

## Poglavje 1

# Napoved plemenske vrednosti in postopek odbire pri merjascih

*Špela Malovrh<sup>1,2</sup>, Gregor Gorjanc<sup>1</sup>, Milena Kovač<sup>1</sup>*

### Izveček

V prispevku želimo predstaviti napovedovanje plemenskih vrednosti na osnovi meritev pri merjascih na slovenskih selekcijskih farmah in postopek odbire merjascev. V grobem je na začetku pojasnjenih nekaj pojmov iz kvantitativne genetike za lažje razumevanje. Pri napovedovanju uporabljamo šest-lastnostni mešani model v statističnem programu PEST. V analizo so vključene: starost pri 30 kg, trajanje pitanja in konverzija krme med 30 in 60 kg ter med 60 in 100 kg ter debelina hrbtne slanine pri 100 kg merjena z ultrazvokom. Podajamo tudi predvidene spremembe pri napovedovanju v letu 2003.

Ključne besede: prašiči, merjasci, selekcija prašičev, Slovenija

### Abstract

Title of paper: **Breeding value prediction and selection procedure in boars**

The aim of paper is to present breeding value prediction for performance test of boars in Slovenian selection farms and selection procedure. For easier understanding, basic terms from quantitative genetics are described. The six-trait mixed model in statistical package PEST is used for prediction. Traits included are: age at 30 kg days on test and feed conversion efficiency from 30 to 60 kg, and from 60 to 100 kg, and ultrasonically measured backfat thickness at 100 kg. Changes in year 2003 are described.

Keywords: pigs, boars, pig breeding, Slovenia

---

<sup>1</sup>Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko, Groblje 3, 1230 Domžale

<sup>2</sup>E-pošta: spela@mrcina.bfro.uni-lj.si

## 1.1 Uvod

Selekcija temelji na variabilnosti, različnosti. Brez variabilnosti bi bile vse živali enake, mi bi pa ostali brez možnosti odbiranja boljših živali in izboljševanja lastnosti. Cilj selekcije domačih živali je izbira živali kot staršev, ki bodo v naslednji generaciji dali "najboljše" potomce. Osnovni zakoni iz kvantitativne genetike pojasnjujejo, da vsak starš prenese na svoje potomce naključno polovico svojih genov. Enako velja tudi za aditivno genetsko vrednost. Ker se s starša na potomca prenese le polovica genov, se prenese le polovica njegove aditivne genetske vrednosti na potomce. Kot vidimo, živali prenašajo na svoje potomce genetski material, zato želimo v selekciji "meriti" genetsko vrednost živali. Genetsko vrednost živali sestavljata dve vrsti komponent. Prve, ki se enostavno seštevajo, imenujemo aditivne. Drugi skupini pravimo neaditivne komponente, ker se ne seštevajo, temveč so posledica dominantnosti in specifičnih kombinacij genov (dominanca, epistaza), ki jih žival dobi od očeta in od matere, se pa ne prenašajo s staršev na potomce. Za aditivno genetsko vrednost ponavadi uporabljamo izraz plemenska vrednost. To tudi najpogosteje računamo oziroma prikažemo. Neaditivne komponente radi zanemarimo, ker praviloma pojasnjujejo le majhen delež fenotipske variabilnosti, hkrati pa njihovo napovedovanje (ocenjevanje) zahteva zelo zmogljive računalnike, ali pa jih celo presega pri velikih populacijah. To, da jih zanemarimo, pa ni povsem pravilno v primeru, kadar vpliv neaditivnih komponent ni zanemarljivo majhen, saj s tem zmanjšamo zanesljivost napovedi plemenske vrednosti.

Pri živalih lahko zares merimo le fenotipsko vrednost. Fenotip živali je tisto, kar lahko merimo (npr. debelina hrbtne slanine), subjektivno ocenjujemo (npr. lastnosti zunanosti) ali štejemo (npr. število živorojenih pujskov v gnezdu). Genotip vpliva na fenotip živali, hkrati pa na fenotip vplivajo drugi dejavniki, kot so krmljenje, vhlvitev, vodenje reje, odnos rejca do živali, izpostavljenost boleznim, klimatske razmere ter ostali dejavniki okolja. Tako ni nujno, da nam opazovanje fenotipa pove kaj dosti o genetski vrednosti živali, se pravi o njenem genotipu.

Za genetsko vrednotenje oziroma napovedovanje plemenske vrednosti potrebujemo meritve proizvodnosti na čim več živalih, vsaj tistih, ki so na razpolago. Pomembno je, da zbiramo podatke na osebkih v skupini, saj so napovedi plemenske vrednosti brez zadosti velikih primerjalnih skupin nezanesljive. Okvirno poznamo dva pristopa pri testiranju in zbiranju podatkov. Prvi način je zbiranje podatkov na testnih postajah, kjer vzrejamo živali v izenačenih pogojih. Tako testiramo najpogosteje merjasce za pitovne in klavne lastnosti, lahko pa tudi sovrstnike iz gnezda. Pri drugem pristopu zbiramo podatke na farmah in kmetijah v pogojih reje. Ta način je primeren za lastnosti rasti pri mladnicah in terminalnih merjascih križancih, lastnosti plodnosti in klavne lastnosti z linije klanja. Podatkov iz proizvodnih razmer lahko pridobimo bistveno več kot na testni postaji, so pa živali vzrejene v nekoliko bolj različnih pogojih in je variabilnost, povzročena z okoljem, tako večja.

Za izluščanje genetske vrednosti iz fenotipske so v selekciji domačih živali razvili kar nekaj metod. Seleksijski indeks (Hazel, 1943; Smith, 1936) pri napovedovanju plemenskih vrednosti sicer lahko kombinira različne vire informacij, ima pa pomanjkljivost, da predpostavlja, da so sistematski vplivi (npr. spol, pasma, sezona) znani brez napake že pred

preizkusom. To v praksi ne drži, saj te parametre ocenjujemo na podlagi istih podatkov kot napovedujemo plemensko vrednost. Poleg tega predpostavlja, da razlike med čredami in sezonami (leti) v celoti povzročajo spremembe v vodenju reje in okolju in ne genetske spremembe. Henderson (1950) je pomanjkljivosti selekcijskega indeksa razrešil z razvojem metode mešanih modelov. Pogosto uporabljen sinonim zanjo je BLUP. Z metodo istočasno ocenjujemo sistematske vplive in napovedujemo naključne vplive. Preko sorodstva pojasnjuje razlike med čredami in generacijami, kar nudi orodje za spremljanje genetskih trendov. Pri tem je pravilno poreklo, poznavanje sorodstva, seveda pomembno.

Poleg meritev in porekla za mešani model potrebujemo še zanesljivo ocenjene komponente (ko)variance (parametre disperzije) ali vsaj njihova razmerja in korelacije med lastnostmi. Heritabiliteta je razmerje med genetsko in fenotipsko varianco. Pove nam, kolikšen delež razlik med živalmi v opazovani proizvodnosti se lahko prenaša iz generacije v generacijo. Klavne lastnosti pri prašičih imajo heritabiliteto okrog 0.50. To pomeni, da je polovica opazovane variabilnosti pod kontrolo genov, na drugo polovico pa vplivajo dejavniki okolja. Lastnosti plodnosti, kot je velikost gnezda ob rojstvu, imajo nizko heritabiliteto 0.05 - 0.10, tj. 5 do 10 % variabilnosti med živalmi, ki jo vidimo, je pod vplivom genov. Kljub nizki heritabiliteti za velikost gnezda po svetu ugotavljajo, da z metodo mešanih modelov, ki vključuje vse informacije iz porekla, dosegajo genetski napredek okrog +0.3 pujska na gnezdo na leto. To kaže, da se, kljub tako nizki heritabiliteti, splača selekcionirati na to lastnost. Heritabiliteta je specifičen parameter tako za populacijo kot za okolje, za katera jo ocenimo. Ne smemo je enostavno prepisati iz literature. Je parameter populacije in ne parameter posameznih živali. Heritabiliteta ne kaže, do katere mere je lastnost genetska, temveč ocenjuje delež fenotipske variance, ki je pod genetskimi vplivi za dane podatke. Ocene heritabilitet za isto lastnost se lahko precej razlikujejo. Višje vrednosti dobimo, če živali testiramo v okolju, ki je blizu optimalnega, kjer se pogoji ne spreminjajo in je izpostavljenost boleznim minimalna.

Napovedovanje plemenske vrednosti z metodo mešanih modelov se je pri prašičih uveljavilo nekoliko kasneje kot pri govedu. Med prvimi v Evropi sta uvedbo tega načina pri prašičih predlagala Kovač in Groeneveld (1987). Črede so v prašičereji bolj zaprte, predvsem zaradi možnosti prenosa bolezni, osemenjevanje se je uveljavilo nekoliko kasneje kot v govedoreji, več se uporablja naravni pripust. Črede so s tem genetsko slabše povezane, kar je pa pogoj za medsebojno genetsko primerljivost živali iz različnih čred.

Za boljšo predstavbo, kaj pomeni genetska povezanost, si oglejmo primer iz nogometa (tabela 1.1, povzeto po Graser, 1993), na katerega se spozna polovica človeške populacije. Ekipa 1 je zmagala na 20-ih tekmah in izgubila v šestih, medtem ko je ekipa 2 izgubila 14 in dobila vsega 10 tekem. Odločitev, katera ekipa je boljša, ne izgleda pretežka. Za pravilnejši odgovor pa bi vendarle morali vedeti, v kateri ligi ekipi igrata. Če dodamo, da ekipa 1 igra v vaški ligi, ekipa 2 pa v prvi in nista imeli nobene medsebojne tekme, potem bomo pošteno premislili, preden bi odgovorili, da je ekipa 1 boljša.

Pred podobnim problemom smo tudi v selekciji domačih živali. Primerjava živali med seboj zahteva poznavanje "genetskega tekmovanja" (lige v nogometnem žargonu) živali in okolja,

v katerem živali primerjamo. S tem, ko živali testiramo na centralni testni postaji, primerjamo med sabo živali z različnim genotipom v istem okolju (medsebojna tekma). Če pa bi želeli primerjati živali, ki so testirane na dveh testnih postajah, ali pa živali testirane v pogojih reje v različnih čredah, pa moramo poskrbeti, da bodo isti genotipi zastopani na teh testnih postajah oziroma čredah.

Tabela 1.1: Rezultati dveh nogometnih ekip (povzeto po Graser, 1993)

Ekipa	Tekme	Zmage	Neodločeno	Porazi
1	36	20	10	6
2	36	10	12	14

Nekoliko višje smo srečali kratico BLUP. BLUP je kratica za statistični pojem, ki se v angleščini glasi Best Linear Unbiased Predictor oziroma ga v slovenščini imenujemo najboljša linearna nepristranska napoved. To pomeni, da ima napoved plemenske vrednosti z metodo mešanih modelov najmanjšo napako (je najboljša) izmed vseh nepristranskih napovedi in je izpeljana s preprostimi funkcijami (linearna funkcija) iz podatkov. Še preprosteje povedano, metoda združi vse informacije o živalih in sorodstvu med njimi na najboljši možni način, da dobimo najzaneslivejše napovedi plemenske vrednosti. Z metodo mešanih modelov se da uporabiti tudi informacije o koreliranih lastnostih. V taki večlastnostni obdelavi istočasno napovemo plemenske vrednosti za več kot eno lastnost. Če sta dve lastnosti povezani, pozitivno ali negativno, lahko informacije za eno lastnost uporabimo pri napovedi plemenske vrednosti za drugo lastnost. S tem izboljšamo zanesljivost napovedi in zmanjšamo vpliv pristranskega ravnanja z živaljo. Napovemo lahko plemenske vrednosti tudi za živali, ki jim iz različnih vzrokov meritve manjkajo. Korelirane lastnosti nam omogočajo tudi posredno napovedovanje plemenskih vrednosti. Tako delež mesa izmerimo z disekcijo, kar pa je za selekcijske namene zdaleč prepočasno. Poiskati moramo ustrezno priročnejšo meritev, ki jo opravimo hitro, zanesljivo in po možnosti na živi živali.

Napovedi temeljijo na različnih informacijah za posamezne živali, zato se razlikuje tudi zanesljivost napovedi. Napoved plemenske vrednosti za neko žival se s časom lahko spreminja, ker pri novih izračunih vstopajo v analizo nove informacije o potomcih in/ali ostalih sorodnikih. Z večanjem količine informacij se povečuje tudi zanesljivost napovedi. Genotip žival, se pravi zbirka genov, ki jih žival poseduje, se s časom ne spreminja. Če smo pri selekciji uspešni, potem se genetsko povprečje populacije povečuje, saj so živali v novi generaciji genetsko boljše. Plemenska vrednost živali iz prejšnjih generacij, ki genetsko ostajajo enake, pa se zmanjšuje. Tako lahko nek merjasec z zelo dobro plemensko vrednostjo sedaj, po letu ali dveh postane podpopvprečen.

## 1.2 Napovedovanje plemenske vrednosti pri merjascih

Postopek testiranja in zbiranje podatkov na testnih postajah za prašiče v Sloveniji sta standardizirana (Kovač in sod., 1999). Plemenske vrednosti pri merjascih v testu napovedujemo

za rast in izkoriščanje krme na različnih intervalih ter debelino hrbtne slanine merjene z ultrazvokom pri končni odbiri (100 kg). Rast na posameznih intervalih opisujejo tri lastnosti: starost pri 30 kg, trajanje pitanja med 30 in 60 kg ter trajanje pitanja med 60 in 100 kg. Konverzija krme med 30 in 60 kg ter med 60 in 100 kg meri učinkovitost izkoriščanja krme.

Model [1.1] za starost pri 30 kg, trajanje pitanja med 30 in 60 kg ter med 60 in 100 kg, konverzijo krme med 30 in 60 kg ter med 60 in 100 kg vključuje sistematska vpliva z nivoji: interakcijo leto-mesec kot sezono ( $S_{ti}$ ) in genotip ( $G_{tj}$ ). Sezona je ista pri vseh lastnostih in sicer je izbrana tista ob vmesni odbiri pri 60 kg. Naključni del modela sestavljata skupno okolje v gnezdu ob rojstvu ( $c_{tjk}$ ) ter direktni aditivni genetski vpliv ( $a_{tijk}$ ), ki predstavlja plemenske vrednosti živali. Možno je, da so merjaški iz istega gnezda uvrščeni v različne sezone, ker v različnem mesecu zaključujejo vmesno odbiro pri 60 kg. Model za debelino hrbtne slanine merjene z ultrazvokom [1.2] poleg že omenjenih vplivov vključuje še neodvisno spremenljivko maso ( $w_{ijkl}$ ) ob končni odbiri znotraj genotipa kot linearno regresijo, s čimer zagotovimo, da merjasce primerjamo pri isti masi.

$$y_{tijk}^* = S_{ti} + G_{tj} + c_{tjk} + a_{tijk} + e_{tijk} \quad [1.1]$$

$$y_{ijkl} = S_i + G_j + b_j (w_{ijkl} - 100) c_{jk} + a_{ijkl} + e_{ijkl} \quad [1.2]$$

Pri naključnih vplivih in ostanku predpostavljamo, da so pričakovane vrednosti enake 0. Privzeli smo tudi, da so opazovanja na različnih živalih nekorelirana, razen če so živali iz istega gnezda ali drugače sorodne. Sorodstvo je opisano v matriki sorodstva ( $\mathbf{A}$ ). Parametri disperzije so elementi kvadratnih matrik reda 6 (enačbe [1.3] - [1.5]) za ostanek ( $\mathbf{R}_{k0}$ ), skupno okolje v gnezdu ( $\mathbf{G}_{c0}$ ) in aditivni genetski vpliv ( $\mathbf{G}_{a0}$ ). Celotna matrika za ostanek ( $\mathbf{R}$  v enačbi [1.6]) je direktna vsota matrik  $\mathbf{R}_{k0}$  (enačba [1.3]), ki vsebuje (ko)variance med lastnostmi, zmerjenimi na isti živali. Matrike  $\mathbf{R}_{k0}$  se razlikujejo, ker vsi merjasci nimajo izmerjenih vseh lastnosti. V sistemu je 63 parametrov disperzije oziroma komponent variance. Matrike varianc in kovarianc tako lahko predstavimo v enačbah [1.6] - [1.8]. Variance in kovariance za opazovanja (enačba [1.9]) je enaka vsoti komponent.

$$\mathbf{R}_{k0} = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_1e_3} & \sigma_{e_1e_4} & \sigma_{e_1e_5} & \sigma_{e_1e_6} \\ & \sigma_{e_2}^2 & \sigma_{e_2e_3} & \sigma_{e_2e_4} & \sigma_{e_2e_5} & \sigma_{e_2e_6} \\ & & \sigma_{e_3}^2 & \sigma_{e_3e_4} & \sigma_{e_3e_5} & \sigma_{e_3e_6} \\ & & & \sigma_{e_4}^2 & \sigma_{e_4e_5} & \sigma_{e_4e_6} \\ & sim & & & \sigma_{e_5}^2 & \sigma_{e_5e_6} \\ & & & & & \sigma_{e_6}^2 \end{bmatrix} \quad [1.3]$$

$$\mathbf{G}_{c0} = \begin{bmatrix} \sigma_{c_1}^2 & \sigma_{c_1c_2} & \sigma_{c_1c_3} & \sigma_{c_1c_4} & \sigma_{c_1c_5} & \sigma_{c_1c_6} \\ & \sigma_{c_2}^2 & \sigma_{c_2c_3} & \sigma_{c_2c_4} & \sigma_{c_2c_5} & \sigma_{c_2c_6} \\ & & \sigma_{c_3}^2 & \sigma_{c_3c_4} & \sigma_{c_3c_5} & \sigma_{c_3c_6} \\ & & & \sigma_{c_4}^2 & \sigma_{c_4c_5} & \sigma_{c_4c_6} \\ & sim & & & \sigma_{c_5}^2 & \sigma_{c_5c_6} \\ & & & & & \sigma_{c_6}^2 \end{bmatrix} \quad [1.4]$$

$$\mathbf{G}_{a0} = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_1 a_3} & \sigma_{a_1 a_4} & \sigma_{a_1 a_5} & \sigma_{a_1 a_6} \\ & \sigma_{a_2}^2 & \sigma_{a_2 a_3} & \sigma_{a_2 a_4} & \sigma_{a_2 a_5} & \sigma_{a_2 a_6} \\ & & \sigma_{a_3}^2 & \sigma_{a_3 a_4} & \sigma_{a_3 a_5} & \sigma_{a_3 a_6} \\ & & & \sigma_{a_4}^2 & \sigma_{a_4 a_5} & \sigma_{a_4 a_6} \\ & sim & & & \sigma_{a_5}^2 & \sigma_{a_5 a_6} \\ & & & & & \sigma_{a_6}^2 \end{bmatrix} \quad [1.5]$$

$$var(\mathbf{e}) = \mathbf{R} = \sum_{k=1}^n \oplus \mathbf{R}_{k0} \quad [1.6]$$

$$var(\mathbf{c}) = \mathbf{G}_c = \mathbf{I}_c \otimes \mathbf{G}_{c0} \quad [1.7]$$

$$var(\mathbf{a}) = \mathbf{G}_a = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_{a0} \quad [1.8]$$

$$var(\mathbf{y}) = \mathbf{V} = \mathbf{R} + \mathbf{Z}_a \mathbf{G}_a \mathbf{Z}'_a + \mathbf{Z}_c \mathbf{G}_c \mathbf{Z}'_c \quad [1.9]$$

Predpostavili smo tudi, da so parametri disperzije homogeni v celotni populaciji na farmi. Matrike varianc in kovarianc, ki smo jih uporabljali v letu 2002, smo ocenili samo na čisti-stopasemskih živalih za vsako farmo posebej s podatki do konca leta 2000. Komponente (ko)variance preverjamo enkrat letno. Pri preverjanju ob koncu leta 2001 se le-te niso bistveno razlikovale od predhodnega izračuna. Za ocenjevanje komponent (ko)variance uporabljamo statistični paket VCE (Neumaier in Groeneveld, 1998; Kovač in Groeneveld, 2002), pri napovedovanju plemenskih vrednosti uporabljamo statistični program PEST (Groeneveld in sod., 1990).

Za vsako žival s 6-lastnostnim mešanim modelom dobimo šest napovedi plemenskih vrednosti:

$a_1$  - starost pri 30 kg,

$a_2$  - trajanje pitanja med 30 in 60 kg,

$a_3$  - trajanje pitanja med 60 in 100 kg,

$a_4$  - konverzija krme med 30 in 60 kg,

$a_5$  - konverzija krme med 60 in 100 kg,

$a_6$  - debelina hrbtna slanina (UZV) pri 100 kg.

Napovedi plemenske vrednosti imajo enake enote kot lastnosti. Za starost pri določeni masi ali trajanje pitanja na nekem intervalu želimo čimmanjše vrednosti. Tudi pri konverziji krme želimo čimmanjšo porabo krme na enoto prirasta, prav tako so zaželene živali s čimtanjšo hrbtno slanino. Pri napovedih plemenske vrednosti to pomeni, da so boljše tiste živali, ki dosegajo čimbolj negativne vrednosti.

Lastnosti v agregatnem genotipu so trajanje pitanja od 30 do 100 kg, poraba krme za enoto prirasta od 30 do 100 kg ter debelina hrbtne slanine merjena z ultrazvokom pri 100 kg. Napoved plemenske vrednosti za trajanje pitanja ( $a_7$ ) in poraba krme za enoto prirasta ( $a_8$ ) od 30 do 100 kg sestavimo iz napovedi za trajanje pitanja oz. porabo krme za enoto prirasta na intervalih med 30 in 60 kg ter 60 in 100 kg po enačbah [1.10] in [1.11].

$$a_7 = a_2 + a_3 \quad [1.10]$$

$$a_8 = \frac{30 * a_4 + 40 * a_5}{70} \quad [1.11]$$

### 1.3 Odbira merjascev

Vse odbire merjascev potekajo na osnovi napovedi agregatnega genotipa ( $\widehat{AG}$ ), ki vključuje napovedi plemenskih vrednosti za trajanje pitanja in konverzijo krme med 30 in 100 kg in za debelino hrbtne slanine merjene z ultrazvokom, ovrednotene z ekonomskimi težami. Napoved agregatnega genotipa izračunavamo po enačbi:

$$\widehat{AG} = 100 - 2.4 * \hat{a}_7 - 144 * \hat{a}_8 - 10.4 * \hat{a}_6 \quad [1.12]$$

kjer pomeni:

$\hat{a}_7$  - napoved plemenske vrednosti za trajanje pitanja od 30 do 100 kg (dni),

$\hat{a}_8$  - napoved plemenske vrednosti za porabo krme za enoto prirasta od 30 do 100 kg,

$\hat{a}_6$  - napoved plemenske vrednosti za debelino hrbtne slanine merjene z ultrazvokom (mm).

Zaradi premajhnih genetskih vezi med populacijami, napovedi plemenske vrednosti in agregatnega genotipa med farmami niso primerljive.

#### 1.3.1 Rangiranje

Na osnovi napovedi agregatnega genotipa merjascem, kandidatom za selekcijo, določimo rang. Rang določamo znotraj pasme in sicer enkrat v celotni populaciji (tj. znotraj farme) in nato še v primerjalni skupini. Merjasce, ki jih rangiramo, razvrstimo najprej po napovedi agregatnega genotipa od najboljšega do najslabšega. Absolutni rang, ki je odvisen od števila živali iste pasme, ki so vključene v genetsko analizo oziroma velikosti primerjalne skupine, pretvorimo v relativno obliko. Le-ta je predstavljena z odstotkom živali, ki so bile bolje ocenjene. Tako nižja vrednost pomeni, da je malo živali boljših od kandidata.

Merjasce razvrstimo v kategorije odbire 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

merjasci 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 zanesljivo ocenjen. Na osnovi simulacij odbire pri vseh pasmah v primerjalno skupino vključujemo živali, ki so zaključile test v zadnjih 24 tednih.

Merjasce razvrščamo ob odbirah pri 60 in 100 kg, ko zaključijo test ter enkrat na mesec za odbrane in plemenske merjasce v čredi. Pri odbiri poleg napovedi agregatnega genotipa upoštevamo še sorodstvo, oceno zunanosti in rezultate genskega testa na sindrom maligne hipertermije. Ob odbirah pri 60 in 100 kg je možen tudi prehod iz nižje v višjo kategorijo odbire (npr. dom - ohranitev linije) le, da bi se ohranilo zadostno število nesorodnih živali ali živali uvoženih linij.

### 1.3.2 Odbira pri 60 kg

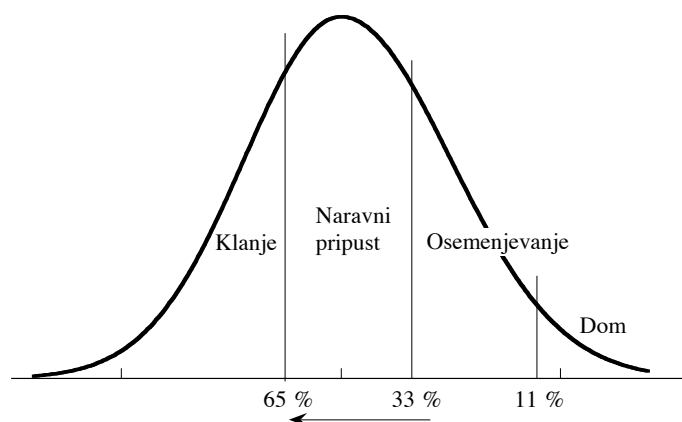
Odbira pri 60 kg poteka od leta 2000 na osnovi napovedi agregatnega genotipa ( $\widehat{AG}$ ) in ocene zunanosti. Merjasci so na osnovi ranga razdeljeni v skupino, ki nadaljuje test (60 %) in skupino izločenih merjascev (40 % testiranih). Izločeni merjasci so kastrirani. Odbranim merjascem ocenimo zunanost in živali z eksteriernimi napakami (noge, spolni organi,...) izločimo.

### 1.3.3 Odbira pri 100 kg

Ob odbiri pri 100 kg merjasce razvrščamo v kategorije dom (D), osemenjevanje (O), pripust (P) ter klanje (K). Na osnovi napovedi plemenske vrednosti želimo pred eksterierno odbiro izločiti najslabših 35 % merjascev (slika 1.1). Delež za ostale kategorije določamo v dogovoru s farmami. Za dom je v povprečju postavljen prag 11 % najboljših pri 100 kg, kar pomeni okoli 6 % testiranih merjascev. Prag za dom se od farme do farme in od pasme do pasme razlikuje, odvisen je od intenzivnosti selekcije. V dom se uvrščajo merjasci z zelo dobrimi rezultati in bodo ostali v nukleusu. Ti prispevajo h genetskemu napredku. Zanje ni zaželeno, da se jih prodaja iz nukleusa, kvečjemu njihove ožje sorodnike. Naslednji prag (okoli 33 %) ločuje kategorijo osemenjevanje od naravnega pripusta. Živali iz kategorije osemenjevanje so dosegle nekoliko slabše rezultate kot tiste iz kategorije dom. Namenjene so razmnoževalnemu nivoju in osemenjevalnim centrom. Merjasci za naravni pripust so povprečni v primerjalni skupini pri končni odbiri. Ker so najslabši merjasci izločeni že pri vmesni odbiri, so v celotni populaciji to še vedno nadpovprečne živali.

Po odbiri na osnovi napovedi agregatnega genotipa izločimo še merjasce z eksteriernimi napakami (klanje-eksterier, KE). Poleg tega je možen prehod iz nižje v višjo kategorijo (dom - ohranitev linije, DO in dodatni preizkus, T), da se ohrani zadostno število nesorodnih živali ali uvoženih linij. Pragove med posameznimi kategorijami odbire preverjamo vsako leto v januarju na osnovi planiranega števila testiranih živali in predvidenih potreb. Merjascem, odbranim za pleme po odbiri pri 100 kg, ki gredo na osemenjevalne centre, se pred uporabo še pregleda kvaliteto semena in libido ter ponovno oceni zunanost.





Slika 1.1: Razporeditev merjascev v primerjalni skupini pri odbiri pri 100 kg

### 1.3.4 Odbira merjascev v čredi

Napovedi plemenskih vrednosti se spreminjajo z vsako novo odbiro merjascev, zato mesečno razvrščamo tudi že odbrane merjasce v čredi. Merjascem ponovno izračunamo napoved agregatnega genotipa vrednosti in določimo absolutni rang. Farme imajo tako možnost, da merjasce odbirajo na osnovi rednih napovedi agregatnega genotipa, sorodstva, ocene zunanosti, plodnosti in rezultatov genskega testa na sindrom maligne hipertermije.

## 1.4 Spremembe pri napovedovanju v letu 2003

V letu 2003 pri napovedovanju plemenske vrednosti na osnovi meritev pri merjascih pripravljamo nekaj sprememb. Podatek o debelini hrbtne slanine merjene z UZV sta do sedaj sestavljali dve meritvi (ponovitvi). Sedaj bo v ta podatek vključena tudi meritev stranske slanine. Z leti se debelina hrbtne slanine zmanjšuje, istočasno se spreminja njena porazdelitev ter zmanjšuje variabilnost, kar otežuje selekcijo. Z vključitvijo dodatne meritve želimo vnesti nekaj variabilnosti.

V dosedanjih obdelavah je bila kot sezona v modelih za vse lastnosti izbrana tista ob vmesni odbiri pri 60 kg. Sezona predstavlja primerjalno skupino, ki je testirana skupaj daljši interval v dokaj enakih pogojih. Merjaščki v testu pa rastejo različno hitro. Tako smo ocenili, da bi bila za lastnosti ob odbiri pri 100 kg primerjalna skupina postavljena tako, da zajame tiste merjasce, ki čim več časa prebijejo skupaj na intervalu med 60 in 100 kg, kar pomeni sezono kot mesec-leto pri odbiri pri 100 kg.

Najpomembnejša sprememba pri napovedovanju plemenskih vrednosti pri merjascih v letu 2003 bo uvedba genetskih skupin. Genetske skupine pojasnjujejo razlike v pričakovani ge-

netški vrednosti subpopulacij zaradi selekcije in genetskih trendov. Genetske skupine tvorimo glede na izvor, leto rojstva, spol, pasmo, namen in velikost. Vanje uvrščamo živali brez lastnih podatkov, z le enim potomcem in neznanimi starši. Predstavljajo pa skupine živali, za katere predpostavljamo podobno genetsko vrednost. Z uporabo genetskih skupin zmanjšamo napako napovedi, kadar je prisotna selekcija in imamo nepopolno poreklo. Hkrati se izognemo predpostavki, da živali z neznanimi starši izhajajo iz ene same populacije (Robinson, 1986). Tako starše uvoženih živali uvrstimo v posebno genetsko skupino. Predvidoma bomo novosti uvedli s 1.1.2004, trenutno pa potekajo poskusni izračuni.

## 1.5 Zaključki

Za napovedovanje plemenske vrednosti po metodi mešanih modelov potrebujemo meritve, primerno velikost primerjalnih skupin v testu, točno poreklo za živali ter zanesljive ocene parametrov disperzije.

Ker selekcijske farme genetsko niso povezane, je primerjava napovedi za živali možna le znotraj farme in ne med farmami.

Metoda mešanih modelov nudi orodje za spremljanje genetskih sprememb v populaciji in s tem presojo uspešnosti selekcije.

V letošnjem letu uvajamo pri napovedovanju nekaj sprememb, ki bodo pripomogle k pravilnejšemu modelu in posledično večji zanesljivosti.

## 1.6 Viri

Graser H.U. 1993. Modern genetic evaluation procedures – Why BLUP? V: PIGBLUP Clinic II, Armidale, 29–31 Aug. 1993. Armidale, University of New England: 14–20.

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.

Hazel L.N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476–490.

Henderson C.R. 1950. Estimation of genetic parameters (abstract). *Ann. Math. Stat.*, 21: 309–310.

Kovač M., Groeneveld E. 1987. Prediction of breeding value in pigs using a multiple trait model. V: 38th Annual Meeting of the European Association for Animal Production (EAAP), Lisbon, 28 Sep.–1 Oct. 1987. Lisbon, 2: 24.

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

Kovač M., Šalehar A., Tavčar J., Logar B., Malovrh Š. 1999. Selekcija in testiranje prašičev. V: Prilaganje slovenske živinoreje zahtevam Evropske Unije. I. Nacionalni rejski programi, Domžale, Univerza v Ljubljani, str. 44–107.

Neumaier A., Groeneveld E. 1998. Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. *Genet. Sel. Evol.*, 30: 3–26.

Robinson G.K. 1986. Group effects and computing strategies for models for estimating breeding values. *J. Dairy Sci.*, 68: 3106–3111.

Smith H.F. 1936. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugenics*, 7: 240–250.

