6
Magyar lapálysertés (9)	84,9	13,9	193,6	23,9	37,0	2,7	8,6	1,9
Duroc sertés (10)	90,3	11,6	203,8	22,9	37,6	2,4	9,2	1,2
Pietrain sertés (11)	95,7	13,4	202,2	23,3	44,1	2,9	6,3	2,4
Hibrid-A alapvonal (12)	84,9	14,4	196,6	23,5	39,7	3,0	8,1	2,1
Hibrid-B alapvonal (13)	81,2	15,7	194,3	24,8	38,4	2,9	7,9	2,3

Table 3: Mean values and distribution of the four traits originating from the central testing station examination in the six genotypes examined

Genotype(1), Number of days of fattening period(2), Feed consumed during the trial period(kg)(3), Quantity of valuable meat parts(kg)(4), Points total for meat quality(5), Average(6), Standard deviation(7), Hungarian Large White meat type pig(8), Hungarian Landrace pig(9), Duroc pig(10), Pietrain pig(11), Hybrid A line(12), Hybrid B line(13)

Az ÜSTV-ből a következő két paraméterre vonatkozóan becsültük az örökölhetőségi értéket:

- életnapok száma az ÜSTV befejezéséig,
- átlagos hátszalonna-vastagság.

E két tulajdonságra vonatkozó legfontosabb statisztikai jellemzőket a 2. táblázat tartalmazza.

A központi hízekonyossági és vágóérték vizsgálatban (HVT) tenyészkocánként 2 ivadék (1 koca és 1 ártány süldő), tenyészkanonként 10 ivadék (a kannel termékenyített 5 kocától 2-2 ivadék) eredményes minősítése szükséges ahhoz, hogy a szülőkre vonatkozóan un. HVT-indexet számíthassunk. A központi ivadékteszt a beszállított süldők 90 napos korában (kb. 30 kg-os testsúlynál) kezdődik és a  $105 \pm 2$  kg-os testsúly eléréséig tart. Ezt követően a ketrecekben egyedileg tartott és takarmányozott ivadékok vágásra kerülnek, s szabványban meghatározott méréseket végzünk el a vágott feleken.

A központi állomási vizsgálatból 4 tulajdonságra vonatkozóan számítottunk  $h^2$ -értéket. Ezeket, ill. legfontosabb statisztikai jellemzőiket a 3. táblázat tartalmazza.

A variancia-komponensek becslését Groeneveld (1993) által kifejlesztett un. VCE 3.2 program segítségével végeztük. A becslést e program az un. Restricted Maximum Likelihood (REML) módszer felhasználásával végzi. A  $h^2$ -értékek becslése egyed-modell alapján történt.

## EREDMÉNY ÉS ÉRTÉKELÉS

A sajátteljesítmény vizsgálatból -mint ezt már korábban említettük- két tulajdonság  $h^2$ -értékét számítottuk ki. Az üzemi körülmények közötti növekedési erélyt fejezi ki a vizsgálat befejezéséig számított életnapok száma. Amint az a 4. táblázatból kitűnik, e tulajdonság becsült  $h^2$ -értéke genotípusonként kissé eltérő, 0,14 és 0,33 közötti. A nagy létszámú fajtáknál, mint pl. a nagyfehér hússertésnél és a lapálynál, 0,24 és 0,23-as értéket kaptunk. Ugyanígyen örökölhetőséget becsültünk a pietrain és a hibrid-A populációnál is.

A táblázatból jól látható, hogy e tulajdonságnál a becslési hiba (melyet a jobb áttekinthetőség érdekében %-os formában adtunk meg) alacsony. A nagylétszámú fajtákban ez 2-3% körül ingadozik, s csupán a legkisebb populációt alkotó pietrain fajtában haladja meg a 15%-ot. A standard hiba alacsony értéke azt jelzi, hogy a becslés pontossága -matematikai-statisztikai értelemben- jó. Szakmai szempontból azonban a becsült  $h^2$ -értékeket kritikával kell szemlélni. Ugyanis a tesztperiódus hosszával a tenyészszüldők növekedési erélyét fejezzük ki, s e tulajdonság örökölhetőségi értéke a szakirodalmi utalások szerint (Dohy, 1979) magasabb, mint az általunk becsült érték. Alacsonyabbak ezek a  $h^2$ -ek, a dolgozatunk későbbi részében bemutatásra kerülő „hízlalási napok száma” tulajdonságra általunk kiszámított  $h^2$ -értéknél is, mely tulajdonságot a HVT-adatok alapján szintén a növekedési erély jellemzésére használunk. Ez, a vártnál alacsonyabb örökölhetőségi érték -véleményünk szerint- az un. confounding (keveredés) jelenségre vezethető vissza. A szakirodalom szerint (pl. Tholen, 1994; Tölle és Trappmann, 1995) ugyanis azoknál a populációknál, amelyek genetikai szempontból zártaknak tekinthetők, azaz ahol a mesterséges termékenyítés aránya nem éri el legalább a 20%-ot, ott a környezeti (elsősorban az üzemi), ill. a genetikai hatás szétválasztása nem végezhető el pontosan. Ebből fakadóan, a genetikai variancia egy része környezeti varianciaként jelenik meg. Tekintettel arra, hogy a magyarországi sertés törzstelepeken a központi mesterséges termékenyítő állomásokról származó termékenyítőanyag felhasználása minimális, az alacsony  $h^2$ -értékek a confounding-jelenségnek tulajdoníthatók.

## 4. táblázat

Az üzemi sajátteljesítmény vizsgálatból számított  $h^2$ -értékek (és becslési hibájuk)

Genotípus (1)	Egyedszám (2)	Életnapok száma (3)	Átlagos hátszalonna-vastagság (mm) (4)
Magyar nagyfehér húsertés (5)	118.717	<b>0.24</b> (1.9%)	<b>0.24</b> (1.8%)
Magyar lapály-sertés (6)	48.967	<b>0.23</b> (3.5)	<b>0.20</b> (4.0)
Duroc sertés (7)	7.375	<b>0.33</b> (7.0)	<b>0.15</b> (12.7)
Pietrain sertés (8)	3.399	<b>0.23</b> (16.7)	<b>0.33</b> (10.4)
Hybrid-A alapvona (9)	13.710	<b>0.22</b> (6.7)	<b>0.13</b> (8.9)
Hybrid-B alapvonal (10)	13.084	<b>0.14</b> (8.4)	<b>0.20</b> (7.3)

Table 4:  $h^2$  values calculated from the operational individual performance examination, and their estimation error

Genotype(1), Number of animals(2) Number of days of life(3), Mean back fat thickness(mm)(4), Hungarian Large White meat type pig(5), Hungarian Landrace pig(6), Duroc pig(7), Pietrain pig(8), Hybrid A line(9), Hybrid B line(10)

A másik mért tulajdonság az ÜSTV-ben az átlagos hátszalonna-vastagság. A becslt  $h^2$ -értékek a vártnál alacsonyabbak, általában 0,20 körüliek. A szalonnvastagságból ugyanis a vágóértékre következtetünk, s mivel e tulajdonság általában magas  $h^2$ -értékkel jellemezhető, a becslés során is legalább közepes (0,3-0,5 közötti) örökölhetőséget vártunk. Ezzel szemben csupán a pietrain fajtánál becsltünk 0,30 fölötti értéket.

Az átlagos hátszalonna-vastagságra kapott alacsony  $h^2$ -ek is -részben- a confounding-nak tulajdoníthatók. Azonban e tulajdonságnál az üzemi mérések pontatlanságának is van torzító hatása. Ez közismert, melyet bizonyítani is tudtunk azáltal, hogy kísérleti körülmények között végzett korábbi vizsgálatban 0,4-0,5 közötti  $h^2$ -et kaptunk e tulajdonságra. Ezért feltétlenül szükség lenne az ÜSTV-ben a hátszalonna vastagság ultrahanggal történő mérésénél a pontosság növelésére.

Az 5. táblázatban a központi vizsgáló állomásokon hízlalt és 105±2 kg-os testtömegben levágott sertésivadékok teljesítményadataiból becslt  $h^2$ -értékeket tüntettük fel. A táblázat első oszlopában, a növekedési erélyt kifejező tulajdonságnak, a hízlalási napok számának becslt örökölhetőségi értékei láthatók (zárójelben itt is a becslés standard hibáját adtuk meg, a  $h^2$ -érték %-ában). A számított  $h^2$ -ek 0,24 és 0,51 között szóródnak. Ezek a koefficiensek megfelelnek az előzetes elvárásainknak, s az irodalmi értékeknek. Meglepő viszont, a  $h^2$ -ek közötti viszonylag nagy szóródás. Úgy gondoljuk, hogy a legnagyobb létszámú magyar nagyfehér populációra számított 0,41-es  $h^2$ -érték, realisan tükrözi a magyarországi sertésfajták növekedési erélyének örökölhetőségét. Az ettől jelentősen eltérő adatok elsősorban a viszonylag kis populációlétszámmal magyarázhatók. A létszámok függvényében változik a standard hiba is, 3-25% között.

## 5. táblázat

A központi állomási tesztvizsgálatból számított  $h^2$ -értékek (és becslési hibájuk)

Genotípus (1)	Egyed- szám (2)	Hízalási napok száma (3)	Takarmány fogyasztás hízalás alatt (kg) (4)	Értékes húsrészek mennyi- sége (kg) (5)	Húsminő- ségi pontszám (6)
Magyar nagyfehér húsertés(7)	6.194	<b>0.41</b> (3.0%)	<b>0.42</b> (3.9%)	<b>0.67</b> (3.3%)	<b>0.09</b> (14.1)
Magyar lapálysertés (8)	2.992	<b>0.51</b> (8.4)	<b>0.32</b> (11.0)	<b>0.55</b> (6.3)	<b>0.13</b> (17.8)
Duroc sertés (9)	1.150	<b>0.27</b> (9.7)	<b>0.32</b> (6.6)	<b>0.61</b> (5.8)	<b>0.21</b> (14.2)
Pietrain sertés (10)	709	<b>0.44</b> (24.8)	<b>0.55</b> (16.7)	<b>0.39</b> (18.1)	<b>0.17</b> (22.6)
Hybrid-A alapvonal (11)	1.670	<b>0.24</b> (19.0)	<b>0.25</b> (19.5)	<b>0.57</b> (6.7)	<b>0.04</b> (61.7)
Hybrid-B alapvonal (12)	1.771	<b>0.46</b> (10.8)	<b>0.40</b> (9.8)	<b>0.46</b> (7.7)	<b>0.15</b> (22.6)

Table 5:  $h^2$  values calculated from the central station test examination, and their estimation error

Genotype(1), Number of animals(2) Number of days of fattening period(3), Feed consumed during the trial period(kg)(4), Quantity of valuable meat parts(kg)(5), Points total for meat quality(6), Hungarian Large White meat type pig(7), Hungarian Landrace pig(8), Duroc pig(9), Pietrain pig(10), Hybrid A line(11), Hybrid B line(12)

A HVT folyamán a sertésegyedek által elfogyasztott takarmány mennyiségének örökölhetőségi értékét tartalmazza az 5. táblázat második oszlopa. A  $h^2$ -értékek e tulajdonságban 0,25 és 0,55 között szóródnak. Reálisnak a nagyfehér húsertés populációra becsült 0,42-es  $h^2$ -et tartjuk, ahol a hiba 3,9%-os. Az e tulajdonságban becsült  $h^2$ -értékek esetében sem tudjuk még egyértelműen eldönteni, hogy az eltérések valóban fajtakülönbségekből adódnak-e, vagy pedig a viszonylag alacsony létszámból.

A legjobban öröklődő paraméterek a vágóértéket kifejező értékmérők. Mi ezek közül az értékes húsrészek (tarja, karaj, lapocka és comb) tömegét vizsgáltuk. Megállapítottuk, hogy e tulajdonságban a  $h^2$ -értékek zöme 0,55-0,67 közé esik, ami megfelel az irodalmi értékeknek. A standard hibák is alacsonyak, kivéve a pietrain fajtát (18,1%). Ez különösen figyelemre méltó, hiszen ennél a szuperizmolt fajtánál, ahol az értékes húsrészek mennyisége a legnagyobb, vártuk a legmagasabb  $h^2$ -értéket. Ezzel szemben, a legalacsonyabb örökölhetőséget -a legnagyobb standard hibával- itt számítottuk. Az ok valószínűleg a kis populációméretben keresendő, hiszen a legnagyobb standard hibát mindhárom eddig ismertetett tulajdonságnál e fajtában találtuk.

A központi ivadékvizsgálatban mért fontos tulajdonság a húsminőség. Amint azt az 5. táblázat utolsó oszlopa tartalmazza, ezen értékmérőnél 0,04-0,21 közöttiek a becsült

koefficiensek. Ez azt jelenti, hogy a húsmínőségi pontszám, mely magába foglalja a  $pH_1$ ,  $pH_2$  értéket, a hússzint és egy, a minősítő által adott szubjektív pontértéket, alapvetően a környezeti tényezők befolyása alatt áll. A nullához közeli  $h^2$ -értékek jelzik, hogy az ily módon kialakított húsmínőségi pontszámokban az örökletes hatásoknak csekély a szerepük. A becslési hibák is a többszörösére nőttek, 14 és 62 % közöttiek. Ebből is következik, hogy a húsmínőségi pontszám jelenlegi számítási módszere feltétlenül módosításra szorul. Részben azért, mert egy szubjektív pontértéknek nincs helye olyan paraméterek között, melyek műszeres mérési eredményeken alapulnak, részben pedig azért, mert a négy rész tulajdonság összefoglalásával képződő pontszám statisztikai szempontból értékelhetetlen.

Összefoglalásképpen elmondható, hogy a magyarországi sertés törzspopulációknál becsült  $h^2$ -értékek a várakozásoknak megfelelőek voltak. Ez bizonyítja, hogy a sertésállományok genetikai struktúrája alapvetően azonos a világ fejlett sertésenyésztő országaiban lévő állományokéval. A becsült örökölhetőségi értékekben talált fajtakülönbségek részben a viszonylag kis populáció-létszámokkal, részben mérési pontatlansággal magyarázhatók. Természetesen nem zárható ki az sem, hogy a  $h^2$ -értékben tényleges fajtakülönbségek is vannak. Ennek bizonyítására az adatbázis növelésével párhuzamosan további számításokat fogunk végezni.

### KÖVETKEZTETÉSEK

A magyarországi sertés törzspopulációk örökölhetőségi értékeinek REML-módszerrel történt becslését követően a következő főbb megállapítások tehetők.

- A magyarországi sertésállomány  $h^2$ -értékei -összességében- az irodalomban közöltekhez hasonlóak. Ez bizonyítja, hogy a magyar sertésfajták genetikai struktúrája alapvetően azonos a világ fejlett sertésenyésztő országaiban lévő állományokéval.

- A magyarországi sertés törzstenyészetekben a mesterséges termékenyítés nem általános, ezért a genetikai paraméterek becslésénél az ún. confounding jelenség lép fel. Ez az üzemi (környezeti) és a genetikai hatás összekeveredését jelenti, mely számításainknál az üzemi sajátjeljesítmény vizsgálatból becsült  $h^2$ -értékek indokolatlanul alacsony értékét eredményezte.

- A központi állomási vizsgálatból (ivadékvizsgálat) származó húsmínőségi pontszám  $h^2$ -értékei a vártnál alacsonyabbak, a becslés hibája pedig többszöröse a többi tulajdonságnál kapott hibának. Mindez sürgeti a húsmínőség értékelési módszerének átalakítását.

- A fajták, illetve genotípusok örökölhetőségi értékei közötti eltérések magyarázatára további vizsgálatok szükségesek.

### IRODALOM

- Busse, W., Groeneveld, E. (1986). Schätzung von Populationsparametern bei Schweinen der Deutschen Landrasse an Daten aus dem Marienseer-Herdbuch-Informationssystem. Züchtungskunde, Stuttgart, 58. 175-195.
- Csató L. (1998). A serteshús minőségének javítása tenyésztési eljárásokkal. (The improvement of pork quality by means of breeding techniques.) „AGRO-21” Füzetek. Budapest, 18. 66-77.



- Csató L., Farkas J., Groeneveld, E., Radnóczy L. (1997). Die Ungarische Schweinezücht-wertschätzung im Zeichen des BLUP-Verfahrens. Agr. Consp. Sci., Zagreb, 62. 1-2. 153-157.
- Csató L., Groeneveld, E., Farkas J. (1994). Főbb genetikai tendenciák a fajtatiszta magyar sertéspopulációkban. (Main Genetic Trend in the Purebred Hungarian Pig Populations.) Szaktanácsok. Kaposvár, 1-4. 5-11.
- Csató L., Groeneveld, E., Farkas J., Radnóczy L. (1994). Genetische Trends in der ungarischen Schweinezücht. Znan. prak. poljopr. technol. Osijek, XXIV. 1. II-16.
- Dohy J. (1979). Állattenyésztési genetika. Mg. Kiadó. Budapest, 311.
- Groeneveld, E. (1990). PEST. User's manual. Dep. Anim. Sci. Univ. Illinois, Urbana, 61801.
- Groeneveld, E. (1993). VCE User's Guide. Institut f. Tierzucht und Tierverhalten, Mariensee
- 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., Dummerstorf, 39. 5. 513-531.
- Henderson, C. R. (1984). Estimation of variances and covariances under multiple trait models. Dairy Sci., 67. 1581-1589.
- Henderson, C. R. (1975). Best Linear unbiased estimation and prediction under selection model. Biometrics, Raleigh, N. C. 31. 423-427.
- Kovac, M., Groeneveld, E. (1990). Genetic and environmental trends in German swine Herdbook Populations. Anim. Sci., Albany. 68. 3523-3535.
- Lundeheim, N., Eriksson, J. A. (1984). Estimating genetic change in the Swedish pig population by using mixed model methodology (BLUP). Acta Agric. Scand., Stockholm, 34. 97-106.
- Tölle, K. H., Trappmann, W. (1995). Ansätze zur Zuchtwertschätzung für Reproduktionsmerkmale beim Schwein. Vortragstagung der DGFZ und GFT., Hannover. A12.
- Tholen, W. (1994). Erfahrungen mit dem BLUP-Tiermodell in der Nordrhein-Westfälischen Schweineherdbuchzücht. Schweine-Workshop, Grub, BLT. 39-48.
- Tran, A. T., Wittmann M., Laky Gy. (1993). Genetikai paraméterek becslése sertések üzemi sajátjeljesítmény-vizsgálatában. Állatteny. és Tak., 42. 3. 235-246.
- Váradi G., Bartos A., Pozsgai É. (1997). A magyar nagyfehér hússertés és a duroc sertés néhány jelentősebb kvantitatív tulajdonsága. Állatteny. és Tak., 46. 3. 227-236.

Corresponding author (*levelezési cím*):

**László Csató**

Pannon University of Agriculture, Faculty of Animal Science

H-7401 Kaposvár P.O.Box 16.

Pannon Agrártudományi Egyetem, Állattenyésztési Kar

H-7401 Kaposvár, Pf.: 16.

Tel.:(82)-314-155, Fax:(82)-320-175

e-mail: csato@atk.kaposvar.pate.hu