

Poglavje 2

Napoved plemenske vrednosti in postopek odbire pri preizkusu prašičev v pogojih reje

Gregor Gorjanc^{1,2}, *Julijana Golubović*¹, *Špela Malovrh*¹, *Milena Kovač*¹

Izveček

Predstavljamo metodiko napovedi plemenske vrednosti in postopek odbire pri preizkusu prašičev v pogojih reje. Plemenske vrednosti napovedujemo za trajanje pitanja (ST) od rojstva do povprečne mase pri odbiri v populaciji in debelino hrbtne slanine (DHS) z dvolastnostnim modelom živali. Plemensko vrednost za število živorojenih pujskov (VG) izračunamo iz plemenskih vrednosti preizkušanih staršev. Agregatni genotip (AG) se razlikuje za maternalne in terminalne pasme oziroma linije. Pri maternalnih genotipih prispevajo po 30 % ST in DHS ter 40 % VG, pri terminalnih pa po 50 % ST in DHS. Živali rangiramo na osnovi AG in razvrstimo v kakovostne razrede: dom, reprodukcija, pitanje in klanje.

Ključne besede: prašiči, selekcija, preizkus v pogojih reje

Abstract

Title of paper: **Prediction of breeding value and selection in field test for pigs**

Prediction of breeding values and selection for field test in pigs are presented. Breeding values are predicted for days on test (DoT) between birth and average weight at selection in population and backfat thickness (BF) with two trait animal model. Breeding value for number of liveborn piglets (NBA) is calculated as the average breeding value of parents. Aggregate genotype (AG) differs for dam and sire lines. DoT and BF accounts for 30 % each and NBA for 40 % in dam lines, while DoT and BF are weighed equally in sire lines. Animals are ranked according to AG and classified to be used in nucleus, multiplier, and production level of selection scheme or culled.

Keywords: pigs, selection, field test

¹Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko, Groblje 3, 1230 Domžale

²E-pošta: gregor@mrcina.bfro.uni-lj.si

2.1 Uvod

Preizkus v pogojih reje izvajamo praviloma pod običajnimi pogoji v reji. Za to ne potrebujemo posebnih objektov ali zahtevnejše opreme. Izmerimo večje število živali, podatke pogosto uporabljamo tudi v druge namene, zaradi obsega dela so meritve posledično manj natančno opravljene. Živali so praviloma vhlavljene skupinsko. V večjih rejah opravljamo meritve enkrat tedensko, pri manjših rejcih pa lahko tudi na dva do tri tedne.

Preizkus v pogojih reje je lahko primerna dopolnitev preizkusa na testni postaji. Služi lahko tudi za kontrolo učinka selekcije, opravljene na testnih postajah, saj je možna prisotnost interakcije med genotipom in okoljem. Meritve na plemenskih mladnicah služijo tudi pri izločanju mladic s pretanko hrbtno slanine, saj je znana negativna povezava z velikostjo gnezda in dolgoživostjo. Največja pomanjkljivost tega preizkusa je, da niso izmerjene vse živali, ki so končale preizkus. Predhodna izločitev slabših živali zmanjša variabilnost, napoved plemenske vrednosti je manj zanesljiva.

V letu 2003 smo začeli na farme in zavode pošiljati poskusno napoved plemenske vrednosti in razvrstitev v kakovostne razrede odbire za mladice. Z letošnjim letom bi pri preizkusu prašičev v pogojih reje prešli v celoti na odbiro po napovedi plemenske vrednosti. Uvajamo dva agregatna genotipa in sicer za maternalne in terminalne pasme ločeno.

V prispevku podajamo opis metodike napovedovanja plemenske vrednosti in postopka odbire pri preizkusu prašičev v pogojih reje in s tem tako nadaljujemo opis strokovnega dela pri selekciji prašičev v Sloveniji (Malovrh in sod., 2003).

2.2 Preizkus

2.2.1 Pogoji in merjenje

Preizkus lastne proizvodnosti v pogojih reje izvajamo v selekcijskih in razmnoževalnih rejah ter vzrejnih središčih. Preizkus je poleg prej omenjenih rej mogoč tudi na vzorčnih kmetijah, ki vzrejajo plemenske živali zase. Reja ali skupina rej, ki so genetsko povezane, morajo za preizkus zagotavljati zadostno število preizkušanih živali v primerjalni skupini, ki jo določajo genotip, spol, sorodstvo med živalmi, obdobje in reja. Preizkus v pogojih reje traja od rojstva do odbire okoli 100 kg. Masa ob odbiri je v osnovi omejena navzdol s 85 kg in navzgor s 135 kg, pri čemer pa je možno prilagoditi meje za posamezne reje, če obstajajo razlike v načinu vzreje. Posamezne reje imajo tako lahko različno povprečno maso ob odbiri na omenjenem intervalu. Zaželeno je, da se reje odločijo za ožji interval. V preizkusu spremljamo rast in posredno ocenjujemo mesnatost na podlagi meritev debeline hrbtna (S_1 , S_2) ter stranske slanine (S_3) z ultrazvokom. Pri vseh živalih ocenimo tudi zunanost.

2.2.2 Korekcija meritev

Ker je nemogoče zagotoviti merjenje živali točno pri določeni masi, je potrebno rezultate preizkusa pred napovedjo plemenske vrednosti korigirati. Korekcijo opravimo na povprečno

maso pri odbiri v zadnjem obdobju za posamezno farmo oz. območni zavod, ker so tehnologije vzreje različne med posameznimi rejami. Korekcije za posamezne reje znotraj območnih zavodov niso primerne, ker so skupine večinoma premajhne. Povprečno maso preverimo in uskladimo najmanj enkrat letno ali ob spremenjenem postopku odbire.

Za opis hitrosti rasti uporabljamo starost pri povprečni masi odbranih živali oz. trajanje pitanja (ST). Korekcijo starosti na povprečno maso (\bar{w}) opravimo na osnovi izmerjene mase (w) in izračunane starosti ob odbiri (t), pri čemer rojstno maso zanemarimo [enačba 2.1].

$$y^* = \bar{w} \frac{t}{w} \quad [2.1]$$

Za debelino hrbtne slanine (DHS), merjeno z ultrazvokom, ne opravljamo predhodnih korekcij. Korekcijo na povprečno maso odbranih živali opravimo z vključitvijo telesne mase ob odbiri v model za napoved plemenskih vrednosti. V izračun vključimo povprečje treh meritev [enačba 2.2]: dveh ponovitev na sredini hrbta in stranske slanine.

$$DHS = \frac{S_1 + S_2 + S_3}{3} \quad [2.2]$$

2.3 Napoved plemenske vrednosti

Napoved plemenske vrednosti opravimo s programom PEST (Groeneveld in sod., 1990; Groeneveld, 1990) po metodi mešanih modelov (Henderson, 1984). Za napoved potrebujemo ustrezno pripravljene podatke in poreklo, statistični model in ocene komponent variance. Podatke in poreklo pripravimo iz centralne baze z SQL programi. Sam statistični model bomo opisali v nadaljevanju. Komponente variance ocenimo s programom VCE (Kovač in sod., 2002; Kovač in Groeneveld, 2002) za posamezno (povezano) populacijo enkrat letno in ob vsaki dopolnitvi statističnega modela. Takrat opravimo primerjavo s predhodnimi izračuni. Če so nove ocene sprejemljive, zamenjajo vrednosti pri izračunu plemenskih vrednosti. Pri ocenjevanju novih komponent (ko)variance preverimo tudi enačbo v statističnem modelu in predpostavke. Zaradi različne tehnologije vzreje živali in premajhnih genetskih vezi med populacijami napovedi plemenskih vrednosti med farmami niso primerljive.

2.3.1 Trajanje pitanja in debelina hrbtne slanine

Model [2.3] pri preizkusu prašičev v pogojih reje za ST ($y_{1ij[k]lm}^*$) vključuje sistematska vpliva z nivoji: sezono kot interakcijo leto-mesec (M_{1i}) in vpliv genotipa (G_{1j}). V primeru, da je v preizkus vključenih več spolov, je v modelu tudi vpliv spola (S_{1k}). V naključnem delu modela imamo skupno okolje v gnezdu (c_{1jl}), v katerem so bile plemenske živali rojene, in direktni aditivni genetski vpliv oz. vpliv živali (a_{1ijklm}), ki predstavlja plemensko vrednost. Model [2.4] za DHS (y_{2ijklm}) vključuje, poleg omenjenih vplivov, še neodvisno

spremenljivko telesno maso ob odbiri ($w_{ij[k]mn}$) kot linearno regresijo, vgnezdno znotraj genotipa. Živali iz istega gnezda so lahko uvrščene v različne sezone, ker so le te določene glede na mesec odbire.

$$y_{1ij[k]mn}^* = M_{1i} + G_{1j} [+S_{1k}] + c_{1jm} + a_{1ij[k]mn} + e_{1ij[k]mn} \quad [2.3]$$

$$y_{2ij[k]mn} = M_{2i} + G_{2j} [+S_{2k}] + b_{2j} (w_{ij[k]mn} - \bar{w}) + c_{2jm} + a_{2ij[k]mn} + e_{2ij[k]mn} \quad [2.4]$$

Število in razporeditev meritev po času in med rejami ter pomanjkanje genetskih vezi zaenkrat ne omogoča izvrednotenje plemenskih vrednosti in primerjavo živali med rejami. Za napoved plemenske vrednosti pri rejah (vzrejna središča znotraj zavoda), ki imajo zadovoljivo genetsko povezavo, modela vključujeta še vpliv reje (h_l) kot naključni vpliv [enačbi 2.5 in 2.6], ker je število meritev po posameznih vzrejnih središčih manjše.

$$y_{1ij[k]lmn}^* = M_{1i} + G_{1j} [+S_{1k}] + h_{1l} + c_{1jm} + a_{1ij[k]lmn} + e_{1ij[k]lmn} \quad [2.5]$$

$$y_{2ij[k]lmn} = M_{2i} + G_{2j} [+S_{2k}] + b_{2j} (w_{ij[k]lmn} - \bar{w}) + h_{2l} + c_{2jm} + a_{2ij[k]lmn} + e_{2ij[k]lmn} \quad [2.6]$$

Model za obe lastnosti lahko predstavimo v matrični obliki z enačbo [2.7] oz. [2.8] za reje z zadovoljivimi genetskimi povezavami, kjer je \mathbf{y} vektor opazovanj (ST in DHS), $\boldsymbol{\beta}$ vektor neznanih parametrov za sistematski del modela, \mathbf{h} vektor neznanih parametrov za vpliv reje, \mathbf{c} vektor neznanih parametrov za vpliv skupnega okolja v gnezdu, \mathbf{a} vektor neznanih parametrov za direktni aditivni genetski vpliv oz. plemensko vrednost in \mathbf{X} , \mathbf{Z}_h , \mathbf{Z}_c , \mathbf{Z}_a pripadajoče matrike dogodkov ter \mathbf{e} vektor naključnih ostankov.

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_c\mathbf{c} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad [2.7]$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_h\mathbf{h} + \mathbf{Z}_c\mathbf{c} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad [2.8]$$

Ker so predpostavke za model za posamezne reje in združene reje podobne, jih prikazujemo le za model za združene reje, ki je nekoliko bolj splošen. Predpostavljamo, da je pričakovana vrednost modela enaka kar sistematskemu delu [enačba 2.9], to je, da so pričakovane vrednosti naključnih vplivov in ostanka enake 0. Privzeli smo tudi, da so opazovanja na različnih živalih nekorelirana, razen če so živali iste reje, iz istega gnezda ali drugače sorodne [enačbi 2.9 in 2.10]. Matrike varianc in kovarianc lahko predstavimo v enačbah [2.10] do [2.14]. Za vpliv reje in skupnega okolja v gnezdu je struktura matrike varianc in kovarianc blok-diagonalna, medtem ko za aditivni genetski vpliv določa strukturo sorodstvo, ki je opisano v matriki sorodstva (\mathbf{A}). Parametri disperzije so elementi kvadratnih matrik reda 2 [enačbe 2.15 do 2.18] za vpliv reje (\mathbf{H}_0), skupnega okolja v gnezdu (\mathbf{C}_0), aditivni genetski vpliv (\mathbf{G}_0) in ostanek (\mathbf{R}_{k0}). Celotna matrika za ostanek (\mathbf{R} v enačbi [2.14]) je direktna

vsota matrik \mathbf{R}_{10} in \mathbf{R}_{20} . Matriki \mathbf{R}_{10} in \mathbf{R}_{20} se razlikujeta, ker lahko izjemoma v primeru prevelikih odstopanj DHS izločimo to meritev iz izračuna. Matrike \mathbf{R}_{30} ni, saj v primeru prevelikega odstopanja telesne mase iz izračuna izločimo tako ST in DHS, ker ni možno opraviti korekcij. Predpostavili smo tudi, da so parametri disperzije homogeni v populaciji, ki jo predstavlja posamezna reja ali združene reje. Skupaj je v matrikah varianc in kovarianc devet parametrov disperzije za posamezne reje in dvanajst, če se reje združujejo.

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{r} \\ \mathbf{c} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \mathbf{V} & \mathbf{Z}_h\mathbf{H} & \mathbf{Z}_c\mathbf{C} & \mathbf{Z}_a\mathbf{G} & \mathbf{R} \\ \mathbf{H}\mathbf{Z}'_h & \mathbf{H} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{C}\mathbf{Z}'_c & \mathbf{0} & \mathbf{C} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{G}\mathbf{Z}'_a & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{G} & \mathbf{0} \\ \mathbf{R} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right) \quad [2.9]$$

$$\text{var}(\mathbf{y}) = \mathbf{V} = \mathbf{Z}_h\mathbf{H}\mathbf{Z}'_h + \mathbf{Z}_c\mathbf{C}\mathbf{Z}'_c + \mathbf{Z}_a\mathbf{G}\mathbf{Z}'_a + \mathbf{R} \quad [2.10]$$

$$\text{var}(\mathbf{h}) = \mathbf{H} = \mathbf{I}_h \otimes \mathbf{H}_0 \quad [2.11]$$

$$\text{var}(\mathbf{c}) = \mathbf{C} = \mathbf{I}_c \otimes \mathbf{C}_0 \quad [2.12]$$

$$\text{var}(\mathbf{a}) = \mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0 \quad [2.13]$$

$$\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R} = \sum_{i=1}^k \oplus \mathbf{R}_{k0} \quad [2.14]$$

$$\mathbf{H}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{h1}^2 & \sigma_{h1h2} \\ \sigma_{h1h2} & \sigma_{h2}^2 \end{bmatrix} \quad [2.15]$$

$$\mathbf{C}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{c1}^2 & \sigma_{c1c2} \\ \sigma_{c1c2} & \sigma_{c2}^2 \end{bmatrix} \quad [2.16]$$

$$\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a1}^2 & \sigma_{a1a2} \\ \sigma_{a1a2} & \sigma_{a2}^2 \end{bmatrix} \quad [2.17]$$

$$\mathbf{R}_{10} = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e1e2} \\ \sigma_{e1e2} & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}, \mathbf{R}_{20} = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \quad [2.18]$$

Z dvolastnostnim mešanim modelom dobimo za vsako žival dve napovedi plemenske vrednosti:

\hat{a}_{ST} - trajanje pitanja do povprečne mase pri odbiri (dni)

\hat{a}_{DHS} - povprečna debelina slanine, merjena z ultrazvokom, pri odbiri (mm)

2.3.2 Velikost gnezda

Za prašiče, ki so v preizkusu, še ne moremo direktno napovedati plemensko vrednost (\hat{a}_{VG}) za velikost gnezda oz. število živorojenih pujskov ob praritvi (VG). Napovemo jo lahko posredno z večlastnostnim modelom, ki bi poleg meritev trajanja pitanja in debeline hrbtne slanine vključeval še meritve za velikost gnezda sorodnikov. Pri tem bomo upoštevali tudi povezanost med pitovnimi lastnostmi in velikostjo gnezda. V tem primeru merjene sorodnike predstavljajo poleg prednikov tudi svinje sovrstnice. Trenutno takšen model še razvijamo. Do takrat predpostavljamo, da oba sklopa lastnosti nista korelirana in plemensko vrednost za velikost gnezda izračunamo kot povprečje plemenskih vrednosti njihovih staršev [enačba 2.19], kjer sta \hat{a}_{σ} in \hat{a}_{ϕ} plemenski vrednosti očeta in mame. V kolikor tudi starši (eden ali oba) nimajo napovedi za plemenske vrednosti, je plemenska vrednost enaka nič. To pomeni, da se žival uvršča v povprečje populacije (Falconer in Mackay, 1996).

$$\hat{a} = \frac{\hat{a}_{\sigma} + \hat{a}_{\phi}}{2} \quad [2.19]$$

2.4 Odbira plemenskih živali

2.4.1 Tip preizkusa

Zaradi kombiniranja več virov informacij za napoved ali izračun plemenske vrednosti pri odbiri poročamo tudi tip preizkusa, ki pove, kje je žival imela opravljen lastni preizkus proizvodnosti. Tipi preizkusa so:

- **TS** - preizkus sorodnikov,
- **TP** - preizkus na testni postaji,
- **PR** - preizkus v pogojih reje in
- **GN** - preizkus plodnosti.

V primeru, ko žival nima opravljenih meritev in ima preizkušene sorodnike, lahko z metodo mešanih modelov napovemo plemenske vrednosti za te živali na podlagi preizkusa sorodnikov (TS). Zanesljivost napovedi je seveda odvisna od števila in tipa sorodstva. Več je sorodnikov in bolj kot so ti sorodni, bolj je zanesljiva napoved plemenske vrednosti. Če so meritve sorodnikov vzete samo iz preizkusov lastne proizvodnosti in ne načrtovanega preizkusa sorodnikov, ima takšen tip preizkusa manjšo veljavo kot ostali. Preizkus lastne proizvodnosti na testni postaji (TP) je v Sloveniji opravljen pri merjascih. Na drugi strani imamo mladice v preizkusu lastne proizvodnosti v pogojih reje (PR) in prav tako v pogojih reje preizkus lastne proizvodnosti svinj na plodnost (GN).

2.4.2 Rangiranje po agregatnem genotipu

Iz plemenskih vrednosti za trajanje pitanja (ST), debelino hrbtna slanina (DHS) in število živorojenih pujskov na gnezdo (VG) ter pripadajočih ekonomskih tež izračunamo napoved agregatnega genotipa po enačbi [2.20] za maternalne genotipe in enačbi [2.21] za terminalne genotipe. Agregatni genotip je sestavljen tako, da je povprečje 100. Posamezne lastnosti pri maternalnih genotipih prispevajo po 30 % za ST in DHS ter 40 % za VG, pri terminalnih pa po 50 % za ST in DHS.

$$\widehat{AG}_m = 100 - 0.64 * \hat{a}_{ST} - 2.86 * \hat{a}_{DHS} + 5.65 * \hat{a}_{VG} \quad [2.20]$$

$$\widehat{AG}_t = 100 - 0.64 * \hat{a}_{ST} - 2.86 * \hat{a}_{DHS} \quad [2.21]$$

Na osnovi napovedi agregatnega genotipa prašičem v preizkusu določimo rang. Rang določimo znotraj pasme in sicer enkrat v celotni populaciji in nato še v primerjalni skupini. Živali, ki jih rangiramo, razvrstimo najprej po napovedi agregatnega genotipa. Absolutni rang, ki je odvisen od števila vseh preizkušenih živali oziroma velikosti primerjalne skupine, pretvorimo v relativno obliko. Le-ta je predstavljena z odstotkom živali, ki so bile bolj ocenjene. Tako nižja vrednost pomeni, da je malo živali boljših od kandidata.

Kandidate za selekcijo razvrstimo v kakovostne razrede na osnovi doseženega ranga v primerjalni skupini. Primerjalno skupino tvorimo, da zagotovimo odbiro med živimi živalmi. V primeru negativnih ali nepomembnih trendov v populaciji bi bilo omogočeno, da bi bili visoko uvrščeni le živali starejših generacij, morda celo živali, ki niso več žive. Dolžina primerjalnega obdobja sme biti tako dolga, da omogoči odbiro kandidatov, torej živih živali. Hkrati pa mora zagotoviti zadostno število živali, da je rang zanesljiveje ocenjen. Na osnovi simulacij odbire pri vseh pasmah v primerjalno skupino vključujemo živali, ki so zaključile preizkus v zadnjih 24 tednih oziroma po potrebi daljše ali krajše obdobje, da zagotovimo zadostno število živali. Dolžino primerjalnega obdobja posamezne reje preverimo vsako leto za posamezno pasmo ali linijo.

2.4.3 Kakovostni razredi

2.4.3.1 Kakovostni razredi po napovedi plemenske vrednosti

Živali razvrstimo v kakovostne razrede na osnovi doseženega ranga v primerjalni skupini. Pragovi med kakovostnimi razredi so določeni v sodelovanju rejcev in centralne selekcijske službe. Preverjajo in usklajujejo se tekoče, vsaj enkrat mesečno, glede na plan in realizacijo v predhodnem obdobju. Kakovostni razredi po napovedi plemenske vrednosti so:

D - Dom V ta razred se lahko uvrstijo čistopasemske živali. Živali v tem razredu dosegajo odlične rezultate in so odbrane za rejo v čisti pasme - za nukleus. Delež živali določimo po dogovoru z rejami in je odvisen od povečevanja oziroma zmanjševanja črede in stopnje selekcije.

R - Reprodukcijski V ta razred se lahko uvrstijo čistopasemske živali. Živali v tem razredu dosegajo nekoliko slabše rezultate in so odbrane za razmnoževalni nivo. Njihovi potomci so križanci, ki jih uporabljamo za prirajo pitancev. Delež določimo po dogovoru z rejami.

P - Pitanjski V ta razred se praviloma uvrstijo križanci, lahko pa tudi slabše in starejše čistopasemske živali. Križanci v tem razredu dosegajo dobre rezultate in so odbrani za prirajo pitancev. Delež določimo po dogovoru z rejami.

K - Klanjski V ta razred se lahko uvrstijo čistopasemske živali in križanci. Živali v tem razredu dosegajo slabe rezultate in so namenjene izločitvi. Živali ne morejo v promet kot plemenske živali.

Trenutno so deleži živali po posameznih kakovostnih razredih razdeljeni tako, da v najvišji kakovostni razred oz. dom uvrstimo 20 % preizkušenih čistopasemskih živali (tabela 2.1). Za razmnoževanje oz. prenos genetskega napredka iz nukleusa v nižje nivoje selekcijske piramide namenimo 50 % preizkušenih čistopasemskih živali. Od preizkušenih križancev obdržimo kar 80 % živali za prirajo pitancev.

Tabela 2.1: Delež živali po kakovostnih razredih

Kakovostni razred	Čiste pasme	Križanci
Dom	15	-
Reprodukcijski	50	-
Pitanjski	-	80
Klanjski	35	20

2.4.3.2 Kakovostni razredi po napovedi plemenske vrednosti in oceni zunanosti

Zapisnik odbire z doseženimi rezultati in kakovostnimi razredi pošljemo na farmo ali zavod. Na podlagi ocene zunanosti, sorodstva med živalmi, potrebe po dodatnih preizkusih in drugega omogočimo tudi prehod iz nižjega v višji kakovostni razred (npr. dom - dom ohranitev linije oz. test - dodatni preizkus) in izdelamo dokončni zapisnik. Dodatni kakovostni razredi po napovedi plemenske vrednosti in oceni zunanosti so:

KE - Klanjski - eksterier V ta razred se lahko uvrstijo čistopasemske živali in križanci. Živali so lahko izločene že pri merjenju zaradi izrazitih napak v zunanosti. Pri obračunu plemenske vrednosti podatke uporabimo, vendar so naknadno izločene zaradi navedenega vzroka. Živali ne smejo v prodajo kot plemenske živali.

DO - Dom - ohranitev linije S tem razredom lahko rejci uvrstijo živali v nukleus, ki po napovedi plemenske vrednosti ne dosegajo dobrih rezultatov, vendar so pomembne za

ohranitev nesorodnih linij. V ta razred uvrstimo lahko samo živali, ki imajo nadpovprečno vrednost v primerjalni skupini.

PO - Pitanje - ohranitev obsega proizvodnje S tem razredom lahko rejci izjemoma uvrstijo živali v proizvodnjo za prirejo pitancev, ki po napovedi plemenske vrednosti ne dosegajo dobrih rezultatov, vendar pa so potrebne za ohranitev obsega proizvodnje. V začetnem obdobju so v ta razred odbrane živali, ki so verjetno zaradi manjkajočih meritev pri izločenih živalih ocenjene slabo. Pri merjenju in odbiri pa so bile odbrane za razplod.

T - Testiranje, nadaljni preizkusi V ta razred uvrstimo čistopasemske živali, pri katerih so potrebni dodatni preizkusi. Med njimi so lahko tudi živali uvoženega genetskega materiala. Prvi rezultati preizkušanih živali so nezanesljivi, zato jih obdržimo v preizkusu. Priporočamo, da je raba teh živali skrbno planirana in spremljana. Večje vključevanje v lastno čredo ali prodaja je mogoča šele po tem, ko je preizkus uspešno zaključen.

NT - Netestirane živali, živali brez preizkusa Tako označimo živali, ki so sicer odbrane, nimajo pa opravljenih vseh potrebnih meritev oziroma so preizkus nepravilno zaključile. Med najpogostejše vzroke štejemo premajhno ali preveliko maso, lahko pa tudi starost.

U - Uvožene živali V ta razred uvrščamo živali iz uvoza. Živali niso bile preizkušene v naših razmerah.

2.5 Objava rezultatov

Čas obdelave je usklajen s posameznimi opravili v rejah. Rezultate objavimo na spletni strani <http://agri.bfro.uni-lj.si/selekpras/BLUP>. Trenutno je število obdelav manjše, pričakujemo pa, da bi le te izvajali pogosteje. Slednje je pogojeno s frekvenco pošiljanja podatkov v center.

2.6 Zaključki

Za odbiro živali v preizkusu v pogojih reje smo vpeljali napoved plemenske vrednosti po metodi mešanega modela. Reje z zadostnimi genetskimi povezavami združujemo v skupno analizo. Plemenske vrednosti napovedujemo za trajanje pitanja od rojstva do povprečne mase pri odbiri v populaciji in debelino hrbtna slanina z dvolastnostnim modelom živali. Za velikost gnezda plemenskih vrednosti še ne napovedujemo po omenjeni metodi, ampak jih izračunamo na podlagi povprečja plemenskih vrednosti staršev. Vse tri plemenske vrednosti vključimo v napoved agregatnega genotipa, ki služi za rangiranje živali. Na osnovi ranga razvrstimo živali v kakovostne razrede: dom, reprodukcija, pitanje in klanje. Na voljo so še dodatne kategorije na podlagi ocene zunanosti, sorodstva med živalmi in potrebe po dodatnih preizkusih. Za hitro posredovanje podatkov in rezultatov se poslužujemo elektronskih načinov prenosa in objave rezultatov na internetu.

2.7 Viri

Falconer D.S., Mackay T.F.C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman, Essex, U.K., 4th ed. edition.

Groeneveld E. 1990. PEST User's Manual. Institute of Animal Husbandry and Animal Behaviour. Mariensee: 79 pp.

Groeneveld E., Kovač M., Wang T. 1990. PEST, a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. V: 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edinburgh, 23–27 Jun. 1990, Vol. 13. Edinburgh, The East of Scotland College of Agriculture: 488–491.

Henderson C.R. 1984. Applications of Linear Models in Animal Breeding. Guelph, University of Guelph.

Kovač M., Groeneveld E. 2002. VCE-5 Users' guide and Reference Manual Version 5.1. Institute of animal science, FAL. Mariensee: 57 pp. (in preparation).

Kovač M., Groeneveld E., Garcia-Cortes L.A. 2002. VCE-5, a package for the estimation of dispersion parameters. V: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vol. 33, str. 741–742. Montpellier, 19-23 aug. 2002. INRA 30: 3–10.

Malovrh Š., Gorjanc G., Kovač M. 2003. Napovedovanje plemenske vrednosti pri merjascih, str. 5–15. Spremljanje proizvodnosti prašičev, I. del. Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Katedra za etologijo, biometrijo in selekcijo ter prašičerejo.