

Poglavje 1

Vključitev maternalnega genetskega vpliva pri velikosti gnezda

Špela Malovrh^{1,2}, Milena Kovač¹

Izvleček

Za tri razmnoževalne farme ločeno ter kmetije smo ocenili parametre disperzije za velikost gnezda, pri čemer smo v statistični model vključili maternalni genetski vpliv (MGV). Skupno je bilo v analize zajetih 430030 gnezd med leti 1989 oz. 1993 in 2011, poreklo je skupaj obsegalo 118034 živali. Velikost gnezda pri mladnicah in starih svinjah smo obravnavali kot eno lastnost, uporabili smo ponovljivostni model, pri čemer sta bila modela za mladice in stare svinje različna. Naključni vplivi v modelu so bili: vpliv živali, MGV, skupno okolje v gnezdu ter permanentno okolje svinje. Fenotipski standardni odklon je variiral med 2.61 in 2.85 živorojenimi pujski v gnezdu. Direktna heritabiliteta je znašala od 11 do 14 %, medtem ko je bila maternalna mnogo manjša (0.2 – 0.4 %). Korelacija med direktno in maternalno genetsko komponento je bila ocenjena med -0.46 in -0.54. Maternalna komponenta je zanemarljivo majhna, a kljub srednje veliki negativni korelaciji za praktične potrebe ni smiselno vključiti MGV v model pri rednem genetskem vrednotenju za velikost gnezda.

Ključne besede: svinje, velikost gnezda, direktni genetski vpliv, maternalni genetski vpliv

Abstract

Title of the paper: **Estimation of maternal genetic effect for litter size.** Dispersion parameters were estimated for litters size for three large multiplier farms separately and for family farms together, where maternal genetic effect (MGE) was applied in statistical model. Altogether, 430030 litter records between years 1989/1993 and 2011 were analysed, while total number of animals in pedigree was 118034. Litter size in gilts and sows were treated as same trait. Repeatability model was used, however models for gilts and sows differed. Random effect in the model were: animal effect, MGE, common litter environment and permanent environment of sow. Phenotypic standard deviation varied from 2.61 to 2.85 liveborn piglets per litter. Estimated direct heritability was from 11 to 14 %, while maternal heritability was smaller (0.2 – 0.4 %). Correlation between direct and maternal genetic component was estimated between -0.46 and -0.54. Maternal component was negligible small. In spite of moderate negative correlation, the inclusion of maternal effect in the model for regular genetic evaluation of litter size has negligible practical importance.

Keywords: sows, litter size, direct genetic effect, maternal genetic effect

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

²E-pošta: spela@mrcina.bfro.uni-lj.si

1.1 Uvod

Med lastnostmi, ki nas pri plodnosti zanimajo, so gotovo lastnosti velikosti gnezda ob prasiatvi oziroma odstavitvi, prirasti pujskov v času laktacije, starost mladic ob puberteti, uspešnost pripustov in posamezni intervali med dogodki v reprodukcijskem ciklusu. Omenjene lastnosti so odvisne od številnih okoljskih in genetskih vplivov, ki pa imajo praviloma majhen učinek.

Velikost gnezda je lastnost, ki jo rutinsko beležimo ob prasiatvi ter odstavitvi v sklopu rednih rejskih opravil in je v prvi vrsti namenjena spremljanju gospodarnosti priraje pujskov. Število odstavljenih pujskov v gnezdu je v tehnologiji reje, kjer se pujske prestavlja, slabše povezano z genetsko vrednostjo svinje za velikost gnezda, odraža pa maternalne sposobnosti svinje. Ker pa prestavljanja pujskov nimamo zabeleženega, so podatki za selekcijsko delo manj primerni, kar so nakazale tudi nižje heritabilite kot pri številu živorojenih pujskov v gnezdu.

Roehe in Kennedy (1995) sta pri svojem delu uporabila večlastnostni model, ki smo ga preizkusili tudi v Sloveniji (Sadek, 1994). Velikost gnezda od prve do šeste zaporedne prasiatve smo obravnavali kot različne lastnosti. V ključni del modela smo vključili direktni in maternalni aditivni genetski vpliv. Heritabiliteta je naraščala od prvega proti šestemu gnezdu. Zaradi visokih korelacij med zaporednimi gnezdi je pogosto prišlo do numerične nestabilnosti. Najnižje korelacije so bile v parih s prvim gnezdom. Tako smo zaključili, da bi imelo smisel preizkusiti dvolastnostni model, kjer bi velikost gnezda pri starih svinjah opisali s ponovljivostnim modelom živali.

Haley in sod. (1988) so za velikost gnezda predlagali uporabo ponovljivostnega modela. Ponovljivostni model uporabimo, ko so v analizo vključene večkratne meritve na isti živali. To pomeni, da na velikost gnezda v različnih zaporednih prasiatvah vplivajo isti genetski dejavniki. Glavna ovira pri uporabi ponovljivostnega modela za vse prasiatve, vključno s prvo, v praksi sta bila običajno uporabljena dva modela z različnimi vplivi za mladice in stare svinje. Logar in Kovač (2001) sta opravili dvolastnostno analizo. Velikost gnezda pri mladicah je predstavljala eno lastnost, pri starih svinjah pa drugo lastnost. Na osnovi visokih korelacij je Logar (2000) preizkusila enolastnostni ponovljivostni model, kot ga je nakazal Andersen (1998).

Lastnosti plodnosti, pri čemer tudi velikost gnezda ni izjema, imajo majhno heritabiliteto, okoli 0.10. To pomeni, da le 10 % variabilnosti pojasnjuje genetska zasnova živali, za preostalih 90 % variabilnosti pa so odgovorni drugi dejavniki, predvsem okolje. Pri lastnostih z majhno heritabiliteto so v preteklosti dosegali majhen genetski napredek, tako da je veljalo prepričanje, da neposredna selekcija na tako lastnost nima smisla. Uvedba metode mešanih modelov v napovedovanje plemenske vrednosti za velikost gnezda, ki poleg podatkov oz. meritev za velikost gnezda vključuje tudi informacijo o sorodstvu, je pomenila precejšen korak naprej pri selekciji na velikost gnezda. Poleg heritabilite pa k uspešnosti selekcije prispevata tudi intenzivnost selekcije in genetska variabilnost lastnosti. V praksi je intenzivnost selekcije praviloma majhna, saj je delež odbranih žensk živali velik. Nasprotno pa

Tabela 1: Struktura podatkov in porekla

	Farma A	Farma B	Farma C	Kmetije
Prva sezona pripusta	sept. 1991	sept. 1989	feb. 1993	sept. 1989
Število prasitev	127322	215237	23403	64068
Št. prasitev na svinjo	3.81	4.37	4.52	4.30
Št. živali v poreklu	36808	54344	5596	21286
Delež osnovne populacije (%)	3.5	6.5	5.8	21.7
Št. svinj na očeta	49.7	65.7	78.3	13.6
Št. svinj na mater	2.70	3.18	4.56	2.44
Št. svinj na gnezdo	1.44	1.52	1.83	1.72

genetska variabilnost za velikost gnezda sploh ni majhna. Tako genetski standardni odklon v naših populacijah znaša med 0.80 in 0.91 živorojenega pujska na gnezdo (Urankar in sod., 2004).

Pri genetskem vrednotenju moramo vključiti negativno korelacijo med maternalnimi in direktnimi genetskimi vplivi, bodisi s prisotnostjo maternalnega vpliva ali skupnega okolja v gnezdu in permanentnega okolja svinje. Vključeni so lahko tudi drugi vplivi, povezani z okoljem, v katerem je bila svinja vzrejena. Sedanji statistični model za velikost gnezda pri rednem genetskem vrednotenju vključuje tako vpliv skupnega okolja v gnezdu kot permanentnega okolja svinje (Urankar in sod., 2004), za kmetije pa še naključni vpliv rejec-leto.

Namen te raziskave je dopolnitev statističnega modela za vrednotenje plemenske vrednosti ter proučitev maternalnih genetskih vplivov in negativne genetske korelacije med velikostjo gnezda, v katerem je bila rojena svinja, in njenega gnezda.

1.2 Material in metode

V genetsko analizo smo zajeli podatke, ki so shranjeni v podatkovni bazi centralne selekcijske službe za prašiče, od leta 1989 oziroma 1993 naprej do konca septembra leta 2011 (tabela 1). V datotekah z meritvami je bilo med 23403 prasitev na farmi C in 215237 prasitev na farmi B, kar je skupno predstavljalo 430030 prasitev. V povprečju so svinje prasile med 3.81-krat na farmi A in 4.52-krat na farmi C. Poleg datoteke z meritvami je za analizo potrebna tudi datoteka s poreklom. Skupno je poreklo obsegalo 118034 živali oziroma med 5596 na farmi C in 54344 živali na farmi B. Po gnezdu (vpliv skupnega okolja gnezda) je bilo v povprečju odbranih okrog 1.6 plemenskih svinj, razlike so med rejami sorazmerno majhne, še največ svinj iz istega gnezda je prasilo na farmi C (1.83). Delež osnovne populacije je na farmah manjši (med 3.5 % na farmi A in 6.5 % na farmi B) v primerjavi s kmetijami, kjer je takih kar 21.7 % živali. Po očetu je bilo odbranih potomk, ki so vsaj enkrat prasile, od 13.6 na kmetijah do 78.3 na farmi C. Po materi je takih svinj pričakovano manj, med 2.44 na kmetijah in 4.56 na farmi C.

Svinje so pripadale štirim genotipom: slovenska landrace - linija 11 (11), slovenski veliki beli prašič (22) ter hibridoma 12 in 21 (tabela 2). Med rejami in genotipi so v velikosti gnezda razlike. Farma A dosega boljše rezultate kot drugi dve farmi in kmetije. Pričakovano največja gnezda so bila pri svinjah križankah 12 oz. 21, kjer za genotip 21 izgleda, da je nekoliko boljši, a je v rejah prisoten šele v zadnjem času, ko so tudi pri drugih genotipih boljši rezultati. Nekoliko slabše rezultate pa imajo svinje pasme slovenski veliki beli prašič.

Tabela 2: Število svinj in velikost gnezda po genotipih in rejah

Reja		Genotip			
		11	22	12	21
Farma A	Št. svinj	17640	2082	12935	732
	Št. gnezd	66391	7629	50627	2675
	Vel. gn.	10.68	9.66	11.31	11.40
Farma B	Št. svinj	16175	5208	22634	5193
	Št. gnezd	65662	22399	105778	21398
	Vel. gn.	9.71	9.68	10.55	10.72
Farma C	Št. svinj	1539	89	3396	151
	Št. gnezd	6497	3675	15831	710
	Vel. gn.	10.06	9.76	10.21	10.39
Kmetije	Št. svinj	6119	995	7536	263
	Št. gnezd	27360	3285	32378	1045
	Vel. gn.	10.10	10.14	10.43	10.31

Velikost gnezda pri mladichah in starih svinjah smo obravnavali kot eno lastnost, a se statistična modela pri mladichah in starih svinjah se razlikujeta (Andersen, 1998; Logar, 2000), kar zahteva posebno pripravo podatkov. Statistični model za mladice ($y_{1ijklmnop}$) vključuje genotip svinje (G_i), merjasca - očeta gnezda (B_j), sezono pripusta (S_k) in zaporedno prasiatve (Z_l) kot sistematske vplive. Za starost ob prasiatvi ($x_{ijklmnop}$) je uporabljena kvadratna regresija, ugnjezdna znotraj zaporedne prasiatve. Naključni del modela sestavljajo skupno okolje svinje v gnezdu (c_{in}), permanentno okolje svinje (p_{ino}), direktni aditivni genetski vpliv (a_{ino}) ter maternalni aditivni genetski vpliv (m_{ino}). Pri velikosti gnezda je za stare svinje ($y_{2ijklmnop}$) poleg naštetih vplivov vključen tudi poodstavitveni premor (P_m) kot sistematski vpliv ter dolžina predhodne laktacije ($w_{ijklmnop}$) kot linearna regresija.

$$\begin{aligned}
 \begin{bmatrix} y_{1ijklmnop} \\ y_{2ijklmnop} \end{bmatrix} &= G_i + B_j + S_k + Z_l + b_{1l}(x_{ijklmnop} - \bar{x}) + b_{2l}(x_{ijklmnop} - \bar{x})^2 + \\
 &+ \begin{bmatrix} 0 \\ P_m + b_3(w_{ijklmnop} - \bar{w}) \end{bmatrix} + c_{in} + p_{ino} + a_{ino} + m_{ino} + \quad [1.1] \\
 &+ e_{ijklmnop}
 \end{aligned}$$

Statistični model lahko splošno zapišemo v matrični obliki:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_c\mathbf{c} + \mathbf{Z}_p\mathbf{p} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_m\mathbf{m} + \mathbf{e} \quad [1.2]$$

kjer je \mathbf{y} vektor opazovanj, \mathbf{X} je matrika dogodkov za sistematske vplive, $\boldsymbol{\beta}$ vektor neznanih parametrov za sistematske vplive, \mathbf{Z}_c matrika dogodkov za skupno okolje v gnezdu, \mathbf{c} vektor parametrov za skupno okolje v gnezdu, \mathbf{Z}_p matrika dogodkov za permanentno okolje svinje, \mathbf{p} vektor parametrov za permanentno okolje svinje, \mathbf{Z}_a matrika dogodkov za direktni in maternalni aditivni genetski vpliv, \mathbf{a} vektor parametrov za direktni aditivni genetski vpliv, \mathbf{m} vektor parametrov za maternalni aditivni genetski vpliv in \mathbf{e} vektor ostankov. Predpostavili smo naslednjo strukturo pričakovanih vrednosti in varianc:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{c} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; V \begin{bmatrix} \mathbf{c} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{I}_c\sigma_c^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I}_p\sigma_p^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{A}\sigma_a^2 & \mathbf{A}\sigma_{a,m} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{A}\sigma_{a,m} & \mathbf{A}\sigma_m^2 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}_e\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad [1.3]$$

kjer \mathbf{I}_c predstavlja identično matriko za skupno okolje v gnezdu, \mathbf{I}_p za permanentno okolje svinje in \mathbf{I}_e za ostanek. Predpostavljamo, da med genetskimi in drugimi naključnimi vplivi ni kovarianc, med genetskima vplivoma pa kovarianca je. Predpostavili smo tudi normalnost porazdelitev pri naključnih vplivih in ostanku.

S programskim paketom PEST (Groeneveld in sod., 1990) smo pripravili podatke za izračun parametrov disperzije s paketom VCE-6 (Groeneveld in sod., 2010) in v njem implementirano metodo REML. Ocenjene parametre disperzije smo uporabili pri genetskem vrednotenju po metodi mešanega modela ter izračunali napovedi plemenskih vrednosti.

Skupno heritabiliteto h_t^2 (Willham, 1972) smo izračunali po sledeči formuli:

$$h_t^2 = \frac{\sigma_a^2 + 1.5\sigma_{a,m} + 0.5\sigma_m^2}{\sigma_{phe}^2} \quad [1.4]$$

1.3 Rezultati in razprava

1.3.1 Komponente variance

Za primerjavo smo na istih podatkih ocenili komponente variance tudi z modelom, ki ga uporabljamo pri rutinskem napovedovanju plemenskih vrednosti za velikost gnezda (tabela 3), se pravi brez vključenega maternalnega genetskega vpliva. Analizo smo izvedli ločeno po farmah (reje A do C) ter skupno za kmetije. Posamezne komponente varianc se med farmami

ne razlikujejo bistveno, kar je zaradi podobnih tehnologij v rejah tudi pričakovano. Fenotipska varianca je največja v reji A, najmanjša pa na kmetijah, kar je v veliki meri posledica manjše variance za ostanek. Fenotipski standardni odklon (kvadratni koren iz fenotipske variance) znaša med 2.62 in 2.86 živorojenih pujskov na gnezdo.

Direktna aditivna genetska varianca je na kmetijah približno za tretjino manjša kot na farmah (tabela 3), genetski standardni odklon pa variira med 0.81 na kmetijah in 0.99 na farmi A. Heritabiliteta na farmi A znaša 11.9%, na farmah B in C 10.7 oz. 11.0 % ter na kmetijah 9.5 %. Od vključenih komponent najmanjši delež variance pojasnjuje skupno okolje v gnezdu, in sicer med 0.6 na farmi A in 1.8 % na kmetijah. Na kmetijah slabih 5 % pojasni vpliv interakcije med rejcem in letom. Obsežen komentar v tem delu ni potreben, saj so ocene zelo podobne pričakovanim. Morda bi opozorili le na farmo C, ki ima najmanj podatkov in ima tako pri komponentah kot pri deležih največje standardne napake ocen.

Tabela 3: Ocene komponent variance s standardnimi napakami (SE) za število živorojenih pujskov z običajnim modelom

Reja	Komponenta	Var	SE	Delež	SE
A	<i>a</i>	0.980	0.047	0.119	0.005
	<i>p</i>	0.459	0.039	0.056	0.005
	<i>c</i>	0.053	0.027	0.006	0.003
	<i>e</i>	6.711	0.028	0.818	0.004
	<i>phe</i>	8.202			
B	<i>a</i>	0.851	0.038	0.107	0.005
	<i>p</i>	0.507	0.031	0.064	0.004
	<i>c</i>	0.104	0.020	0.013	0.002
	<i>e</i>	6.491	0.022	0.816	0.003
	<i>phe</i>	7.953			
C	<i>a</i>	0.891	0.147	0.110	0.017
	<i>p</i>	0.570	0.099	0.071	0.013
	<i>c</i>	0.090	0.049	0.011	0.006
	<i>e</i>	6.525	0.066	0.808	0.009
	<i>phe</i>	8.076			
Kmetije	<i>a</i>	0.653	0.054	0.095	0.008
	<i>p</i>	0.426	0.046	0.062	0.007
	<i>c</i>	0.124	0.025	0.018	0.004
	<i>oy</i>	0.330	0.022	0.048	0.003
	<i>e</i>	5.354	0.038	0.777	0.006
	<i>phe</i>	6.888			

a- direktni aditivni genetski vpliv; *c*- vpliv skupnega okolja v gnezdu; *p*- vpliv permanentnega okolja svinje; *oy*- vpliv rejec-letu; *e*- ostanek; *phe*- fenotip

Z vključitvijo maternalnega genetskega vpliva v model sta pri vseh rejah fenotipska varianca in varianca ostanka ostali praktično nespremenjeni (tabela 4), enako velja tudi za varianco

Tabela 4: Ocene komponent variance s standardnimi napakami (SE) za število živorojenih pujskov z modelom, ki ima dodan maternalni genetski vpliv

Reja	Komponenta	Var	SE	Delež*	SE	h^2
A	<i>a</i>	1.171	0.085	0.144	0.010	0.126
	<i>m</i>	0.034	0.016	0.004	0.002	
	$\sigma_{a,m}$	-0.108	0.035	-0.540	0.109	
	<i>p</i>	0.365	0.053	0.045	0.007	
	<i>c</i>	0.055	0.024	0.007	0.003	
	<i>e</i>	6.711	0.029	0.827	0.005	
	<i>phe</i>	8.119				
B	<i>a</i>	0.957	0.062	0.121	0.007	0.112
	<i>m</i>	0.015	0.010	0.002	0.001	
	$\sigma_{a,m}$	-0.055	0.022	-0.455	0.162	
	<i>p</i>	0.452	0.038	0.057	0.005	
	<i>c</i>	0.107	0.020	0.014	0.003	
	<i>e</i>	6.491	0.021	0.820	0.004	
	<i>phe</i>	7.912				
C	<i>a</i>	2.045	0.138	0.264	0.015	0.170
	<i>m</i>	0.165	0.046	0.021	0.006	
	$\sigma_{a,m}$	-0.540	0.080	-0.931	0.069	
	<i>p</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	
	<i>c</i>	0.103	0.043	0.013	0.006	
	<i>e</i>	6.516	0.059	0.841	0.014	
	<i>phe</i>	7.748				
Kmetije	<i>a</i>	0.752	0.085	0.110	0.012	0.097
	<i>m</i>	0.026	0.031	0.004	0.004	
	$\sigma_{a,m}$	-0.067	0.040	-0.478	0.240	
	<i>p</i>	0.375	0.055	0.055	0.008	
	<i>c</i>	0.124	0.033	0.018	0.005	
	<i>oy</i>	0.330	0.022	0.048	0.003	
	<i>e</i>	5.355	0.037	0.784	0.007	
	<i>phe</i>	6.827				

a- direktni aditivni genetski vpliv; *m*- maternalni aditivni genetski vpliv; $\sigma_{a,m}$ - kovarianca med direktnim in maternalnim genetskim vplivom; *c*- vpliv skupnega okolja v gnezdu; *p*- vpliv permanentnega okolja svinje; *oy*- vpliv rejec-leto; *e*- ostanek; *phe*- fenotip; * pri kovarianci korelacije

skupnega okolja v gnezdu v vseh rejah ter varianco vpliva rejec-leto na kmetijah. Nekoliko se je zmanjšala varianca permanentnega okolja svinje, z izjemo farme C, kjer se je varianca permanentnega okolja kompletno premestila v genetske komponente. Pri vseh rejah se je povečala direktna genetska varianca, pri kmetijah z 0.653 (tabela 3) na 0.752 (tabela 4), podobno velika sprememba je tudi pri farmah A in B, medtem ko se je pri farmi C direktna

genetska varianca podvojila, z 0.891 na 2.045, deloma tudi na račun variance permanentnega okolja. Maternalna genetska varianca je kot komponenta majhna na farmah A in B ter kmetijah, variira med 0.015 (farma B) in 0.034 (farma A). Tudi tu z 0.165 navzgor odstopa farma C. Za farmo C smo z modelom z vključeno maternalno genetsko komponento dobili največje standardne napake ocen, se pravi, da so komponente variance zanjo najmanj zanesljivo ocenjene.

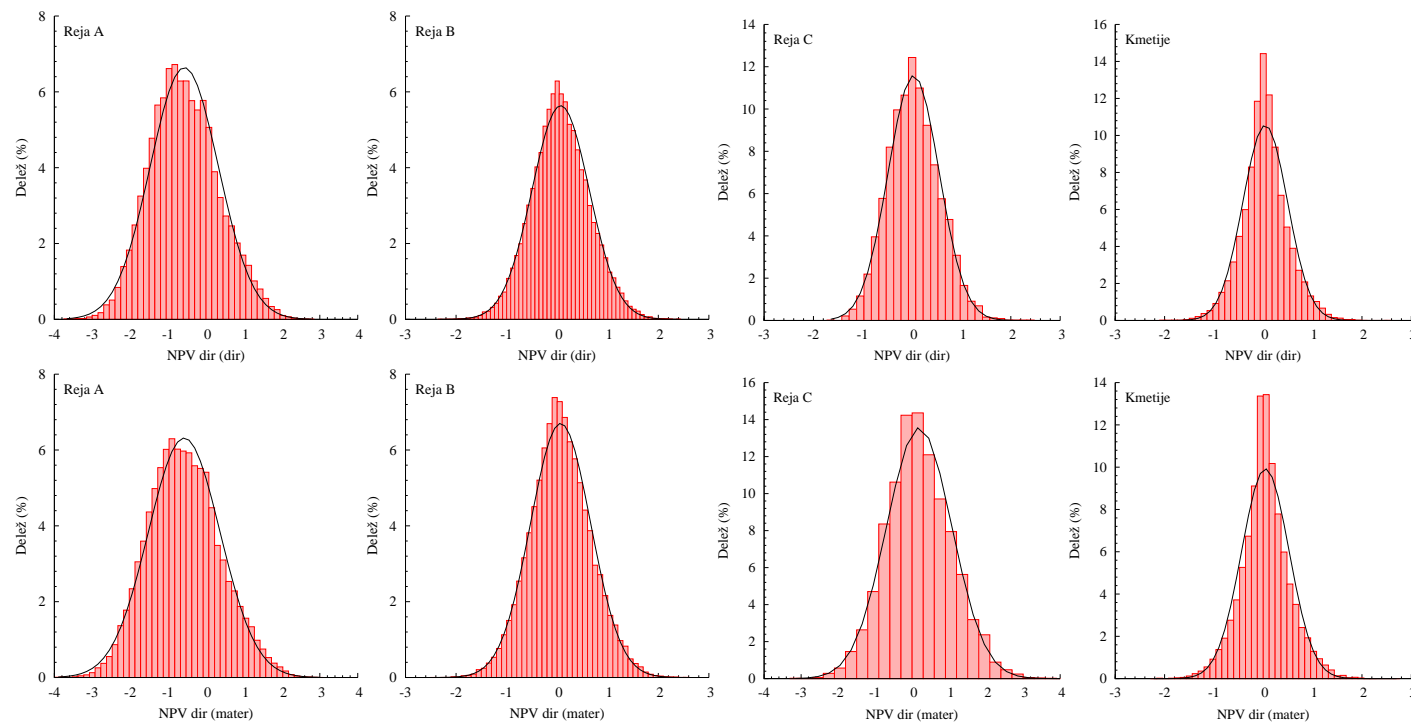
Pri vseh rejah smo z modelom z vključeno maternalno genetsko komponento dobili negativne kovariance med direktnim in maternalnim genetskim vplivom, kar pomeni negativne povezave med genetskima komponentama (tabela 4). Korelacije so si pri farmah A in B ter kmetijah podobne in so srednje velike, ocene so med -0.455 (farma B) in -0.540 (farma A).

S povečanjem direktne genetske variance z modelom z vključeno maternalno genetsko komponento se je za vse reje povečala direktna heritabiliteta (tabela 4). Tako je za kmetije direktna heritabiliteta 11.0 %, za farmo B 12.1 % ter za farmo A 14.4 %. Pri farmi C je direktna heritabiliteta presegla 25 %, kar je za lastnost, kot je velikost gnezda prav neverjetno. Maternalna heritabiliteta se giblje od 0.2 % do 0.4 % pri farmah A in B ter kmetijah, medtem ko za farmo C znaša kar 2.1 %.

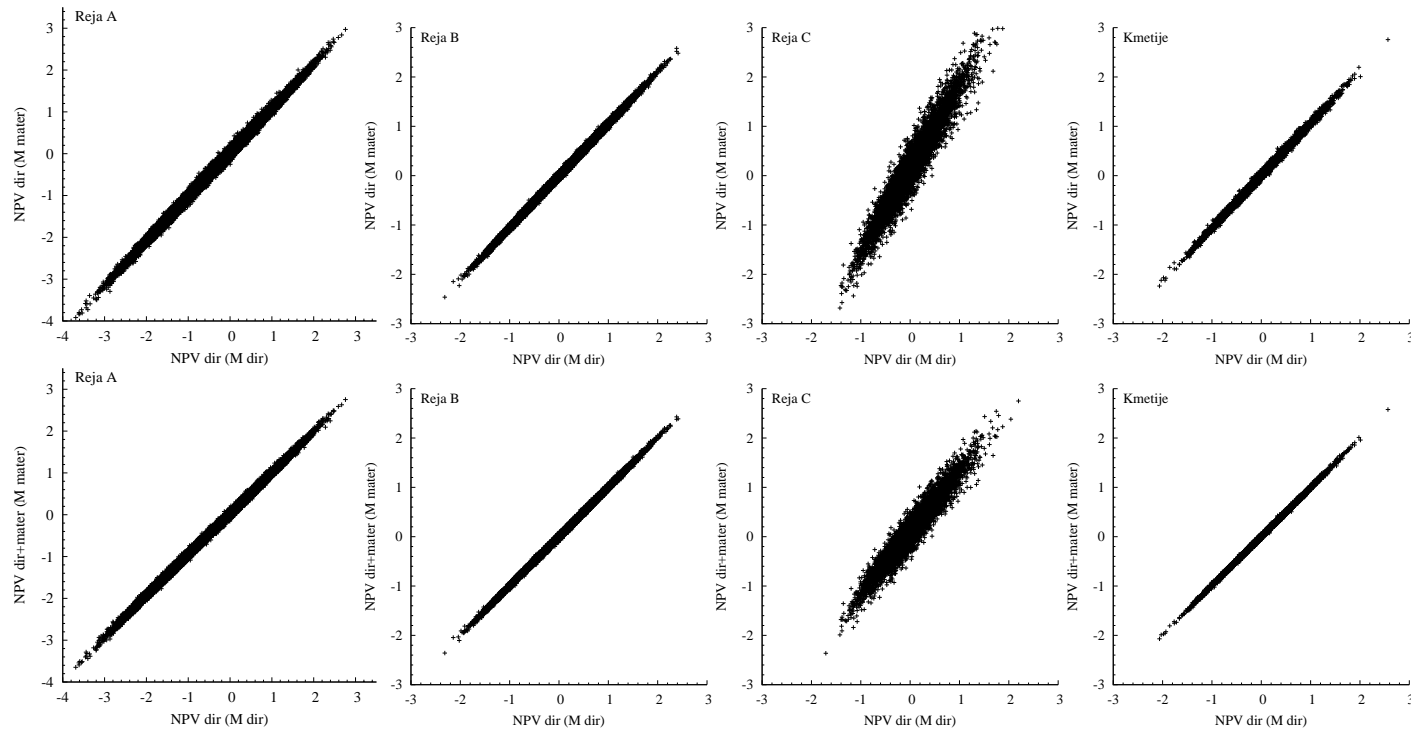
1.3.2 Napovedi plemenskih vrednosti

Porazdelitve napovedi plemenskih vrednosti z enim in drugim modelom so si znotraj rej precej podobne (slika 1), z izjemo farme C, kjer imajo napovedi direktne genetske vrednosti z modelom z maternalni genetskim vplivom širši razpon. Pri kmetijah pri obeh porazdelitvah opazimo konico okrog vrednosti 0, kar je verjetno posledica vključevanja neinformativnih živali v poreklo.

Z modelom brez in z maternalnim genetskim vplivom smo napovedali plemenske vrednosti, saj nas je zanimalo, koliko se napovedi direktne genetske vrednosti razlikujejo med modeloma ter kakšne so posledice ignoriranja maternalnega genetskega vpliva. Pri farmah A in B ter kmetijah je korelacija med napovedmi direktne genetske vrednosti po enem in drugem modelu visoka (slika 2, zgornja vrsta grafikonov), medtem ko je pri farmi C korelacija med napovedjo po enem ali drugem modelu bistveno slabša. Zaradi močno povečane direktne genetske komponente v modelu z maternalni genetskim vplivom tudi napovedi direktne genetske vrednosti dosegajo širši razpon vrednosti (na y osi) kot napovedi direktne genetske vrednosti z modelom brez maternalne genetske komponente (x os), zaradi česar položaj "oblaka" za farmo C na sliki 2 odstopa od ostalih rej. Korelacija med napovedjo direktne genetske vrednosti po modelu brez maternalnega vpliva in sestavljeno napovedjo genetske vrednosti (seštevek direktne in maternalne genetske vrednosti) po modelu z maternalnim vplivom je še nekoliko boljša (slika 2, spodnja vrsta grafikonov), predvsem se popravi smer "oblaka" pri farmi C.



Slika 1: Porazdelitve napovedi direktnih genetskih vrednosti z običajnim modelom (zgornja vrsta) in z modelom z vključenim maternalnim genetskim vplivom (spodnja vrsta)



Slika 2: Povezava med napovedjo direktne genetske vrednosti z običajnim modelom in z modelom z maternalnim genetskim vplivom (zgoraj) oz. s sestavljeno genetsko vrednostjo (spodaj)

Maternalni genetski vpliv je potrebno vključiti v model v primeru, ko maternalna komponenta ni zanemarljivo majhna in ko so napovedi plemenskih vrednosti zaradi ne vključitve pristranske (Chen in sod., 2003), slabša pa je tudi zanesljivost napovedi (Roehe in Kennedy, 1993b). Za farmi A in B ter kmetije za praktično uporabo brez težav še naprej uporabljamo model, ki ima vključeno le direktno aditivno genetsko komponento. Podobno, kot se je zgodilo z varianco za direktno genetsko komponento v modelu z maternalno komponento pri farmi C, sta dobila tudi Southwood in Kennedy (1990) za pasmo landrace. Kot možna vzroka navajata strukturo podatkov ali vnos tujih genov. Sama struktura podatkov se pri farmi C od ostalih dveh farm ne razlikuje bistveno, glede števila potomk po svinji in gnezdu pa ima farma C boljše strukturo podatkov.

Roehe in Kennedy (1993a) sta na osnovi simulacijskih študij pokazala, da je v primeru relativno velike maternalne heritabilite in srednje močne negativne korelacije potrebno selekcionirati tudi na maternalno genetski vrednost, razmerje ekonomskih tež za direktno in maternalno genetsko vrednost pa je odvisno od velikosti varianc in kovariance.

Southwood in Kennedy (1991) sta primerjala genetske trende v primeru, če se pri genetskem vrednotenju uporablja model brez ali z maternalnim genetskim vplivom in sta prav tako prišla do zaključka, da zadošča enostavnejši model. Do enakega sklepa so prišli tudi Chen in sod. (2003), ki zagovarjajo po genotipih ločeno genetsko vrednotenje, kar pa v naših populacijah zaradi njihove maloštevilnosti praktično ne pride v poštev.

1.4 Zaključki

Maternalna genetska komponenta je relativno majhna v primerjavi z direktno genetsko, tako da uporaba mešanega modela, ki ne vključuje maternalne genetske komponente, za praktične potrebe rutinskega vrednotenja zadošča. Maternalni negenetski komponenti, skupno okolje v gnezdu ter permanentno okolje svinje, sta v modelu, saj pojasnujeta več variance. Direktna genetska varianca in heritabiliteta sta v vseh rejah dovolj veliki, da omogočata selekcijo na število živorojenih pujskov. Samo študijo pa bi bilo smiselno nadgraditi s primerjavo zanesljivosti napovedi plemenskih vrednosti, če je ali če ni v model vključen maternalni genetski vpliv.

1.5 Viri

- Andersen S. 1998. The national Danish pig breeding program. V: International workshop Introduction of BLUP animal model in pigs, 3–5 Sept. 1998, str. 9.
- Chen P., Baas T.J., Mabry J.W., Koehler K.J., Dekkers J.C.M. 2003. Genetic parameters and trends for litter size in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *J. Anim. Sci.*, 81: 46–53.
- Groeneveld E., Kovač M., Mielenz N. 2010. VCE6 User's Guide and Reference Manual. Mariensee, Institute of Farm Animal Genetics, FLI: 125 str.

- 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, 1990-07-23/27. Edinburgh, The East of Scotland College of Agriculture, 13: 488–491.
- Haley C.S., Avalos E., Smith C. 1988. Selection for litter size in the pig. *Anim. Breed. Abstr.*, 56: 317–332.
- Logar B. 2000. Plemenska vrednost za velikost gnezda pri prašičih v populaciji z več genetskimi skupinami [Breeding value for litter size in pigs in population with different genetic groups]. *Mag. delo*. Domžale, Univerza v Ljubljani, Bioteh. fakulteta, Odd. za zoot. 96 str.
- Logar B., Kovač M. 2001. Dvolastnostni model za velikost gnezda po zaporednih pravitvah pri prašičih. *Zb. Bioteh. Fak. Univ. Ljub. Kmet. (Zoot.)*, 78: 219–227.
- Roehe R., Kennedy B.W. 1993a. Effect of selection for maternal and direct genetic effects on genetic improvement of litter size in swine. *J. Anim. Sci.* 71,11: 2891–2904.
- Roehe R., Kennedy B.W. 1993b. The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. *J. Anim. Sci.* 71,9: 2353–2364.
- Roehe R., Kennedy B.W. 1995. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. *J. Anim. Sci.* 73,10: 2959–2970.
- Sadek K. 1994. Napoved plemenske vrednosti za velikost gnezda pri prašičih [Prediction of breeding values for litter size in swine]. *Diplomska naloga [Graduation thesis]*. Domžale, Univerza v Ljubljani, Bioteh. fakulteta, Odd. za zoot. 51 str.
- Southwood O.I., Kennedy B.W. 1990. Estimation of direct and maternal genetic variance for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine using an animal model. *J. Anim. Sci.*, 68: 1841–1847.
- Southwood O.I., Kennedy B.W. 1991. Genetic and environmental trends for litter size in swine. *J. Anim. Sci.*, 69: 3177–3182.
- Urankar J., Malovrh Š., Ule I., Kovač M. 2004. Proučitev komponent variance za velikost gnezda pri prašičih. V: *Spremljanje proizvodnosti prašičev, II. del*. Kovač M., Malovrh Š. (ur.). Domžale, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Katedra za etologijo, biometrijo in selekcijo ter prašičerejo: 72–79.
- Willham R.L. 1972. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *J. Anim. Sci.*, 35: 1288–1293.