

KUTATÁSI JELENTÉS a „Kvantitatív genetikai vizsgálatok a Pannon fehér nyúlpopulációban” c. ifjúsági OTKA téma (2005-2007) eredményeiről.

A kutatási munka célkitűzése, hogy a Kaposvári Egyetem Pannon fehér nyúlállományának teljes adatbázisát kvantitatív genetikai szempontok alapján elemezze. Ennek keretében a 2005. év feladatai a vizsgált értékmérőket leíró matematikai modellek kidolgozása, illetve az egyes értékmérőket jellemző genetikai paraméterek becslése voltak. A vizsgálatához felhasznált adatbázis gyűjtése kizárólag a Kaposvári Egyetem Kísérleti nyúltelepén történik a szaporasági és a hízekonysági tulajdonságokra nézve 1988-tól kezdődően, folyamatosan. A vágóértéket jellemző tulajdonságok közül a CT-vel végzett mérések az állományban 2000-tól kezdődően folyamatosak, míg a vágási adatok gyűjtése alkalmasszerű. Az adatgyűjtési módnak megfelelően a rendelkezésre álló mérések száma tulajdonságtól függően nagymértékben eltérő. A gyűjtött értékmérőket tulajdonságcsoportonként az 1. táblázatban adom meg.

1. táblázat. A vizsgálatba vont értékmérők átlaga és szórása (2000-2006)

Vizsgálatba vont értékmérők	Rekordszám	Átlag	Szórás
- Fialásonként élve született fiókák száma (1)	8705	31,5	0,64
- Fialásonként holtan született fiókák száma (2)	8705	8,08	3,25
- Vemhességi idő hossza (nap) (3)	8705	0,67	1,62
- 6 hetes testtömeg (kg) (4)	47473	0,87	0,18
- 10 hetes testtömeg (kg) (5)	37207	2,35	0,28
- 6 hetes és 10 hetes kor közötti átlagos napi testtömeggyarapodás (g/nap) (6)	37207	42,0	6,19
- 2.-3., illetve 4.-5. ágyékcsigolyák közötti hosszú hátizom keresztmetszeti felszín értékek számtani átlaga (cm ²) (7)	2889	19,61	1,72
- Vágáskori testtömeg (g) (8)	1041	2,73	0,22
- Vágási kitermelés (%) (9)	1041	61,07	1,97
- Hosszú hátizom tömege (g) (10)	1041	173	15,45
- Combizom becsült (CT) tömege (g) (11)	1995	335,3	36,1
-Vese körüli zsír tömege (g) (12)	1041	29,68	2,18

I. Az egyes értékmérőket leíró matematikai modell kialakítása:

Az értékmérőket jellemző matematikai modellek kialakításához többszörös variancia analízist alkalmaztam, a SAS szoftver GLM eljárása alapján. Ennek keretében, a vizsgált értékmérőkre nézve meghatároztam az azokat szignifikánsan befolyásoló környezeti tényezőket ($p < 0,05$) (2. táblázat). A statisztikai elemzés további részeinél csak a szignifikáns módon ható tényezőket vettem figyelembe.

II. Genetikai paraméterek becslése

Az egyes értékmérők öröklődhetőségének, illetve a köztük lévő genetikai korrelációs koefficienseknek becslését a REML eljárás alapján végeztem el. Ennek alkalmazásához a VCE 5.0 szoftvert használtam. Az alkalmazott lineáris modell az (1), (2), (3) tulajdonságoknál az un. ismételhetőségi modell, a (4), (5), (6), (7), (8), (9), (10), (11), (12) tulajdonságoknál az un. egyedmodell volt. Az ismételhetőségi modell esetében figyelembe vettem hogy egy anyának több fialási eredménye is lehet, ezért a modellben a tartós környezeti hatás is

szerepelt. Az egyedmodell esetében figyelembe vettem az alomhatás nagyságát, mely főleg fiatal korban jelentősen befolyásolja az egyedi teljesítményt.

2. táblázat. Az egyes értékmérőknél vizsgálatba vont környezeti tényezők tényezők szignifikancia vizsgálatának eredményei

Faktor	Típus ¹³	Értékmérő tulajdonságok											
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Kor (nap)	K	-	-	-	*	*	*	-	-	-	-	-	-
Fialási sorszám	F	*	*	*	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Fialáskori testtömeg	K	*	*	*	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ivar	F	-	-	-	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
Év-évszak	F	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
Vizsgálati-nap	F	-	-	-	-	-	-	ns	-	-	-	-	-
CT-vizsgálatkori testtömeg (kg)	K	-	-	-	-	-	-	*	-	-	-	-	-
Vágási testtömeg	K	-	-	-	-	-	-	-	-	*	*	*	*

¹⁻¹²1. táblázatban; ¹³Típus, F fix hatás; K kovariáló tényező; R random hatás; *(p<0,05); ^{ns}nem szignifikáns

Random hatások

Az egyes értékmérők becsült öröklődhetőségi értékeit (h^2), a tartós környezeti hatások nagyságát (pe), illetve a véletlen alomhatások nagyságát (c^2) a 3. táblázatban közlöm.

3. táblázat. A vizsgálatba vont értékmérőket jellemző random hatások értéke (a paraméterek standard hibái zárójelben láthatók)

Vizsgálatba vont értékmérők	h^2 (SE)	pe (SE)	c^2 (SE)
(1)	0,06 (0,01)	0,07 (0,01)	-
(2)	0,02 (0,01)	0,04 (0,01)	-
(3)	0,10 (0,01)	0,05 (0,01)	-
(4)	0,21 (0,01)	-	0,47 (0,01)
(5)	0,26 (0,01)	-	0,29 (0,01)
(6)	0,27 (0,01)	-	0,20 (0,01)
(7)	0,35 (0,03)	-	0,14 (0,02)
(8)	0,46 (0,06)	-	0,06 (0,04)
(9)	0,49 (0,14)	-	0,13 (0,05)
(10)	0,24 (0,12)	-	0,01 (0,01)
(11)	0,57 (0,11)	-	0,01 (0,01)
(11b)	0,31 (0,03)	-	0,11 (0,03)
(12)	0,21 (0,08)	-	0,14 (0,05)

A szaporaságot jellemző tulajdonságok h^2 és pe értéke csekély. A hízekonyságot jellemző értékmérők öröklődhetősége közepes. Az életkor növekedésével a testtömeg h^2 értéke növekvő, az alomhatás csökkenő tendenciát mutat. A vágóértéket jellemző tulajdonságok öröklődhetősége a közepes-közepesen nagy. A CT-vel mért értékmérők a nagy mérési pontosság ellenére csupán közepes öröklődhetőséget mutatnak. A vizsgált értékmérők közül combizom tömegének legnagyobb a h^2 értéke.

Genetikai korrelációk

A genetikai korrelációk közül azok nagy száma miatt csupán a legjelentősebb értékeket emelem ki. Az élve és holtan született fiókák száma nem mutatott érdemi összefüggést $r_g = -$

0,02 (0,03), ezért az élve született fiókák számára végzett szelekció nem növeli a holtan született fiókák számát. Ezzel szemben a holtan született fiókák száma pozitív korrelációt mutatott a 6 és a 10 hetes korban mért testtömeggel $r_g = 0,13$ (0,08), $r_g = 0,27$ (0,21). A hízekonyságot mutató értékmérők közül a 6 és 10 hetes kor közti átlagos napi tömeggyarapodás szoros korrelációt mutatott a 10 hetes tömeggel $r_g = 0,76$ (0,03). A kapott érték kedvezőtlen, mert a tömeggyarapodásra végzett szelekció eredményeként a vágási súlyt a növendékek egyre fiatalabb korban érik el, gyengébb vágási kitermelést mutatva $r_g = -0,29$ (0,12). A CT-vel mért hosszú hátizom keresztmetszeti felszín közepesen szoros pozitív genetikai korrelációt mutat a vágási kitermeléssel $r_g = 0,51$ (0,13), tehát a CT mérések alapján az egyedek levágása nélkül lehet szelekcióval javítani a vágási kitermelést, a 6 és 10 hetes korban mért testtömeg növelése nélkül $r_g = -0,05$ (0,10), $r_g = 0,05$ (0,10). Kedvező, hogy a CT-vel becsült combizom tömege nem mutat érdemi korrelációt a 6 és 10 hetes kor közti tömeggyarapodással $r_g = -0,05$ (0,16). A vágott egyedek combizom tömege ugyanakkor pozitív korrelációt mutat a hosszú hátizom tömegével $r_g = 0,36$ (0,20). A vesezsír tömege a combizom tömegével $r_g = -0,29$ (0,26), a hosszú hátizom tömegével $r_g = -0,59$ (0,39), illetve a vágási kitermeléssel $r_g = -0,80$ (0,38) is negatív korrelációt mutat. A rendelkezésre álló vágási adatok korlátozott száma miatt a becsült genetikai korrelációk nagy standard hibát mutatnak, ezért a kapott összefüggések a mérések számának növekedésével változhatnak.

Összességében a CT mérésekre alapozott szelekció a kapott öröklődhetőségi értékek, illetve az egyéb értékmérőkkel mutatott genetikai korrelációk alapján perspektivikusnak tűnik. A CT-vel becsült combizom tömegekre és a vágási adatokra, különösen a vágott egyedek combizom tömegére nézve további adatgyűjtés szükséges.

III. Egyedi tenyésztértékbecslés, szelekciós haladás becslése:

A teljes adatbázis felhasználásával meghatározott variancia-kovariancia komponensek ismeretében meghatároztam a vizsgálati egyedek tenyésztértékeit az egyes értékmérőkre nézve, BLUP módszer alkalmazásával (PEST szoftver). A vizsgált értékmérők: fialásonként élve született fiókák száma [1]; fialásonként holtan született fiókák száma [2]; vemhességi idő hossza (nap) [3]; 6 hetes testtömeg (kg) [4]; 10 hetes testtömeg (kg) [5]; 6 hetes és 10 hetes kor közötti átlagos napi testtömeggyarapodás (g/nap) [6]; 2.-3., illetve 4.-5. ágyéksigolyák közötti hosszú hátizom keresztmetszeti felszín értékek számtani átlaga (cm²) [7]; vágáskori testtömeg (g) [8]; vágási kitermelés (%) [9]; Hosszú hátizom tömege (g) [10]; becsült combizom tömege (g) [11]; vese körüli zsír tömege (g) [12]). Többváltozós ismételtetőségi modellt (1), (2), (3), (4); illetve egyedmodellt (5), (6), (7), (8), (9), (10), (11), (12) alkalmaztam. Az egyedmodell tulajdonságonkénti szerkezetét a benyújtott munkaterv részletesen tartalmazta. A szelekciós haladás becslését a 2000-tól kezdődően született egyedekre korlátoztam. A [11]-es tulajdonságot 2004-től kezdődően mérik. A genetikai előrehaladás nagysága az azonos évben született egyedek adott tulajdonságra vonatkozó átlagos tenyésztértékének lineáris illesztése a születési évre (4. táblázat).

A táblázatban a 2000-2006 közötti adatbázis alapján becsült szelekciós haladást adtam meg tulajdonságonként. Amennyiben az utolsó év adatait negyedévenként fűztem a korábbi időszak (2000-2005) adatbázisához a teljes időszakra vonatkozó trend (2000-2006 1. negyedév; 2000-2006 2. negyedév; 2000-2006 3. negyedév; 2000-2006 4. negyedév) érdemben nem változott.

4. táblázat. A vizsgálatba vont értékmérők éves szelekciós haladása (2000-2006)

Vizsgálatba vont értékmérők	Szel. haladás
- Fialásonként élve született fiókák száma (1)	0,022
- Fialásonként holtan született fiókák száma (2)	-0,031
- Vemhességi idő hossza (nap) (3)	0,010
- 6 hetes testtömeg (kg) (4)	0,039
- 10 hetes testtömeg (kg) (5)	0,006
- 6 hetes és 10 hetes kor közötti átlagos napi testtömeggyarapodás (g/nap) (6)	0,26
- 2.-3., illetve 4.-5. ágyécsigolyák közötti hosszú hátizom keresztmetszeti felszín értékek számtani átlaga (cm ²) (7)	0,33
- Combizom becsült (CT) tömege (g) (11)	2,04

A korábbi időszakban (2000) kapott szelekciós haladás megfelelt a külföldi nyúlállományok súlygyarapodásában közölt éves szelekciós haladásnak (0.45-1.23 g/év). A CT-re alapozott szelekció bevezetésének miatt a súlygyarapodásban a szelekciós intenzitás csökkent, vélhetően ez okozta a súlygyarapodás szelekciós haladásának csökkenését. Az eredmények alapján a 2001-2003 között mért 2.-3., illetve 4.-5. ágyécsigolyák közötti hosszú hátizom keresztmetszeti felszín értékek számtani átlaga nagyobb szelekciós haladást mutatott (a tulajdonság átlagához viszonyítva), mint a jelenleg CT-vel mért combizom tömeg. A kapott eltérés azt jelzi, hogy bár a becsült combizom tömege az értékes húsrészek nagyobb hányadát teszi ki, mérése vélhetően pontatlanabb, a korábbi CT-vel mért tulajdonsághoz képest. A combizom tömegét ugyanis 11-13 felvétel alapján lehet megadni, míg a 2.-3., illetve 4.-5. ágyécsigolyák közötti hosszú hátizom keresztmetszeti felszín értékek számtani átlagát két (nagyon pontosan meghatározható ponton történő) felvétel alapján határozták meg. A szaporasági tulajdonságokra az állományt nem szelektálják, ezért a szelekciós haladás hiánya nem meglepő. A vágási tulajdonságok esetében, további adatgyűjtés szükséges a szelekciós haladás megbízható becsléséhez (a becsült variancia komponensek alapján a BLUP nem adott értelmezhető eredményt).

IV. Egyedi beltenyésztési együtthatók becslése, tenyésztérbecslésben genetikai trend becslésében történő figyelembevétele

A vizsgálatot a 2003-2006 között született 17791, pannon fehér nyúl adatainak elemzésére korlátoztam. Az értékelt egyedek 2426 alomból származtak, a származást rögzítő pedigrében 19293 egyed szerepelt. A vizsgált értékmérők átlagát és szórását az 5. táblázatban tüntettem fel.

5. táblázat. A vizsgált értékmérők átlaga és szórása

Tulajdonság	Elemszám	Átlag	Szórás
- 6 hetes és 10 hetes kor közötti átlagos napi testtömeggyarapodás (g/nap) (6)	17791	42,6	6,28
- Combizom becsült (CT) tömege (g) (11)	1996	337,2	93,7

Az adatelemzést a pedigréanalízissel kezdtem, melyhez a PEDUTIL, az NGEN és a VANRAD programokat használtam. Első lépésben a PEDUTIL program futtatásával kiválasztottam a pedigréből a mérési eredménnyel rendelkező egyedek származási adatait, majd megállapítottam az egyedekre vonatkozó pedigré-teljességet (CGE) az NGEN-nel, azaz hogy bármely egyed származása hány teljes generációra nézve ismert, ezután pedig minden egyedre kiszámítottam a beltenyésztési együtthatót (F) a VANRAD program segítségével. Mindhárom program a PEDIG szoftvercsomag része. A pedigréanalízisből származó

eredményeket a mérési adatokat tartalmazó adatbázishoz illeszttem. Ezt követően REML és BLUP módszerekkel genetikai paraméterbecslést és tenyésztérbecslést végeztem, melyhez a PEST és VCE szoftvereket használtam. Az alkalmazott egyedmodellben figyelembe vettem az egyes értékmérőket befolyásoló hatásokat: pedigré teljesség, beltenyésztési együttható, testsúly (11), életkor (11), ivar, év-évszak, alom, egyed. A BLUP módszer alapján becsült tenyésztérbecslések illetve környezeti hatások (F) alapján meghatároztam az állomány vizsgált periódusra vonatkozó szelekciós haladását (adott időszakra számított tenyésztérbecslések átlagok lineáris illesztése az adott időszakra), illetve beltenyésztési leromlását (a BLUP által az F-re, mint kovariáló tényezőre becsült érték) a SGY és COMB értékmérőkre nézve (SAS, 2002-2003). A pedigréanalízis eredményeit a 6. táblázatban közlöm.

6. táblázat. A pedigré teljesség, illetve a beltenyésztési együttható (F) évenkénti átlaga és szórása (zárójelben)

Évek	1990	1991	1992	1993	1994	1995
Pedigré teljesség (a)	0,69 (0,43)	0,91 (0,57)	1,45 (0,59)	2,54 (0,73)	3,42 (0,81)	4,1 (1,03)
F (b)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	0,0 (0,04)	0,0 (0,01)	0,01 (0,04)	0,01 (0,01)
Évek	1996	1997	1998	1999	2000	2001
Pedigré teljesség (a)	5,11 (0,72)	5,77 (0,87)	6,87 (0,67)	7,27 (0,64)	7,85 (0,58)	8,50 (0,87)
F (b)	0,01 (0,03)	0,01 (0,01)	0,02 (0,02)	0,02 (0,01)	0,03 (0,01)	0,03 (0,01)
Évek	2002	2003	2004	2005	2006	
Pedigré teljesség (a)	9,47 (0,6)	10,54 (0,46)	10,76 (0,46)	11,51 (0,52)	12,04 (0,59)	
F (b)	0,04 (0,05)	0,05 (0,02)	0,05 (0,02)	0,05 (0,02)	0,06 (0,03)	

A táblázat alapján megállapítható, hogy az állomány pedigrételjessége az évek során folyamatosan növekedett. A táblázatokból az is látható, hogy az állomány évenkénti átlagos beltenyésztési együtthatója is folyamatosan növekedett és az utolsó vizsgálati évre, azaz 2006-ra elérte a 0,06-ot (6%), ami alapján az állomány még nem tekinthető jelentős szinten beltenyésztettnek. Bármely populációban az effektív populációméret ($N_e = 1/\Delta F$), ahol $\Delta F =$ a populáció beltenyésztettségének generációnkénti növekedése. Mivel az értékelt nyúlállomány generáció intervalluma nagyjából egy év, ezért az effektív populációméret mintegy 100. Ez az állomány méret duplája a kritikus állomány nagyságnak, azonban elmarad az ideális 500-tól vagyis néhány évig nem várható leromlás, azonban hosszú távon (legalább 30 generáció) a beltenyésztés negatív hatása a vizsgált állományban vélhetően tapasztalható lesz. A 6 hetes és 10 hetes kor közötti átlagos napi testtömeggyarapodás és a combizom becsült (CT) tömege értékmérők öröklődhetőségét, illetve genetikai korrelációt a beltenyésztési együttható figyelembevétele érdemben nem befolyásolta. A BLUP módszer alapján becsült éves beltenyésztési leromlás a SGY esetében -1 g/év, a combizom becsült (CT) tömege esetében -6,5 g/év, vagyis a vizsgált értékmérőkben tapasztalt teljesítménycsökkenés elhanyagolható.

V. Az értékelt populáció genetikai struktúraváltozásának leírása

A genetikai struktúraváltozás leírásához az 1992-2006 között született 4647 tenyészállatot vettem figyelembe. A vizsgált populációban a genetikai variancia változásának nyomon követéséhez használt paraméterek az alábbiak voltak:

Alapítói egyenérték az a populáció-alapító egyedekszám ahol az egyes utódgenerációkhoz történő egyenlő hozzájárulás esetén az alapítók alléljeinek eloszlása a vizsgálati populációval megegyezik:

$$f_e = \frac{1}{\sum (p_i^2)}$$

ahol p_i az az élő utódpopuláció alléljeinek az a hányada, mely az i -edik alapító őstől származik.

Az alapítói genotípusos egyenérték az előző fogalomtól annyiban különbözik, hogy itt figyelembe kell venni az alapító ősök génállományának azt a hányadát, mely a random drift miatt nem járul hozzá az utódnemzedék génállományához.

$$f_g = \frac{1}{\sum (p_i^2 / r_i)}$$

ahol az r_i az i -edik alapító őstől származó alléleknek az a hányada, melyet az utódgeneráció megőriz.

Átlagos rokonsági fok (AR): A populáció bármely egyedére nézve az átlagos rokonsági fok annak a valószínűsége, hogy a teljes populációt jellemző pedigriből véletlenszerűen kiválasztott allél az egyedhez tartozik.

Pedigré teljesség (CGE): Bármely egyed származása hány teljes generációra nézve ismert (teljes generáció ekvivalens). A paraméter számítása során generációnként ismert ősök arányát összesítjük.

Nem alapító ősök effektív létszáma (f_a): Azon ősök minimális létszáma (nem feltétlenül alapító ős), amellyel magyarázható a populáció teljes genetikai diverzitása, illetve annak fele (f_{a50}). A Pannon fehér nyúlállományát jellemző paramétereket a 7. táblázatban adtam meg.

7. Táblázat. A genetikai diverzitás változása a Pannon fehér nyúlállományban (pedigréanalízis alapján).

Szül. év	Nr	F (%)	Ne	AR	f_e	f_a	f_{a50}	f_g	CGe
1993	308	0.00	-	0.49	118	113	45	41.22	0.71
1994	283	0.26	264.7	1.13	80	71	27	37.45	1.44
1995	381	0.22	535.7	1.62	52	48	21	32.11	2.10
1996	380	0.47	335.2	1.95	54	46	21	30.60	2.73
1997	517	0.83	230.5	2.49	57	40	15	22.07	3.52
1998	436	1.69	135.3	2.85	55	36	13	19.14	4.49
1999	391	1.78	146.3	3.11	52	31	11	16.27	5.19
2000	267	2.33	120.9	3.25	53	31	11	14.91	5.73
2001	241	2.41	133.6	3.47	54	31	12	13.53	6.38
2002	267	3.29	109.8	3.77	51	27	10	11.49	7.36
2003	291	3.61	110.7	3.92	52	27	11	10.35	8.15
2004	281	4.13	106.4	4.00	52	29	11	9.61	9.03
2005	245	4.64	103.2	4.00	53	29	11	9.12	9.73
2006	96	6.43	78.42	3.97	52	26	9	7.37	10.61

A Pannon fehér nyúlállomány 1992-óta nagyrészen zárt állományszerkezetű, ami beltenyésztési együtthatók folyamatos növekedésével járt. 2006-ban valamennyi egyed

beltenyésztett volt. Ugyanakkor a beltenyésztési szint viszonylag alacsony a 2006-ban született egyedek 73%-a csupán 0-6,25% közötti beltenyészettségi együtthatóval rendelkezik. A populáció az átlagos rokonsági fokkal is jellemezhető. Amennyiben az átlagos beltenyésztési együttható nagyobb, mint az $AR \times 0,5$, a párosítások rokon egyedek között történnek. A táblázat alapján látható, hogy az 1990-es évek elején a rokonpárosításokat még sikerült elkerülni, azonban az állomány zártsága miatt ez az állapot nem volt tartós és az átlagos beltenyésztési együttható az 1990-es évek végére meghaladta az átlagos rokonsági együttható felét. Az alapítói egyenérték, illetve az alapítói genotípusos egyenérték paraméterek szintén csökkenő tendenciát mutattak az évek múlásával.

A fenti paraméterekből képzett hányadosok (fa/fe ; fg/f) szintén jellemzik a vizsgált populációt és a palacknyak effektus, illetve a véletlen génsodródás nagyságát jelzik. A Pannon fehér nyúlállomány esetében ezeknek a hányadosoknak a nagysága sorrendben 0,50, illetve 0,14, ami arra utal, hogy egyes tenyészállatok favorizált használata miatt a genetikai diverzitás csökkent.

Összefoglalva a genetikai szerkezetvizsgálat eredményeit az állományban a beltenyésztettség átlagos szintje alacsony, a beltenyésztési ráta viszonylag csekély. 2006-ban azonban a beltenyésztési ráta a korábbi évekhez viszonyítva jelentősen növekedett. Ezt vélhetően elsősorban az állomány létszámának csökkenése okozta. A beltenyésztési ráta további növekedése már káros lehet, ezért az állományméret szinten tartása, de inkább növelése lenne kívánatos. Amennyiben a beltenyésztési ráta tovább növekszik, úgy mindenképpen célszerű alkalmazni azokat a módszereket, melyeket az állattenyésztésben a közelmúltban dolgoztak ki a beltenyésztési ráta minimalizálására és a szelekciós haladás maximalizálására (speciális szoftverek). A módszer alkalmazása a Pannon fehér nyúlfajta tenyésztési programjában megkönnyítené a beltenyésztési ráta minimalizálását.