

Egyetemi doktori (PhD) értekezés tézisei

**MAGYAR NAGYFEHÉR, DUROC ÉS PIETRAIN KOCÁK GENETIKAI
ÉRTÉKELÉSE ÉS EGYES TERMELÉSI PARAMÉTEREIK STATISZTIKAI
VIZSGÁLATA**

Készítette:

Baginé Hunyadi Ágnes
doktorjelölt

Témavezetők:

Dr. Kusza Szilvia
tudományos főmunkatárs

Dr. Balogh Péter
egyetemi docens



DEBRECENI EGYETEM

Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola

Debrecen

2016

1. A doktori értekezés előzményei és célkitűzései

Az állattenyésztés, mint termelő tevékenység az ember legősibb foglalatosságai közé tartozik. Jellegét és színvonalát a természeti tényezők mellett a társadalmi, gazdasági fejlettség határozta meg. Az élelmezési igények és az igavonó szükséglet változása, a technikai haladás, valamint vallási okok és háborúk befolyásolták. Hatással voltak a felmerülő és kielégítendő piaci igények, a tudomány fejlődése.

Az elmúlt évszázadban a populációgenetika, biotechnológia, számítástechnika területen elért eredmények új alapokra helyezték a tenyésztést. A dezoxiribonukleinsav (DNS) szerkezetének 1953-ban történt felfedezése lehetővé tette a génmanipulációt, géntérképezés gyakorlati alkalmazhatóságának megteremtését (SZABÓ, 2004).

Az állattenyésztési genetikával foglalkozó kutatások száma rohamosan nő. Azt a célt szolgálják ki, hogy az állat biológia adottságait, képességeit a lehető legnagyobb mértékben a termelés szolgálatába tudjuk állítani. A mennyiségi és minőségi termék-előállítás és a gazdaságos termelés az, amivel a vevői igényeket ki tudjuk elégíteni. A sertéshústermelés növelésének egyik lehetséges módja a szaporasággal összefüggő mutatók javítása. A tulajdonság javítására a hagyományos szelekciós eljárások mellett új módszerek jelentek meg az állati biotechnológia és genetikai kutatások fejlődésének hatására, pl. a MAS (marker alapú szelekció), a GAS (gének segített szelekció) és a GS (genomikus tenyésztésre alapozott szelekció). Ezzel lehetővé vált eddig nem használt tulajdonságok bevezetése a szelekciós kritériumokba.

A MAS a kívánt tulajdonságot kódoló génnel szoros kapcsoltságban lévő ismeretlen lókuszt a markerek alapján azonosítja. A marker alapú szelekció alkalmazása azon tulajdonságok esetében jár legnagyobb előnnyel, melyeknél a hagyományos szelekció kevésbé hatékony.

A kutatómunkám célkitűzései az alábbiak voltak:

A dolgozat elkészítése során megvizsgáltam néhány olyan tényezőt, mely alkalmas lehet a nagyüzemi sertéstartás gazdaságosságának javítására.

1. A Hód-Mezőgazda Zrt. sertéstelepén a szaporasággal összefüggő mutatók javítása érdekében hét, a reprodukcióval összefüggő gén korábban már azonosított alléljait terveztem meghatározni:

1. properdin gén (*BF*)
2. epidermális növekedési faktor gén (*EGF*)
3. ösztrogén receptor gén (*ESR*)
4. folliculus-stimuláló hormon béta alegység gén (*FSH β*)
5. H2A hiszton család Z tagjának génje (*H2AFZ*)
6. leptin gén (*LEP*)
7. prolaktin receptor gén (*PRLR*)

Célkitűzésem az volt, hogy a polimorfizmus vizsgálat során megállapítsam, a vizsgált magyar nagyfehér hússertés, duroc és pietrain állományban mely gén alléljai befolyásolják legnagyobb mértékben a kocák szaporasággal összefüggő tulajdonságait. A magyar nagyfehér hússertés állományban szerettem volna meghatározni a leghasznosabb genotípust, emellett a telepen tartott duroc és pietrain kocák néhány egyedének genotipizálását is elvégeztem a genotípus gyakoriság felmérése érdekében, az alacsony elemszám ellenére. Azonban következtetéseimet csak a vizsgált telepen tartott magyar nagyfehér állományra vonatkoztatva teszem meg.

Az alábbi, egy koca után nyerhető malacszámot befolyásoló tulajdonságok kerültek elemzésre:

- két fialás közötti időintervallum (IBL)
- fialási százalék (PL)
- fialások száma (NL)
- élve született malacok száma (NBA)
- holtan született malacok száma (NBD)
- összes született malacsám (TNB)
- élve született malacok számának átlaga (MBA)
- holtan született malacok számának átlaga (MBD)
- összes született malacsám átlaga (MBT)
- 21 napos választott malacsám átlaga (M21D)
- felnevelési ráta (GR)

2. A jövedelmezőség javításának érdekében, a gazdaságos termeléssel összefüggésben céltom volt a fajták közötti túlélés elemzést is elvégezni. A feladat az volt, hogy megállapítsam az adott gazdaságban a magyar nagyfehér hússertés, a duroc és a pietrain

fajtához tartozó tenyészkocák selejtezés kockázatát, a kocák termelésben töltött idejét. A várható életteljesítmény meghatározása lehetővé teszi a telepi optimális kocaforgó tervezését.

2. Anyag és módszer

2.1. Genetikai vizsgálatok

Mintavétel

A vérminta a Hód–Mezőgazda Zrt. telephelyein elhelyezett 117 sertésből - 93 db magyar nagyfehér hússertés kocától, 9 db duroc nőivarú tenyészállattól és 15 db pietrain fajta kocától származott.

A mintavételt egyszer használatos injekciós tű felhasználásával, 5 ml-es EDTA véralvadásgátlót tartalmazó műanyag vércsővekbe történt. Egyedenként 2,5-3,0 ml levett vér további felhasználásig -20°C-on tárolásra került.

Genomiális DNS izolálás

A vérmintákból ZSOLNAI és ORBÁN (1999) módszere alapján genomiális DNS-t izoláltam.

Szükséges vegyszerek:

- Vérmosó oldat (10 ml 1M Tris-HCl /pH 7,5/ + 1ml 0,2M Na₂ EDTA /pH 8/).
- Proteináz K -20°C-on tárolva (15 mg Proteinase K por + 1 ml steril desztillált víz) (Promega, Medison, USA).
- Lízis puffer (10mM Tris /pH 7,5/ + 50 mM KCl + 0,5% Tween-20).

A vegyszerekből elkészített mixet 1000 ml-re desztillált vízzel felöntöttem, majd autoklávban 110 °C-on steriliztem.

0,5 ml vérmosó oldatot adagoltam 1,5 ml-es Eppendorf csővekbe, majd 0,5 ml vérmintát mostam bele. Az elegyet alaposan összekevertem vortex-keverő segítségével, majd két percig 12 000 fordulat/perc sebességgel centrifugáltam. A pelletről eltávolítottam a felülúszó elegyet. A folyamatot még kétszer megismételtem. A keletkezett pellethez 0,4 ml proteináz K enzimet és 10 ml lízis puffert tartalmazó elegyet adtam. Az Eppendorf cső aljáról vortex-keverő segítségével feloldottam a pelletet. A mintákat 56 °C-on 60 percig, majd 94 °C-on 10 percig inkubáltam. Az így nyert genomiális DNS mintákat -20 °C-on tároltam a további vizsgálatokig.

A PCR-RFLP és az AS-PCR a szaporasággal összefüggő gének vizsgálatában

Az egyszerű nukleotid polimorfizmusok (SNP) kimutatására polimeráz lánreakciókkal (PCR) sikeresen amplifikáltam a gének primerek által közrezárt szakaszait.

Vizsgált gének:

- Properdin gén (*BF*)
- Epidermális növekedési faktor gén (*EGF*)
- Ösztrogén receptor gén (*ESR*)
- Follikulus-stimuláló hormon béta algység gén (*FSH β*)
- H2A hiszton család Z tagjának (H2A.Z) génje (*H2AFZ*)
- Leptin gén (*LEP*)
- Prolaktin receptor gén (*PRLR*)

A PCR reakcióhoz az alábbi koncentrációjú vegyszereket mértem össze 15 μ l térfogatban:

- desztillált víz
- 10x puffer (Promega, USA)
- 2 mM MgCl₂ (Promega, USA)
- 0,2 mM dNTP mix (dATP, dCTP, dGTP, dTTP) (Promega, USA)
- 0,1 μ M primer forward (1. táblázat) (SIGMA-ALDRICH, USA)
- 0,1 μ M primer reverse (1. táblázat) (SIGMA-ALDRICH, USA)
- 0,1 U goTaq DNS polimeráz (Promega, USA)
- 100 μ M genomiális DNS

1. táblázat: A polimorfizmus vizsgálatok jellemzői

Gén / Molekulák	Forward primer szekvencia (5'-3')	Reverse primer szekvencia (5'-3')	Amplifikált termék hossza (bp)	Feltapa- dási hőmér- séklet (°C)	Restrik- ciós enzim	Allélok mérete		Irodalom
						A (bp)	B (bp)	
<i>BF</i>	ACTGCTATGACGG TTACACTCTCCG	TCCAAGAGCCACC TTCTTGG	390	60	SmaI	237 és 153 (SmaI-)	390 (SmaI+)	Jiang & Gibson (1998)
<i>EGF</i>	GAAACAATTCCCG TGTTCTCT	TCACTTCCACACC TGTAACATCT	875	54	-	1 527	652	Mendez et al. (1999)
<i>ESR</i>	CCTGTTTTTACAG TGACTTTTACAGA G	CACTTCGAGGGTC AGTCCAATTAG	120	55	PvuII	120	55 és 65	Short et al. (1997)
<i>FSHβ</i>	GTATACCAAGTCC TAAAG	GTCTCGTACACCA GCTCCTT	1650	60	α TaqI	1650	675 és 975	Linville et al. (2001)
<i>H2AFZ</i>	GGTGGTTTCTGCTG TCTGG	TCATGGCTGGTCG TCCTAG	333	57-60	Bsu15I	158 és 175	333	Zhang et al. (2009)
<i>LEP</i>	TGCAGTCTGTCTCC TCCAAA	CGATAATTGGATC ACATTCTG	152	60	HinfI	84 és 68 (C allél)	152 (T allél)	Neuenschwander et al. (1996)
<i>PRLR</i>	CGGCCGCAGAATC CTGCTGC	ACCCCACTTGTA ACCCATCATCC	170	62	AluI	127	35 és 92	Cajdócsi et al. (2008)

A PCR kondíciók a következők voltak:

Lépések	Hőmérséklet (°C)	Időtartam	
kezdő denaturáció	95	90 (sec)	} 35 ciklus
denaturáció	95	30 (sec)	
primerek feltapadása	1. táblázat	30 (sec)	
elongáció	72	15 (sec)	
záró szakasz	72	5 (min)	

A PCR reakció sikeres amplifikációját agaróz gélelektroforézissel ellenőriztem, majd a megmaradt 10 µl PCR termékhez 3 µl különböző restrikciós enzimeket tartalmazó elegyet adtam (kivéve az *EGF*, mivel ott az AS-PCR módszert alkalmaztam, így nincs szükség a restrikciós enzimmel történő emésztésre, hanem közvetlenül a PCR reakciót követő gélelektroforézis során kaptam meg az egyed genotípusát):

- 0,65 µl restrikciós enzim (Fermentas, USA) (1. táblázat)
- 1,3 µl puffer (Fermentas, USA)
- 1,05 µl desztillált víz

Az emésztések 37 °C-on 4 órán keresztül történtek PCR gépben. Az emésztett PCR termékeket 2%-os agaróz gélen futtattam.

Nukleinsavak elválasztása elektroforézissel

A gélelektroforézishez szükséges anyagok:

- 1 X TAE puffer (2,0 M Tris-acetát, 0,05 M EDTA /pH 8,0/ desztillált víz)
- 0,5 mg/ml GelRed festék
- LONZA SeaKem LE agaróz (Qbiogene, USA)

Az amplifikált termékek kimutatására és ellenőrzésére 2%-os agarózból készült gélt alkalmaztam. A gél elkészítéséhez elegyítettem 4 g agaróz port és 200 ml 1 x TAE puffert, majd ezt melegítettem a por teljes feloldódásáig. A vízfolyékonyságú gélhez gél-red festéket adtam, majd fésűvel ellátott gél tálcára öntöttem, ahol megszilárdult. A szilárd gélből a fésűt eltávolítottam és a mintákat a keletkezett gél-zsebekbe helyeztem. A mintákat elektroforézis készülékbe tettem, 20-60 percig futtattam a gél nagyságától függően, 120V-on. Az eredményt UV fény alatt leolvastam.

A szaporasággal összefüggő gének vizsgálatának statisztikai elemzése

A sertések alábbi termelési adatait vizsgáltam:

- két fialás közötti időintervallum (IBL)
- fialási százalék (PL)
- fialások száma (NL)
- élve született malacok számának átlaga (MBA)
- holtan született malacok számának átlaga (MBD)
- összes született malacsám átlaga (MBT)
- élve született malacok száma (NBA)
- holtan született malacok száma (NBD)
- összes született malacsám (TNB)
- 21 napos kori választott malacsám átlaga (M21D)
- felnevelési ráta (GR)

A különböző gének alléljai és a genotípus frekvenciák közötti várható gyakoriságot teszteltem Chi-négyzet (χ^2) segítségével annak érdekében, hogy ellenőrizzem a populáció Hardy-Weinberg egyensúlyát. A változókat kéttényezős varianciaanalízissel elemeztem SPSS 22.0 program segítségével. Fix tényezők voltak a fajta és a lókusznak megfelelő genotípus, valamint vizsgáltuk az ezek közötti interakciót is. A nem azonos elemszámok miatt a becsült marginális átlagokat (Estimated Marginal Means) számítottam ki és Bonferroni korrekciót alkalmaztam a többszempontú összehasonlítások vizsgálatára (LENTH 2016).

2.2. A kocák túlélés elemzése

A hódmezővásárhelyi Hód-Mezőgazda Zrt. sertéstelepén tartott magyar nagyfehér, duroc és pietrain fajta kocák túlélés elemzését végeztem el. A vizsgálatba 295 db magyar nagyfehér, 76 db duroc és 91 db pietrain nőivarú tenyészállat került bevonásra.

A kocákhoz kapcsolódó alábbi tulajdonságokat vettem figyelembe: életkor a tenyésztésbe állításkor, selejtezés kori életkor, termelésben töltött idő, termékenyítések száma, fialások száma, két fialás közötti idő, élve született malacok száma, holtan született malacok száma, élve született malacok átlaga, holtan született malacok átlaga,

felnevelt alom száma, felnevelt malacok száma, felnevelt malacok átlagszáma, felnevelt alomtömeg, felnevelt malacok alomtömegének átlaga, fialási százalék, felnevelési ráta. Az elemzéshez az SPSS 22.0 statisztikai szoftvert használtam. Egytényezős varianciaanalízist, Kaplan-Meier elemzést és a Cox-féle arányos kockázati modellt alkalmaztam. A kockázati ráták közötti különbség szignifikanciájának megítélése Wald féle khi-négyzet próbával történt.

3. Eredmények

Az eredményeim ismertetésének első része a gazdaságos sertésstenyésztésre nagy hatással levő, tizenegy tulajdonság tekintetében az általam vizsgált hét kandidáns gén polimorfizmusának elemzése. Először a telepen tartott magyar nagyfehér hússertés, duroc és pietrain fajtájú kocák adatait hasonlítottam össze, majd a duroc és a pietrain kocák kis elemszáma miatt külön fejezetben mutatom be a magyar nagyfehér hússertés fajtára vonatkozó eredményeket.

A második részben egytényezős varianciaanalízissel és a túlélés elemzés legfontosabb nem parametrikus módszereinek (Kaplan-Meier elemzés és a Cox-féle arányos kockázati modell) alkalmazása alapján az egyes sertésfajták (magyar nagyfehér hússertés, duroc, pietrain) selejtezőkori napjaira számszerűsítettem az úgynevezett túlélési ($[S(t)]$), és hazard ($[h(t)]$) függvényeket. Kockázati rátákat számítottam, melyek alapján az ugyanazon a telepen tartott fajták életteljesítményeit és túléléseit értékeltem.

3.1. A vizsgált gének elemzésének eredményei

3.1.1. Magyar nagyfehér hússertés, duroc és pietrain fajtájú kocákra vonatkozó eredmények

A properdin gén (BF) polimorfizmusa és a tulajdonságok kapcsolata

A sertésállományokban a properdin gén (BF) két allélját azonosítottam, A és B allélt. A magyar nagyfehér kocák A allél gyakorisága 14%, a B allélé 86%, a duroc fajtáé 17% és 83%, a pietrain fajtáé A: 10% és B: 90% volt.

A kocákban AB és BB genotípust tapasztaltam. A magyar nagyfehér hússertés és a duroc állomány 67%-a volt BB genotípusú, a fennmaradó AB. A pietrain kocák 80%-a volt homozigóta és 20% heterozigóta.

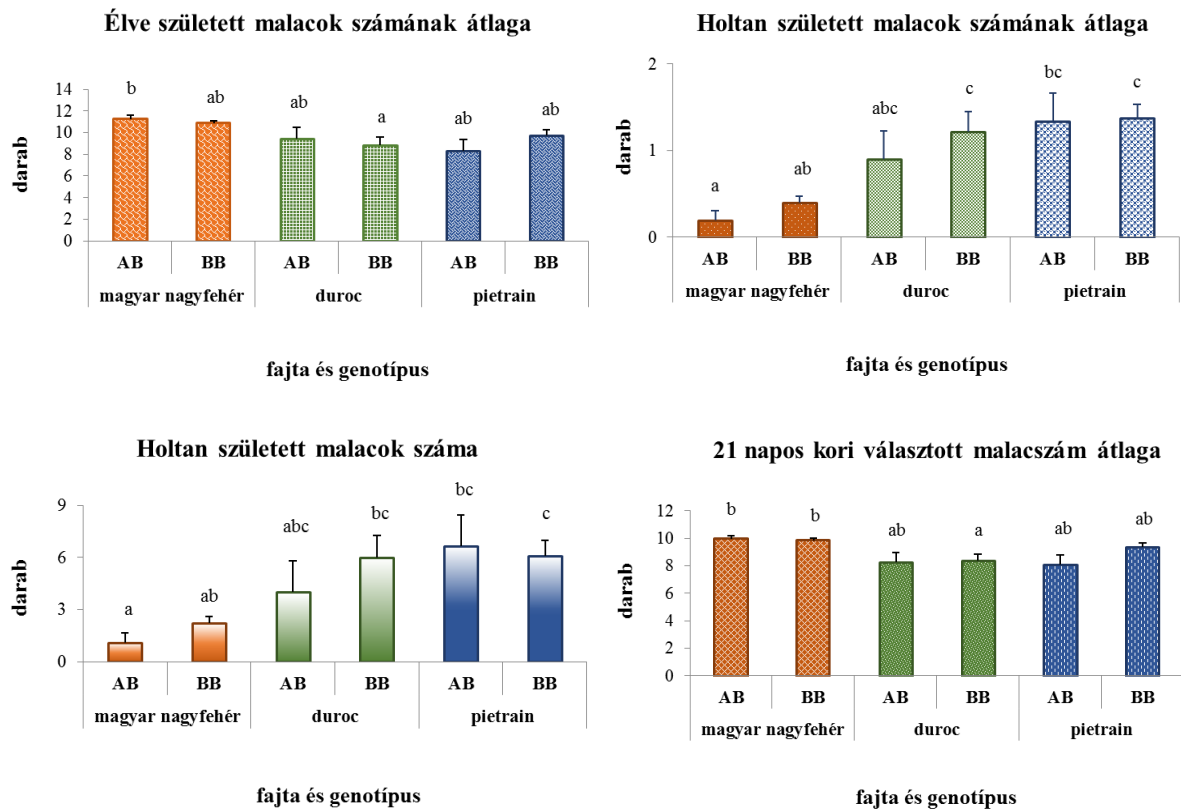
A statisztikai elemzés eredményei szerint a magyar nagyfehér sertéseknél szignifikánsan kevesebb volt a holtan született malacok száma, mint a duroc vagy a pietrain kocáknál. Előbbi fajtánál 3,34 malaccal ($P \leq 0,013$), utóbbinál 4,72 malaccal ($P < 0,001$) fialt kevesebb életképtelen utódot. Ez az eredmény a holtan született malacok átlagában is szignifikáns különbséget eredményezett. A magyar nagyfehér koca átlagát

a duroc fajta 0,76 holt malaccal ($P \leq 0,001$), a pietrain 1,06 holt malaccal ($P < 0,001$) haladta meg.

A magyar nagyfehér hússertés szignifikánsan magasabb élve született malac átlagot mutatott, 2,03 darabbal többet, mint a pietrain ($P \leq 0,004$), és 1,91 darabbal több malacot, mint a duroc fajta ($P \leq 0,014$).

Szignifikánsan magasabb volt a magyar nagyfehér kocák által felnevelt malacok 21 napos kori átlagos darabszáma. A pietrain nőivarú tenyésztőállatok fialási eredményeit 1,19 darabszámmal ($P \leq 0,01$), a duroc fajtáét 1,59 darabbal ($P \leq 0,001$) haladta meg.

Genotípusok és fajták közötti kapcsolat



1. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *BF* gén esetében

A properdin gén polimorfizmusa szignifikáns különbséget eredményezett a holtan született malacok számában és átlagában, az élve született malacok átlagában és a választáskori malacszámban (1. ábra). A magyar nagyfehér és a duroc fajták esetében az AB genotípusok mutattak kedvezőbb eredményeket a holtan született malacok száma és átlaga tulajdonságoknál. A heterozigóta magyar nagyfehér és duroc kocák élve született

malacszámainak átlagai megelőzték a pietraint. A választáskori malacszám azonban a magyar nagyfehér fajtát kivéve a BB genotípusban volt magasabb.

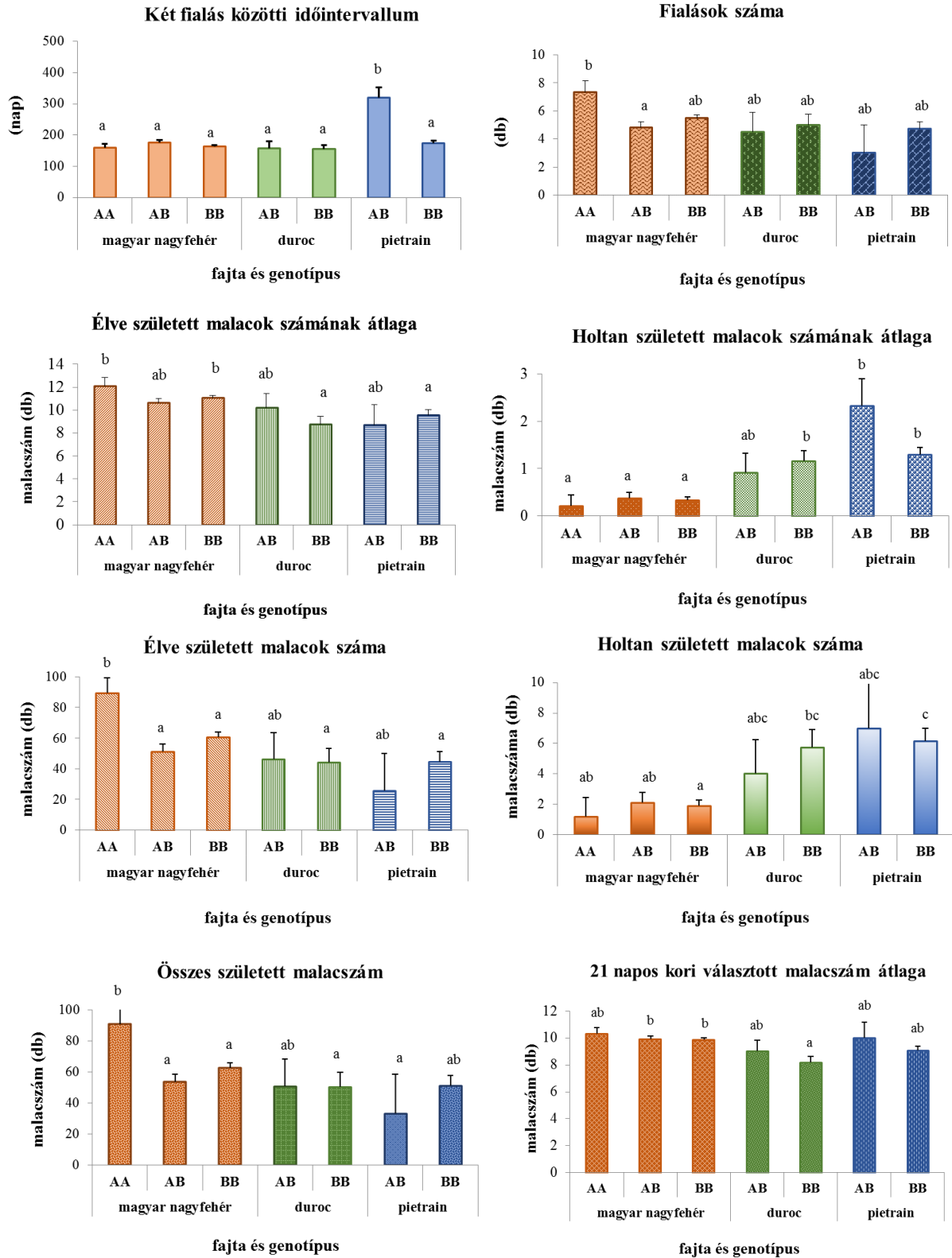
Az epidermális növekedési faktor gén (*EGF*) polimorfizmusa és a tulajdonságok kapcsolata

Az *EGF* gén két allélja (A és B) mindhárom fajtánál kimutatható volt. A magyar nagyfehér fajtában A (0,21), B (0,79) allélgyakorisággal, a durocban A (0,11) és B (0,89) gyakorisággal. A pietrain kocákban volt a legalacsonyabb az A allél gyakorisága, 3%, és legmagasabb a B allélé, 97%.

Mindhárom genotípust kimutattam a magyar nagyfehér fajtában és a duroc állományban, azonban a pietrain kocákban csak az AB és a BB fordult elő (2. ábra). A magyar nagyfehér fajtában a homozigóták közül a BB típusúak voltak jelen a legmagasabb arányban (66,5%), az AA típus előfordulása 6,5%. A heterozigóták 27% arányt képviseltek. A duroc állomány BB típusú egyedei 77,8%, a heterozigóták 22,2% arányt mutattak. A pietrain kocák 93,3 százaléka a BB genotípushoz tartozott, 6,7%-a pedig heterozigóta volt.

A fajták közötti szignifikáns különbségek a két fialás közt eltelt időintervallumban, a holtan született malacok számában és átlagában, és a választáskori malacszámban nyilvánultak meg.

A populációban a pietrain fajtának volt a leghosszabb a két fialás között eltelt időintervalluma. Szignifikáns különbség mutatkozott a pietrain és a nagyfehér fajta (80,56 nap, $P < 0,001$), valamint a pietrain és duroc (89,89 nap, $P < 0,001$) fajta között. A statisztikai elemzés azt mutatta, hogy a magyar nagyfehér hússertés esetében lényegesen kevesebb a holtan született malacok száma, mint a pietrain kocáknál (-4,85 malac; $P = 0,016$). Ez az eredmény szignifikáns különbséghez vezetett a holtan született malacok átlagában is (-1,51 malac; $P < 0,001$). Duroc kocák esetében szintén magasabb volt a holtan született malacok átlaga, mint a magyar nagyfehér hússertés kocáknál (0,734 malac; $P \leq 0,01$). Szignifikánsan 1,43 malaccal ($P \leq 0,017$) magasabb átlagos malacszámot mutattak 21 napos korban a magyar nagyfehér hússertések, mint a duroc kocák.



2. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban az *EGF* gén esetében

A két fialás közötti idő intervallum tulajdonságban mindhárom fajta esetében az AB genotípusú egyedek esetében volt a legrövidebb az idő. A legtöbb élve született

malacsámot és összes született malacsámot a magyar nagyfehér fajtában az AA, a duroc fajtában az AB és a pietrain állományban a BB genotípusban határoztam meg. A fialások száma tulajdonságban a magyar nagyfehér húsertés és a pietrain - hasonlóan az előző két tulajdonsághoz - ugyancsak az AA illetve az AB genotípusban mutatta a legjobb eredményeket, a duroc állományban viszont a homozigóta BB genotípus volt a legkedvezőbb. A választott malacok száma a magyar nagyfehér fajta esetében ismét az AA genotípus előnyét mutatta, a másik két fajta esetében pedig a heterozigóta egyedek fölényét (2. ábra). A homozigóta AA egyedek 39,44 darabbal ($P \leq 0,001$) fialtak több élő malacot, mint a homozigóta BB kocák és 48,19 ($P \leq 0,003$) malaccal többet, mint a heterozigóta AB genotípusúak. Ugyanez az eredmény volt tapasztalható az összes született malacsám tulajdonságnál: az AA genotípusú kocák utódainak száma szignifikánsan 36,02 malaccal több volt ($P \leq 0,005$) a BB genotípusúakhoz viszonyítva és 44,98 malaccal több ($P \leq 0,008$), mint az AB genotípusúaké. Az *EGF* gén alléljainak egyéb tulajdonságokra is hatása lehet: a két fialás között eltelt időre és az alomszámra. Az adatok azt mutatták, hogy az AB genotípusú kocáknak volt a leghosszabb a két fialás között eltelt időintervalluma, 54,32 nappal hosszabb ($P \leq 0,001$), mint a BB genotípusúaké. Az AB kocák az AA állatok ugyanezen tulajdonságát szignifikánsan 59,47 nappal ($P = 0,005$) haladták meg. A legnagyobb alomszámot az AA genotípusúak mutatták. Az AA-AB genotípusúak alomszáma közötti különbség szignifikáns volt, (3,22 malac, $P = 0,018$), ugyanígy az AA-BB genotípusok közötti (2,27 malac, $P = 0,031$). A legtöbb 21 napos korú malac az AA genotípusú kocáknál volt tapasztalható. A duroc és a pietrain fajtánál - az AA genotípus hiánya miatt - az AB típusnál volt megfigyelhető

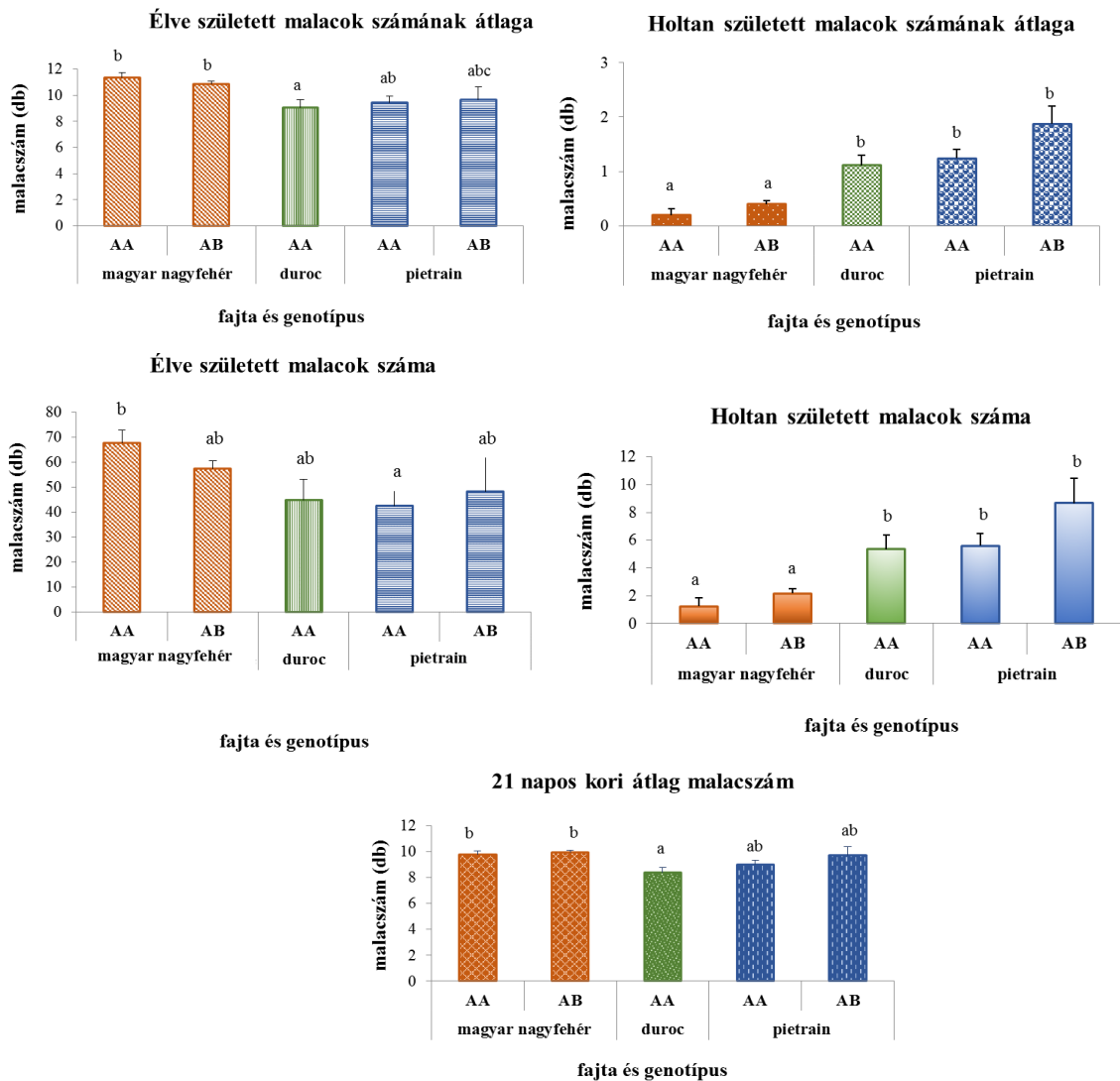
Az ösztrogén receptor gén (*ESR*) polimorfizmusa és a tulajdonságok kapcsolata

A magyar nagyfehér fajtában az *ESR* gén A és B allélját detektáltam A (0,62) és B (0,38) gyakorisággal. A pietrain kocákban A (0,90) és B (0,10) volt az allélok gyakorisága. A duroc fajta egyedeiben B allélt nem találtam.

Két genotípust (AA, AB) határoztam meg a vizsgált állományban. Nem találtam BB genotípusú kocát egyik fajtában sem. A magyar nagyfehér fajtában 24,74% volt a homozigóta, és 75,26% a heterozigóta állatok aránya. A duroc állomány csak homozigóta AA kocákból állt. A pietrain állatok között 80% arányt képviselt az AA és 20%-ot az AB genotípust.

Az *ESR* gén adatainak statisztikai elemzése azt mutatta, hogy a magyar nagyfehér kocák esetében az átlagos élve született malacsám 2,06 malaccal volt több ($P \leq 0,004$) a duroc utódokhoz viszonyítva és 1,59 darabbal több malac született ($P \leq 0,033$) a pietrain fajtához viszonyítva. Ez 22%-kal haladta meg a duroc kocák eredményeit és 16%-kal a pietrain utódok számát. A magyar nagyfehér kocák kevesebb holt malacot hoztak világra, mint a duroc és a pietrain fajták 3,65 illetve 5,45 darabbal ($P = 0,003$ és $P < 0,001$). Ez a tendencia megnyilvánult a holtan született malacok átlagában is, mert a duroc kocák a fialások során átlagosan 0,82 darabbal, a nőivarú tenyészállatok pedig 1,26 malaccal több életképtelen utódot hoztak világra ($P < 0,001$).

Az élve született malacok átlagához hasonlóan a magyar nagyfehér fajtának magasabb volt a 21 napos kori átlagos malacszáma 1,50 db malaccal ($P \leq 0,001$) mint a duroc fajtának és 0,5 darabbal haladta meg a pietrain fajta értékeit.



3. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban az *ESR* gén esetében

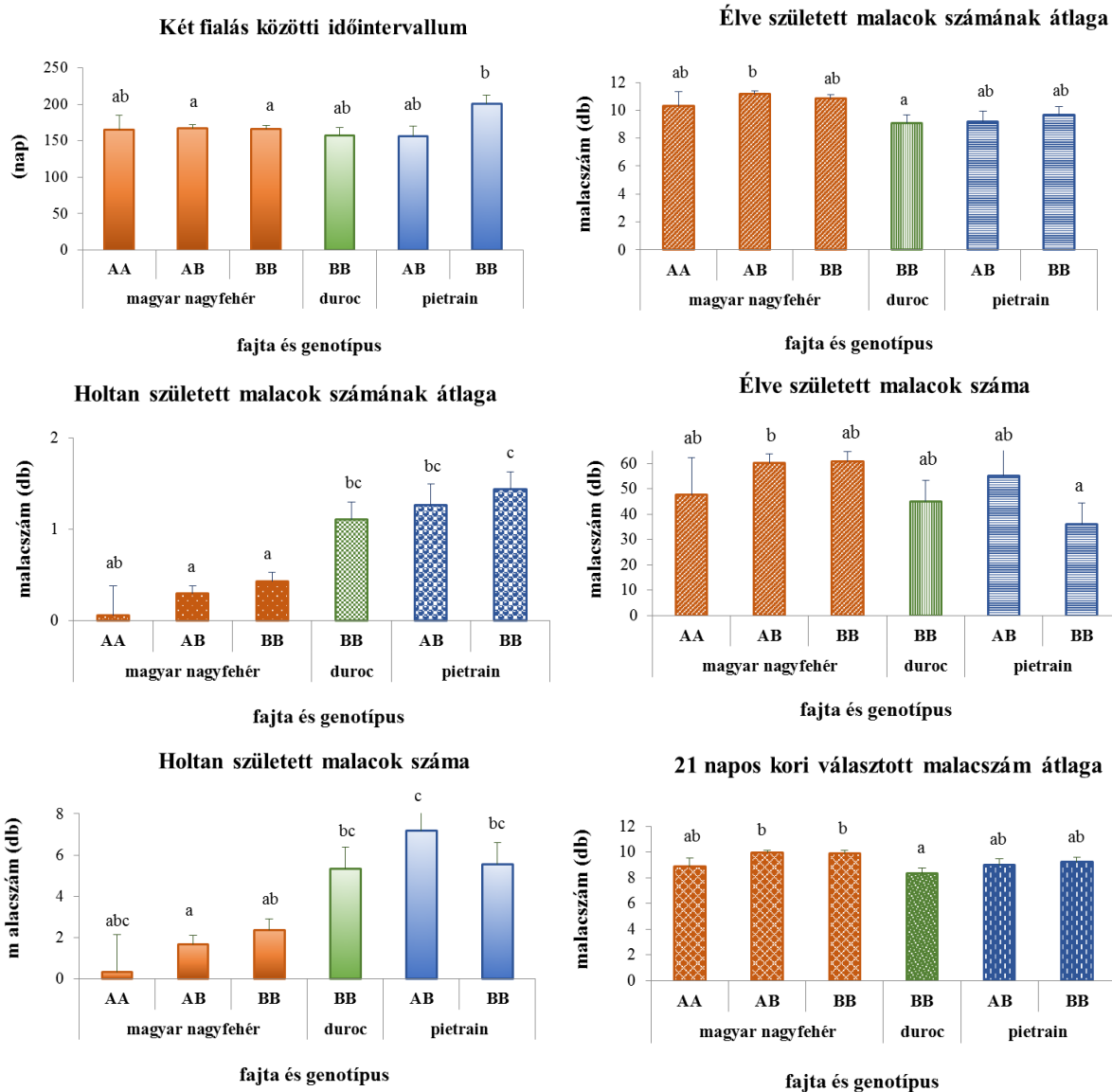
Az AA genotípusú kocák kevesebb holt malacot fialtak, mint az AB kocák (3. ábra). Az élve született malacok átlaga legmagasabb a homozigóta AA típusú magyar nagyfehér fajtában, a pietrain állományban viszont a heterozigóta egyedek mutattak jobb teljesítményt. Legtöbb választott malacot a magyar nagyfehér és a pietrain fajták heterozigóta egyedei produkáltak.

A follikulus-stimuláló hormon béta alegység gén (*FSH β*) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata

Az *FSH β* gén A és B allélját detektáltam a magyar nagyfehér fajtában A (0,32) B (0,68) gyakorisággal. A pietrain kocákban az allélok 20% és 80% megoszlásban voltak fellelhetőek. A duroc csoport csak B allélt tartalmazott.

A genotípusok közül mindegyik (AA, AB, BB) megtalálható volt a magyar nagyfehér fajtában. Gyakoriságuk AA: 3,22%, AB: 57% és BB: 39,78%. A vizsgált duroc sertések között csak B homozigóta egyedek voltak. A pietrain csoportban ugyancsak hiányzott az AA genotípus, de a 60% homozigóta egyed mellett 40% AB genotípus is fellelhető volt.

Az *FSH β* génre vonatkozó adatok elemzése során a számítások azt igazolták, hogy a magyar nagyfehér kocák több malacot neveltek fel. Magasabb volt a 21 napos kori átlagos választott malacsám 1,22 malaccal ($P \leq 0,026$) a duroc és 0,48 malaccal ($P \leq 0,647$) a pietrain fajtához képest. 3,87 darabbal ($P \leq 0,006$) kevesebb azonban a holt malacok száma a duroc malacokhoz viszonyítva és 4,89 darabbal ($P < 0,001$) kevesebb a pietrain fajtáénál. A duroc kocák holtan született malacainak átlagszáma 0,85 darabbal ($P \leq 0,001$) haladta meg a magyar nagyfehér fajta ugyanezen tulajdonságát. A pietrain kocák - hasonlóan a duroc egyedekhez - magasabb értékeket mutattak. A magyar nagyfehér kocák szaporulatához viszonyítva átlag 1,09 darab holt malaccal ($P < 0,001$) többet fialtak.



4. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban az *FSH β* gén esetében

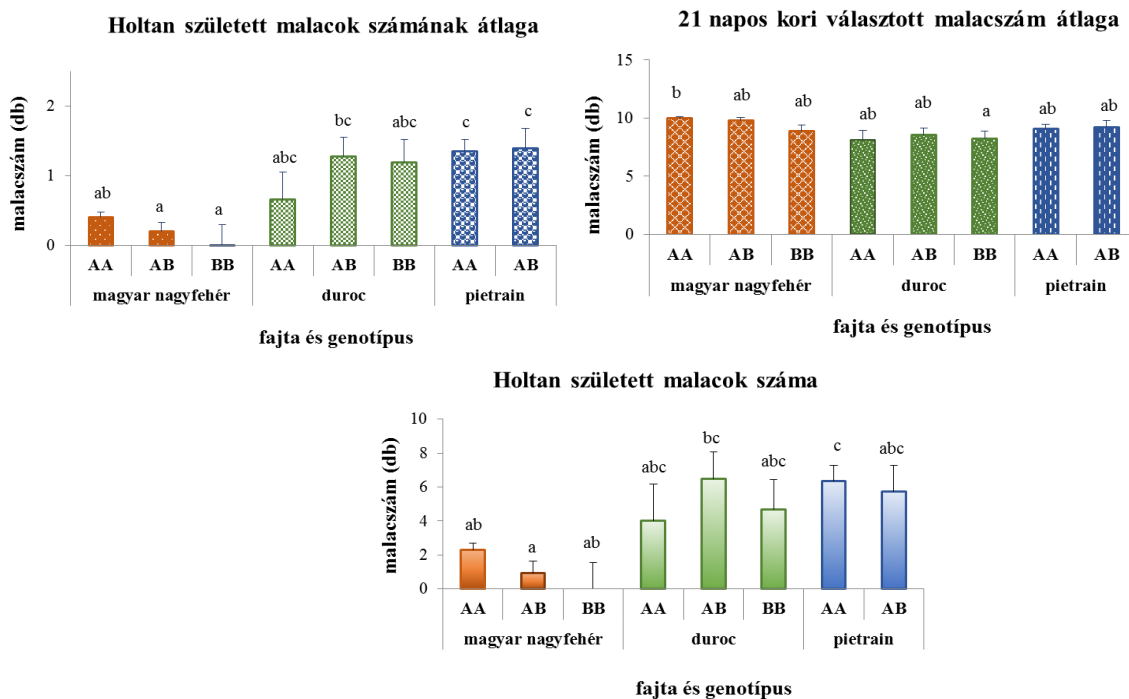
A holtan született malacok számának adatai azt mutatják, hogy a legjobban az AA genotípusok szerepeltek (4. ábra). Ugyanezen tulajdonság átlagszámait elemezve azonban az AB kocák meghaladták a BB egyedek teljesítményét. Az élve született utódok száma az AB nagyfehér hússertésben és a BB pietrain fajtában volt a legmagasabb. A fajták malacnevelő képessége az előbbihez hasonlóan alakult.

A H2A hiszton család Z tagja gén (H2AFZ) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata

Két allélt detektáltam a *H2AFZ* génnek. A magyar nagyfehér állományban A (0,85) és B (0,15) gyakoriságot tapasztaltam. A pietrain állományban az allélfrekvencia hasonlóan alakult: A (0,87) és B (0,13). A duroc fajtában ettől eltért A (0,44) és B (0,56) értékekkel.

A magyar nagyfehér fajtában az AA genotípus aránya 74,20%, a BB típusé 21,50%, a heterozigóták aránya pedig 4,30%. A duroc fajtában az AA 22,2%, a BB 33,3% és az AB genotípus 44,44% arányban fordult elő. A pietrain állomány BB homozigóta egyedek nem tartalmazott, az AA homozigóták aránya 73,33% volt, a heterozigóták aránya 26,67%.

A fajthatást vizsgálva azt tapasztaltam, hogy a duroc és a pietrain kocák esetében alacsonyabb volt az élve született malacok átlagszáma a magyar nagyfehér fajtához viszonyítva. A nagyfehér az előbbi fajtát 2,17 utóddal ($P \leq 0,009$), utóbbiét 1,57 malaccal ($P \leq 0,041$) múlta felül. Ugyanakkor kevesebb holt malacot hoztak világra, mint a másik két fajta. A duroc 3,97 darabbal ($P \leq 0,004$), a pietrain 4,97 malaccal ($P < 0,001$) több életképtelen utódot fialt. A holtan született malacok átlagának összehasonlítása során hasonló tendenciát figyeltünk meg. A nagyfehér fajta kocák 0,84 ($P \leq 0,001$) élve született malacsám átlaggal teljesítették túl a duroc nőivarú tenyészállatok utódait és 1,18 malaccal ($P < 0,001$) a pietrain kocákét. A választáskori, 21 napos átlagos malacsám adatai a magyar nagyfehér fajta jobb szaporaságát és malacnevelő képességét bizonyították. Az almokból átlag 1,24 malaccal több ($\leq 0,024$) utódot neveltek fel, mint a duroc kocák, és 0,42 malaccal ($P \leq 0,917$) haladták meg a pietrain fajta átlagát.



5. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *H2AFZ* gén esetében

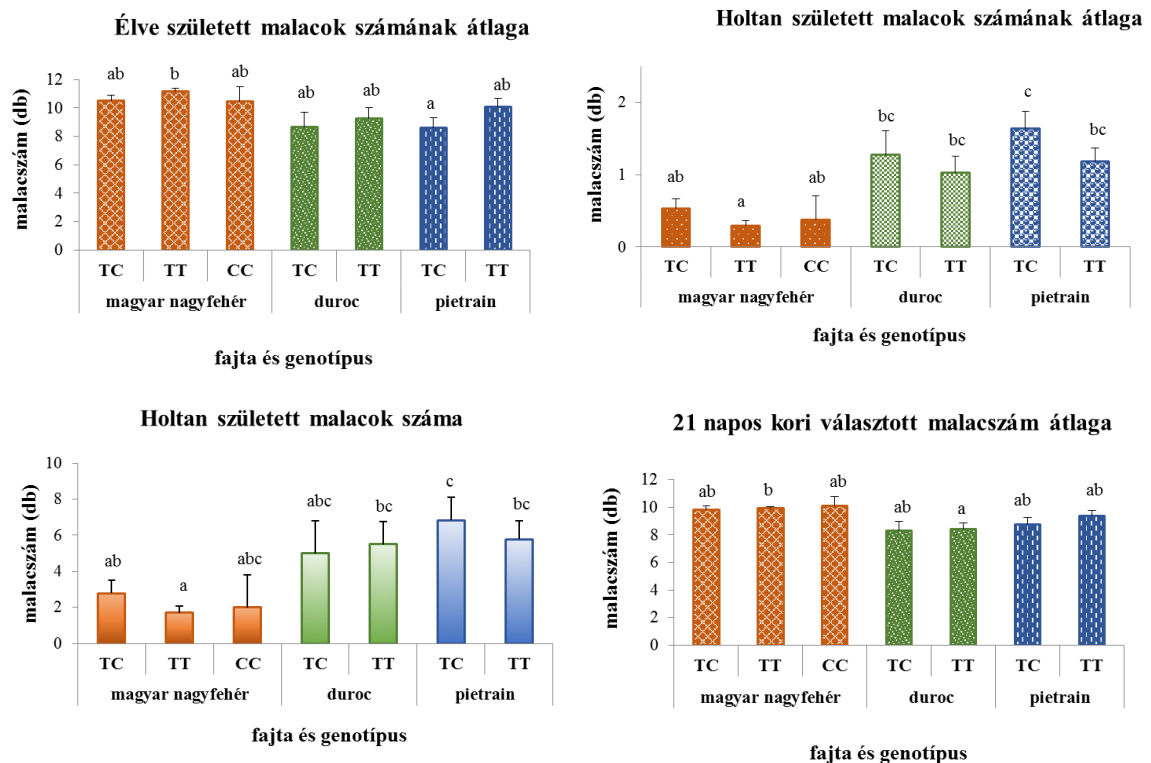
Az AA, AB és BB genotípusok megtalálhatóak voltak a magyar nagyfehér és a duroc fajtában, a pietrain csoportból hiányoztak a BB homozigóta egyedek (5. ábra). A holtan született malacok legalacsonyabb számát és átlagát is a BB nagyfehér kocák és az AB duroc sertések produkálták. A malacnevelő képesség tekintetében az AA nagyfehér kocák valamint az AB duroc és pietrain fajták bizonyultak a legeredményesebbeknek.

A leptin gén (*LEP*) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata

A leptin gén analízise során T és C allélt ismertem fel. Mindhárom fajtában hasonló arányban szerepeltek az allélok. A magyar nagyfehér esetében T (0,87) és C (0,13) arányban, a duroc fajtában T (0,83) és C (0,17), valamint a pietrain állományban T (0,80) és C (0,20) megoszlásban.

Az általam vizsgált magyar nagyfehér hússertés csoportban tapasztalt TT genotípus aránya 77,41%, a CC homozigóta egyedeké 3,24% és a heterozigóták aránya 19,35%. A duroc fajtában csak TT és TC genotípusú egyedek fordultak elő, a homozigóták aránya kétszerese volt a heterozigótáknak. A pietrain állományban ehhez hasonlóan a TT és a TC genotípusok arányában 60:40 százalék megoszlás mutatkozott.

A *LEP* gén polimorfizmusaira vonatkozó adatok elemzése azt mutatta, hogy a magyar nagyfehér húsertés a többi vizsgált fajtánál kevesebb holt malacot hozott világra. A duroc fajta 3,09 holt malaccal ($P \leq 0,054$), a pietrain 4,15 életképtelen utóddal ($P < 0,001$) teljesített rosszabbul. A holtan született malacok számának átlagai tekintetében 0,75 darabbal ($P \leq 0,005$) jobb teljesítményt mutatott a duroc fajtánál, a pietrain kocákhoz viszonyítva pedig 1,01 malaccal ($P < 0,001$) fialt kevesebb holt malacot. A magyar nagyfehér kocák választáskori malacszáma 1,59 malaccal ($P = 0,004$) volt több a pietrain és 0,88 ivadékkal ($P \leq 0,087$) több a duroc fajtához viszonyítva.



6. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *LEP* gén esetében

A magyar nagyfehér húsertés csoportban TC, TT és CC genotípusú kocákat detektáltam. A genotípus frekvencia értékei a fenti sorrendben: 19,35%, 77,41%, 3,24%. A duroc és a pietrain állományban hiányoztak a CC genotípusú homozigóta egyedek. A duroc fajtában a TT genotípus 60%-ot tett ki. A pietrain kocák között kétharmad arányt képviseltek a TT homozigóta egyedek. A magyar nagyfehér fajta TT egyedei fialták szignifikánsan a legkevesebb holt malacot és ennek átlagszáma is ezt mutatta. A választáskori malacszámban viszont a CC kocák fölénye mutatkozott meg. A duroc fajtában a holtan született malacok száma a TC, az átlaga a TT kocák fölényét

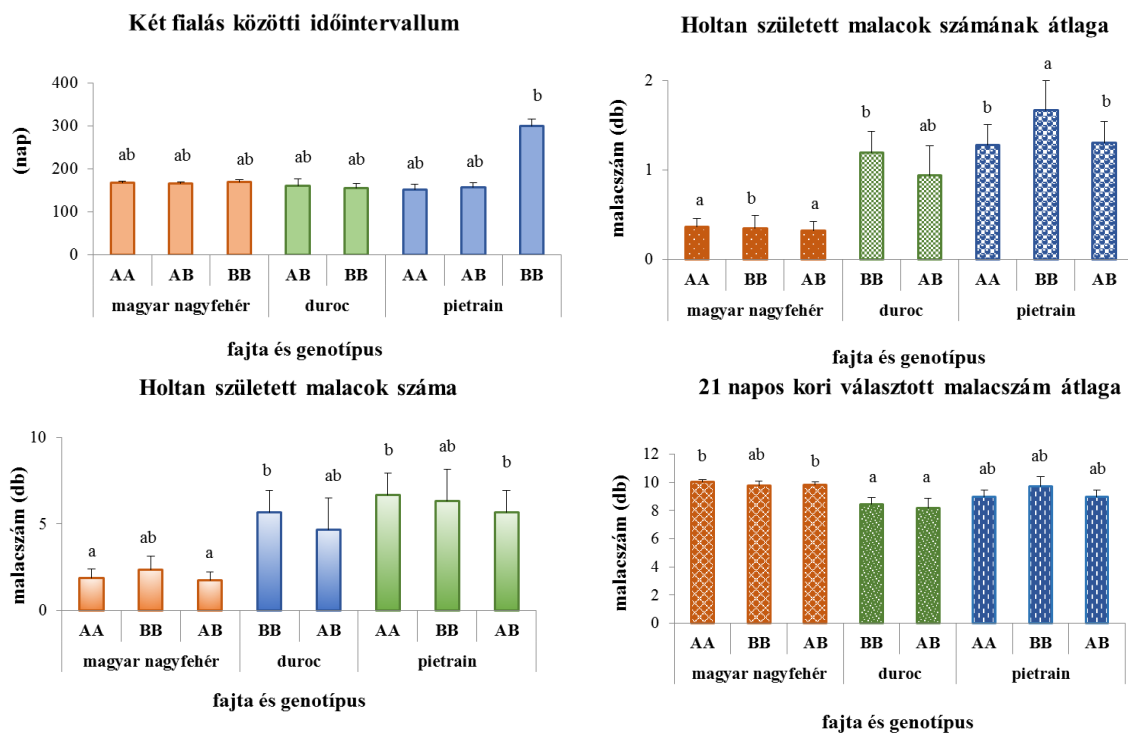
mutatta, de az eredmény nem volt szignifikáns. A pietrain kocák a holtan született malacok tekintetében a TT homozigóta egyedek fölényét eredményezte és ez jelent meg a választáskori malacszámban is (6. ábra).

A prolaktin receptor gén (*PRLR*) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata

A *PRLR* gén polimorfizmus vizsgálata során két allélt mutattam ki. A vizsgált magyar nagyfehér kocákban az A allél 63%, a B allél 37% gyakorisággal fordult elő. A duroc fajtában ugyanezen allélok gyakorisága 17% illetve 83%. A pietrain állományban A (0,59) és B (0,41) gyakoriságot tapasztaltam.

A magyar nagyfehér fajtában az AA genotípus 43%, a BB 40% és a heterozigóta egyedek 17%-ban jelentek meg. A duroc kocák között nem volt AA genotípus, a homozigóta egyedek aránya kétharmad. A pietrain kocák közül 40-40%-ban mutattam ki AA és AB egyedeket, 20% pedig homozigóta BB-t.

A statisztikai elemzés azt mutatta, hogy a magyar nagyfehér fajtának rövidebb a két fialás közötti idő intervalluma 35,52 nappal ($P < 0,001$) a pietrain fajtához viszonyítva. A duroc kocák adataitól viszont 9,13 nappal jobb. Az élve született malacok átlaga 2,02 darabbal ($P \leq 0,01$) magasabb volt a magyar nagyfehér fajtának a duroc fajtához viszonyítva. A pietraint 1,55 malaccal ($P \leq 0,014$) előzte meg. A 21 napos korban választott malacok átlagos darabszáma a duroc és a pietrain fajtákban elmaradt a magyar nagyfehér fajtától 1,56 malaccal ($P \leq 0,002$) illetve 0,65 egyeddel ($P = 0,187$). A holt malacok száma 3,17 darabbal ($P \leq 0,024$) volt magasabb a duroc és 4,22 darabbal ($P < 0,001$) a pietrain esetében a magyar nagyfehér fajtához viszonyítva. A holtan született átlagos malacsám az előzőek arányait mutatta, a magyar nagyfehér kocák 0,72 darabbal ($P \leq 0,003$) és 1,07 ($P < 0,001$) malaccal több élő egyedet produkáltak duroc és a pietrain fajtához viszonyítva.



7. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *PRLR* gén esetében

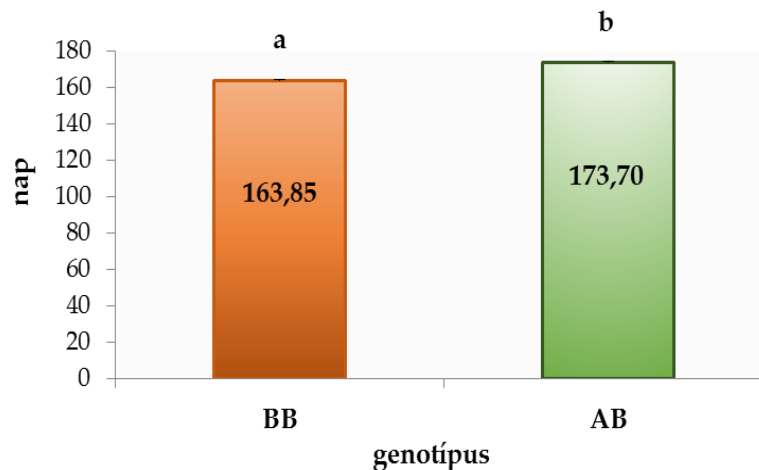
A két fialás között eltelt idő lényegesen rövidebb a *PRLR* gén AB vagy AA alléljait hordozó sertések esetében, mint a BB allélúaknál (-46,98 nap, $P < 0,001$; -48,12 nap, $P < 0,001$). A holtan született malacok átlaga a BB kocák fialásaiban több, legjobban az AB egyedek szerepeltek (7. ábra). Malacnevelő képességben a duroc és a pietrain BB genotípusú kocák emelkedtek ki, magyar nagyfehér fajtában az AB kocák.

3.1.2. A magyar nagyfehér hússertés fajtára vonatkozó vizsgálatok eredményei

Ebben a részfejezetben csak a szignifikáns különbséget mutató gén-tulajdonság kapcsolat bemutatására szorítkozom.

A properdin gén (*BF*) gén polimorfizmusai és a két fialás közötti napok számának kapcsolata

A magyar nagyfehér hússertés állományban a properdin gén (*BF*) két allélját azonosítottam, A és B allélt. A magyar nagyfehér kocák esetében az A allél gyakorisága 14%, a B allélé 86% volt. A kocákban AB és BB genotípust figyeltünk meg. A magyar nagyfehér hússertés állomány 67%-a volt BB genotípusú és 33%-a volt AB.

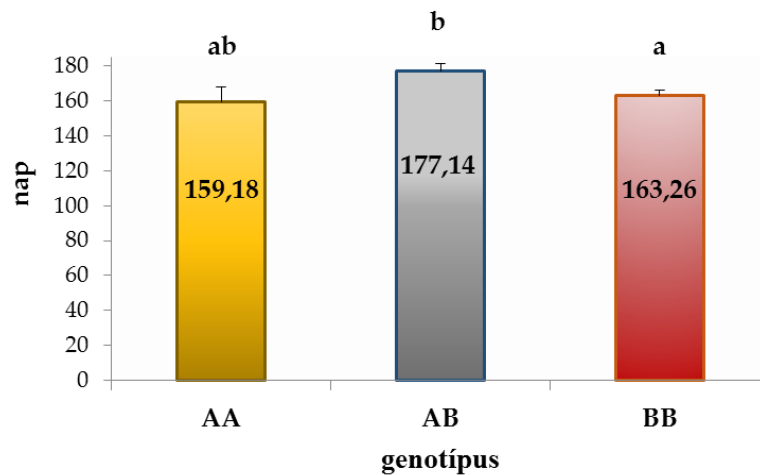


8. ábra: Két fialás közötti napok számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban a *BF* gén esetében

A populációban a BB genotípus esetében szignifikánsan rövidebb volt a két fialás között eltelt időintervallum korrigált átlaga az AB genotípushoz viszonyítva A különbség 9,84 nap (8. ábra). A properdin génnél a többi vizsgált tulajdonság tekintetében nem találtam statisztikailag kimutatható eltérést.

Az epidermális növekedési faktor gén (*EGF*) polimorfizmusai és a két fialás közötti napok számának, a fialások számának, az élve született malacok számának és az összes született malacszám kapcsolata

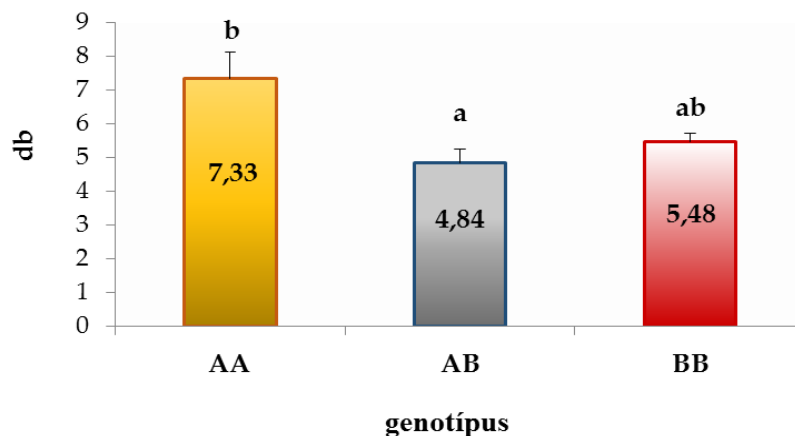
Az *EGF* génnek két allélja (A és B) volt kimutatható. A magyar nagyfehér fajtában az allélgyakoriságot tekintve az A 21%-ban, míg a B 79%-ban volt jelen. A magyar nagyfehér fajtában a homozigóták közül a BB típusúak voltak a legmagasabb arányban (66,5%), az AA típus csupán 6,5%. A heterozigóták 27% arányt képviseltek.



9. ábra: Két fialás közötti napok számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében

A vizsgált állományban az AB genotípusnak volt a leghosszabb a két fialás között eltelt időintervalluma. Szignifikáns különbség mutatkozott az AB és a BB genotípusú állatok között (különbség 13,87 nap), míg az AA genotípus korrigált átlaga (a nagyobb szórás miatt) nem különbözött a másik két genotípusétól (9. ábra).

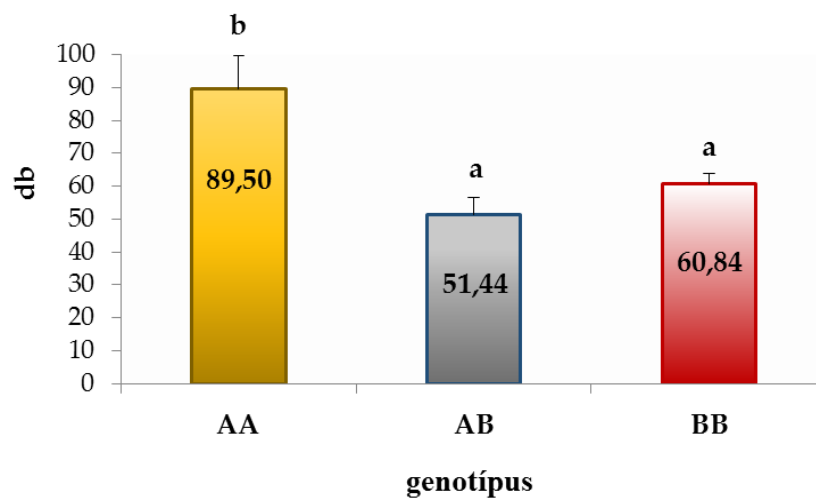
A magyar nagyfehér hússertés kocák közül az AA genotípusnál volt a legnagyobb 7,33 darab a fialások száma, ezt követte a BB (5,48), majd az AB 4,84 darabbal.



10 ábra: Fialások számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében

Szignifikáns különbség mutatkozott az AA és az AB genotípusú állatok között (különbség 2,49 fialás), míg a BB genotípus korrigált átlaga nem különbözött a másik két genotípusétól (10. ábra).

Az élve született malacok száma értékmérő tulajdonságot elemezve azt tapasztaltam, hogy a populációban az AA genotípusú kocák fialták a legtöbb malacot (89,50 darab), ezt követte a BB kocák teljesítménye, (60,84 darab), majd az AB egyedek malacszáma 51,44 darabbal.

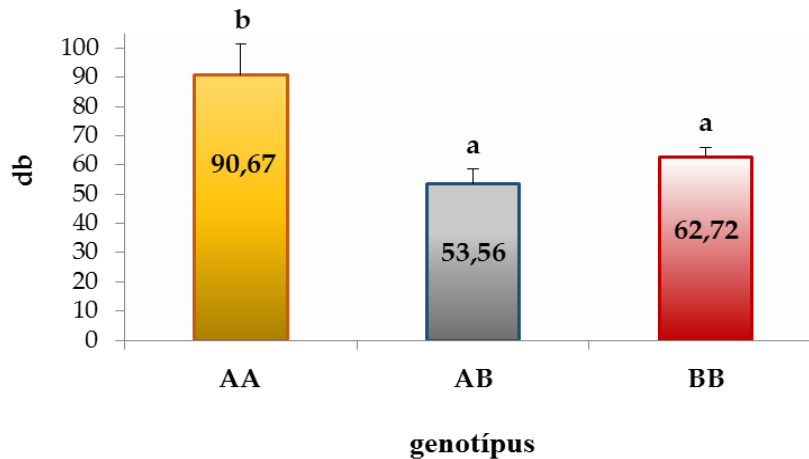


11. ábra: Élve született malacok számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében

Szignifikáns különbség mutatkozott az AA és az AB (különbség 38,06 darab) illetve az AA és a BB genotípusú állatok között (különbség 28,66 nap). Ugyanakkor az AB és a BB genotípusok korrigált átlaga nem különbözött egymástól.

Az élve született malacok számához hasonlóan a populációban az AA genotípusnál volt a legnagyobb 90,67 darab az összes malac száma, ezt követte a BB (62,72), majd az AB genotípus 53,56 darabbal (11. ábra).

A HOROGH et al. (2005) vizsgálatai során arra az eredményre jutottak, hogy az általam tapasztalt AA genotípus helyett a BB genotípusú kocák az első és a későbbi fialások során felülmúlták az AB és az AA genotípusú kocák teljesítményét az élve született malacok (NBA), az összes született malacsám (TNB) és a választott malacok korrigált száma (CNW) tekintetében.



12. ábra: Összes született malacsám alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az EGF gén esetében

Az összes született malacsám értékmérő tulajdonság esetében szignifikáns különbség mutatkozott az AA és az AB genotípusú állatok között (különbség 37,11 malac), illetve az AA és a BB genotípusú állatok között is (különbség 27,95 nap). Az AB és a BB genotípusok korrigált átlaga nem különbözött egymástól szignifikánsan (12. ábra).

3.2. Túlélés analízis eredményei

A tenyészkocák adatait egyazon telepen tartott három különböző fajtáról gyűjtöttem be, így elvégeztem a fajták összehasonlító elemzését is. A vizsgálatban továbbra is a kocák élettartamára, illetve életteljesítményére fektettem a hangsúlyt és arra kerestem a választ, hogy a három fajta között kimutatható-e szignifikáns különbség a kocák termelését illetően.

Első lépésben a három fajtához tartozó leselejtezett kocák különböző termelési paramétereit vizsgáltam meg.

2. táblázat: A három fajta termelési paramétereinek bemutatása és a szignifikáns eltérések jelölése

Vizsgált tényezők	Fajta	magyar nagyfehér húsértés		duroc		pietrain	
		db	átlag±std. hiba *	db	átlag±std. hiba *	db	átlag±std. hiba *
Életkor a tenyésztésbe állításkor (nap)		291	233,4 ± 2,62a	73	214,68 ± 5,15b	83	230,04 ± 4,67a
Életkor a selejtezéskor (nap)		295	1080,4 ± 29,41a	76	832,20 ± 53,02b	91	906,06 ± 51,68b
Termelésben töltött idő (nap)		291	845 ± 29,31a	73	613,99 ± 53,98b	83	650,22 ± 54,32b
Termékenyítések száma (db)		295	5,6 ± 0,20a	76	3,96 ± 0,35b	91	4,67 ± 0,35ab
Fialások száma (db)		254	4,7 ± 0,18a	57	4,19 ± 0,35a	68	4,43 ± 0,35a
Két fialás közötti időintervallum (nap)		254	117,4 ± 3,85a	57	100,23 ± 7,09a	68	102,79 ± 6,45a
Élve született malacok száma (db)		254	52,6 ± 2,04a	57	36,95 ± 3,13b	68	38,33 ± 3,33b
Holtan született malacok száma (db)		203	5,8 ± 0,34a	45	5,71 ± 0,62a	59	7,10 ± 0,84a
Élve született malacok számának átlaga (db)		254	10,9 ± 0,09a	57	8,71 ± 0,21b	68	8,29 ± 0,21b
Holtan született malacok számának átlaga (db)		254	0,9 ± 0,05b	57	0,98 ± 0,11b	68	1,38 ± 0,16a
Felnevelt alom száma (db)		252	4,7 ± 0,17a	54	4,09 ± 0,34a	67	4,34 ± 0,33a
Felnevelt malacok száma (db)		254	48,5 ± 1,87a	57	30,96 ± 2,74b	68	35,75 ± 2,95b
Felnevelt malacok tömege (kg)		252	308 ± 11,80a	54	198,31 ± 17,78b	67	236,57 ± 19,42b
21 napos választott malacszaám átlaga (db)		254	10,3 ± 0,09a	57	7,62 ± 0,28b	68	8,05 ± 0,20b
Felnevelt malacok alom tömegének átlaga (kg)		254	64,8 ± 0,62a	57	44,41 ± 1,88c	68	51,94 ± 1,37b
Fialási százalék (%)		254	75,3 ± 1,36b	57	87,98 ± 1,93a	68	72,62 ± 2,50b
Felnevelési ráta (%)		254	93,0 ± 0,81a	57	81,22 ± 3,20b	68	96,99 ± 2,55a

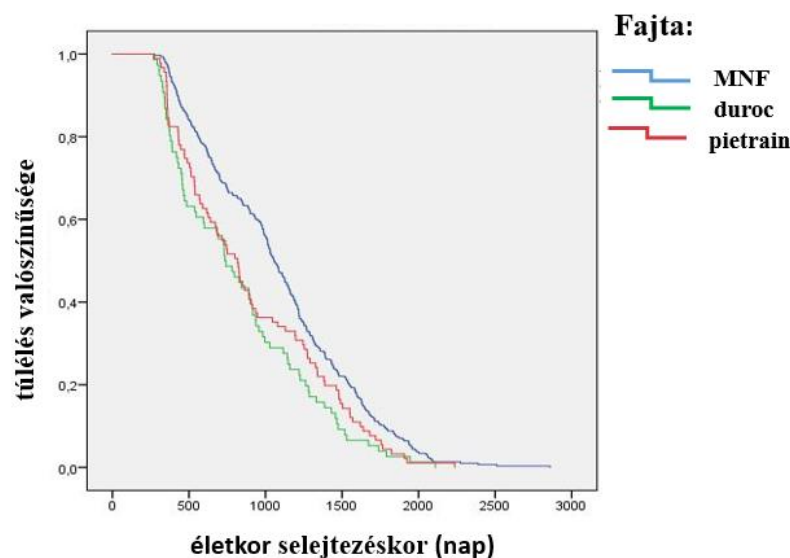
* az eltérő betűk szignifikáns különbséget jelentenek $P \leq 0,05$ szinten a Tukey teszt alapján.

Az egytényezős varianciaanalízist elvégezve a 2. táblázat alapján megállapítható, hogy az eltérő fajták termelési mutatói számos esetben különböztek egymástól. A tenyésztésbe állításkori életkor a duroc kocák esetében volt a legalacsonyabb, míg a másik két fajta átlaga szignifikánsan magasabb volt ettől. Ezzel szemben a selejtezéskor életkor a magyar nagyfehér fajtánál volt a legnagyobb, míg a másik két fajta kocáit ettől jelentősen korábban selejtezték le. A termelésben töltött időt hasonlóan lehet jellemezni, mint a selejtezés életkorát. A termékenyítések száma a magyar nagyfehér húsértés fajtánál volt a legnagyobb, ettől szignifikánsan kisebb csak a duroc fajta teljesítménye volt. A varianciaanalízis Tukey tesztje nem jelzett szignifikáns különbséget a fialások számában, a két fialás közötti napok számában és a holt malacok számában. A három fajta egyformának volt tekinthető a felnevelt almok száma szempontjából is.

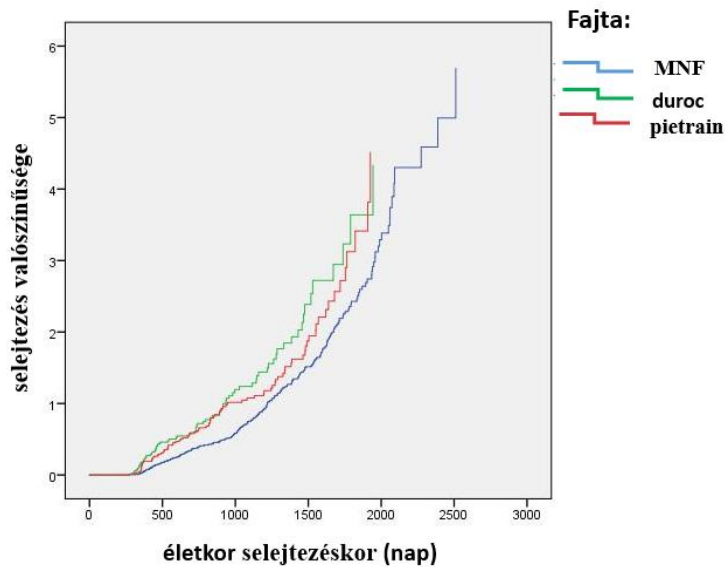
Ugyanakkor a termelés egészét figyelembe véve az élve született malacok száma a magyar nagyfehér nőivarú tenyészállatoknál jelentősen meghaladta a másik két fajtánál megfigyelt értékeket. Hasonló tendencia mutatkozott az élve született malacok átlagos számát, a felnevelt malacszaámot, a felnevelt alomtömeget és a felnevelt malacok

alomtömegét tekintve. Ezzel ellentétes eredményt kaptam a holt malacok átlagának vizsgálatakor, mivel a pietrain kocák holtan született malacainak száma jelentősen meghaladta a másik két fajtához tartozó egyedek átlagát. A felnevelt malacok alomtömegének átlagát vizsgálva a fajták sorrendje a következőképpen alakult: magyar nagyfehér, pietrain és végül a duroc. A fialási %-ot elemezve az eddigiektől eltérő sorrendet találtunk, mivel a duroc után a magyar nagyfehér következett és csak ezt követte a pietrain fajta. Az általunk vizsgált utolsó mutató a felnevelési százalék volt, ahol a magyar nagyfehér nőivarú tenyészállatok adataitól a pietrain kocák magasabb százaléka statisztikailag igazolhatóan nem különbözött, és a duroc fajta mutatója nem érte el a másik két fajta teljesítményét.

Második lépésben az eltérő genotípusú kocák túlélési és kockázati függvényeit szerkesztettem meg (8. és 9. ábra). A túlélési görbék azt prezentálják, hogy adott életkorban mekkora a tenyészállatok termelésben maradási valószínűsége az eltérő fajták esetében. Ezzel szemben a kockázati görbék a selejtezés bekövetkezésének valószínűségét szemléltetik. Az ábrákon bemutattam, hogy a magyar nagyfehér fajtához tartozó egyedek görbéi jól elkülönültek a másik két fajtaétól. Bizonyította, hogy a magyar nagyfehér állatok termelésben töltött ideje hosszabb volt, mint az ugyanolyan körülmények között tartott másik két fajtához tartozó kocáké.



8. ábra: Tenyészkocák túlélési függvényei fajtánként
 Forrás: saját szerkesztés (2016), MNF: magyar nagyfehér hússertés



9. ábra: Tenyészkocák kockázati függvényei fajtánként
 Forrás: saját szerkesztés (2016), MNF: magyar nagyfehér hússertés

A három fajta selejtezésre került egyedeinél az életkor mediánja eltért egymástól. A magyar nagyfehér állatok esetében a selejtezési életkor 1056 ($\pm 33,52$) nap volt, a duroc fajtánál ez az érték jóval kisebb 735 ($\pm 73,56$) nap, a pietrain esetében 818 ($\pm 71,98$) nap, vagyis a magyar nagyfehér hússertés fajta egyedeinek fele legalább 1056 napig élt mielőtt selejtezésre került. A másik két fajta egyedeinek fele már 735 illetve 818 nap előtt kikerült a termelésből. Az előbbiekkal megegyező következtetések vonhatóak le a kockázati függvények görbéi alapján is.

A túlélés elemzés log-rank tesztjének eredménye szignifikáns különbséget jelzett a három fajta között ($\chi^2=16,981$; $P<0,001$), ami azt jelenti, hogy az egyes fajták túlélési hányada jelentősen különbözött egymástól.

A fajták kockázati rátája szignifikáns eltérést mutatott ($P<0,01$) a magyar nagyfehér fajta selejtezési kockázatához képest. A kockázati hányados értéke mindegyik fajtánál 1 feletti értéket eredményezett, amely azt jelentette, hogy a selejtezés bekövetkezésének bármely fajta esetén nagyobb a kockázata, mint a MNF esetében. Megállapítható, hogy a magyar nagyfehér fajtához viszonyítva a duroc fajta selejtezési kockázata 1,6-szer nagyobb ($P<0,001$) mutatkozott, míg a pietrain kocák 1,36-szor nagyobb eséllyel ($P\leq 0,01$) estek ki a tenyésztésből.

A fent megfogalmazott eredményeimmel kapcsolatban hangsúlyoznom kell, hogy ezek az eredmények csak az általam vizsgált telep állományára érvényesek. Ugyanakkor általánosságban megállapítható más tanulmányok eredményeit megerősítve

(DIJKHUIZEN et al., 1989; LUCIA et al., 2000; BALOGH et al., 2006; ENGBLOM et al., 2008), hogy a tenyészállományok esetén az eltérő genetika eredményezheti azt, hogy a termelési kockázat is eltér. Ezért ahhoz, hogy a termelés még hatékonyabb legyen, a fajtának megfelelő körülményeket kell biztosítani a süldők igényeinek kielégítéséhez, a szakszerűbb süldőneveléshez (USUI és KOKETSU, 2015). Ezáltal megelőzhető, hogy korán kiessenek a termelésből az állatok.

4. Új tudományos eredmények

Az értekezésemben a primer és szekunder kutatásaim alapján a következő megállapításokat teszem, melyek a témában végzett vizsgálat szempontjából újak tekinthetők:

1. A polimorfizmus vizsgálat során a vizsgált telepen a magyar nagyfehér húsertés állományban végzett hét gén polimorfizmus vizsgálatakor az eltérő genotípusok esetében bebizonyítottam, hogy a szaporasággal összefüggő tulajdonságokra legnagyobb szignifikáns hatással az epidermális növekedési faktor gén (*EGF*) bírt.

A vizsgált fajtában a két fialás közötti időtartam (IBL), a fialások száma (NL), az élve született malacok száma (NBA) és az összes született malacsám (TNB) tulajdonságokat befolyásolta az *EGF*, míg a két fialás közötti időtartam (IBL) tulajdonságot a propedin gén (*BF*) is.

2. Túlélés elemzési módszerekkel kimutattam, hogy a vizsgált telepen a három különböző fajtához tartozó tenyészkocák selejtezési kockázata eltért. A magyar nagyfehér húsertés fajtához viszonyítva a duroc fajta selejtezési kockázata 1,6-szer ($P < 0,001$), míg a pietrain kocáké 1,36-szor ($P < 0,01$) nagyobb.

5. Az eredmények gyakorlati hasznosíthatósága

1. A leginformatívabb az epidermális növekedési faktor gén (*EGF*), melynek alléljai a vizsgált szaporaságra ható tulajdonságok közül négyben, míg a properdin (*BF*) gén egyben indukált szignifikáns különbséget.

Az adott telepen az *EGF* gén AA genotípusú magyar nagyfehér hússertés kocákra történő szelekció a szaporasági mutatók javulását eredményezheti.

2. A Hód-Mezőgazda Zrt. sertéstelepén tartott magyar nagyfehér hússertés, duroc és pietrain fajta állományban beigazolódott, hogy a magyar nagyfehér hússertés fajtához viszonyítva a duroc fajta koca egyedei 1,6-szer nagyobb eséllyel esnek ki a tenyésztésből, kerülnek selejtezésre adott idő alatt. A pietrain kocák esetében ez az érték 1,36. A számszerű adatok ismeretében a telepen olyan kocaforgó tervezés valósítható meg, amely folyamatos, biztonságos, gazdaságos kocautánpótlást biztosít, és ez hozzájárulhat a sertéstartás eredményességének növeléséhez.

6. Irodalomjegyzék

1. BALOGH P. – ERTSEY I. – KOVÁCS S. (2006): A kocasejtezés kockázatának vizsgálata egy nagyüzemi sertéstartó telepen. *Acta Agraria Kaposváriensis*. 10. 3. 263-268.
2. DIJKHUIZEN A. A. – KRABBENBORG R. M. M. – HUIRNE R. B. M. (1989): Sow replacement: A comparison of farmers' actual decisions and model recommendations. *Livestock Production Science*. 23. 1-2. 207-218.
3. ENGBLOM L. – LUNDEHEIM N. – STRANDBERG E. – SCHNEIDER M. DEL P. – DALIN A. M. – ANDERSSON, K. (2008): Factors affecting length of productive life in Swedish commercial sows. *Journal Animal Science*. 86. 432-441.
4. GAJDÓCSI E. – PATAKI R. – TEMPFLI K. – BALI PAPP Á. (2008): A prolaktin receptor gén hatása a mangalicák alomméretére. *Animal Welfare*. 4. 424.
5. HOROGH G. – Zsolnai A. – KOMLÓSI I. – NYÍRI A. – ANTON I. – FÉSÜS L. (2005): Oestrogen receptor genotypes and litter size in Hungarian Large White pigs. *Journal Animal Breeding Genetics* 122. 56-61.
6. JIANG Z. H. – GIBSON J. P. (1998): Rapid communication: a PCR-RFLP marker at the porcine complement factor B gene locus shows between-population frequency variation. *Journal Animal Science*. 76. 1716–1717.
7. LENTH R. (2016). Least-squares means: the r package lsmeans. *Journal of Statistical Software*, 69. 1. 1 - 33.
8. LINVILLE R. C. – POMP D. – JOHNSON R. K. – ROTSCCHILD M. F. (2001): Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine. *Animal Science*. 79. 60–67.
9. LUCIA T. – DIAL G. D. – MARSH W. E. (2000): Lifetime reproductive performance in female pigs having distinct reasons for removal. *Livestock Production Science*. 63. 3. 213-222.
10. MENDEZ E. A. – MESSER L. A. – LARSEN N. J. – ROBIC A. – ROTSCCHILD M. F. (1999): Rapid Communication: Epidermal Growth Factor Maps to Pigs Chromosome 8. *Animal Science*. 77. 494-495.

11. NEUENSCHWANDER S. – RETTENBERGER G. – MEIJERINK H. – JORGH. – STRANZINGER G. (1996): Partial characterization of porcine obesity gene (OBS) and its localization to chromosome 18 by somatic cell hybrids. *Animal Genetics*. 27. 275–278.
12. LUCIA T. H. – ROTHSHILD M. F. – SOUTHWOOD O. I. – MCLAREN D. G. – DE VRIES A. – VAN DER STEEN H. – ECKARD, G. R. – TUGGLE C. K. – HELM J. – VASKE D. A. – MILEHAM A. J. - PLASTOW G. S. (1997): Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. *Journal of Animal Science*. 75. 3138–3142.
13. SZABÓ F. (2004): Általános állattenyésztés. Budapest, Mezőgazda Kiadó, 2004. 396.
14. USUI S. – KOKETSU Y. (2015): Lifetime reproductive performance and survival of English Berkshire female pigs raised in commercial herds in subtropical Japan. *Tropical Animal Health Production*. 47. 479–482.
15. ZHANG Y. H. – MEI S. Q. – PENG X. W. – ZUO B. – LEI M. G. – XIONG Y. Z. – LI, F. E. (2009): Molecular cloning and polymorphism of the porcine *H2AFZ* gene. *An International Journal of Animal Bioscience China*. 779-782.
16. ZSOLNAI A. – ORBÁN L. (1999): Accelerated separation of random complex DNA patterns in gels: comparing the performance of discontinuous and continuous buffers. *Electrophoresis*. 20. 1462-1468

7. Publikációk az értekezés témakörében



DEBRECENI EGYETEM
EGYETEMI ÉS NEMZETI KÖNYVTÁR



Nyilvántartási szám: DEENK/292/2016.PL
Tárgy: PhD Publikációs Lista

Jelölt: Baginé Hunyadi Ágnes
Neptun kód: HQ0EVL
Doktori Iskola: Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
MTMT azonosító: 10055715

A PhD értekezés alapjául szolgáló közlemények

Magyar nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

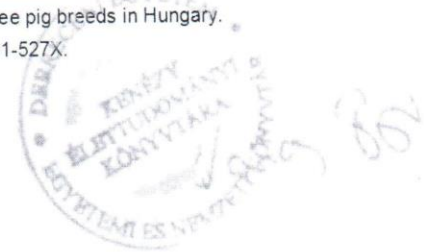
1. **Baginé Hunyadi, Á.**, Kusza, S., Balogh, P.: Magyar nagyfehér, duroc és pietrain kocák túlélés elemzése.
Agrártud. közl. 69, 31-36, 2016. ISSN: 1587-1282.
2. **Baginé Hunyadi, Á.**, Balogh, P., Kusza, S.: Szaporaságra ható gének (LEP, PRLP, ESR BF, EGF, FSH-[Béta], H2A.Z) polimorfizmus vizsgálatának rövid áttekintése sertésben.
Agrártud. közl. 65, 5-10, 2015. ISSN: 1587-1282.

Idegen nyelvű tudományos közlemények hazai folyóiratban (2)

3. **Baginé Hunyadi, Á.**, Kusza, S., Balogh, P.: Examination of the interval between litters (IBL) of different genotype HLW sows using survival analysis.
Agrártud. közl. 70, 13-17, 2016. ISSN: 1587-1282.
4. Soltész, A., **Baginé Hunyadi, Á.**, Kusza, S., Balogh, P.: Survival analysis of sow longevity and lifetime reproductive performance: Review.
Agrártud. közl. 70, 75-80, 2016. ISSN: 1587-1282.

Idegen nyelvű tudományos közlemények külföldi folyóiratban (1)

5. **Baginé Hunyadi, Á.**, Balogh, P., Nagy, K., Kusza, S.: Association and polymorphism study of seven candidate genes with reproductive traits in three pig breeds in Hungary.
Acta Biochim. Pol. 63 (2), 359-364, 2016. ISSN: 0001-527X.
DOI: http://dx.doi.org/10.18388/abp.2015_1188
IF: 1.187 (2015)



Cím: 4032 Debrecen, Egyetem tér 1. □ Postacím: 4010 Debrecen, Pf. 39. □ Tel.: (52) 410-443
E-mail: publikaciok@lib.unideb.hu □ Honlap: www.lib.unideb.hu



Idegen nyelvű absztrakt kiadványok (2)

6. **Baginé Hunyadi, Á.**, Kusza, S., Balogh, P.: Study of lifetime performance in three pig breeds on a Hungarian commercial farm.
In: Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Wageningen Academic Publishers, Wageningen, 686, 2016 ISBN: 9789086868308
7. **Baginé Hunyadi, Á.**, Balogh, P., Nagy, K., Kusza, S.: Three candidate gene association study for eleven economically important traits in Hungarian pig breeds.
In: 1st International and 9th National Biotechnology Congress of Islamic Republic of Iran, Sahid Beheshti University, Tehran, 1, 2016.

További közlemények

Magyar nyelvű könyvrészletek (3)

8. **Baginé Hunyadi, Á.**: Eltérő életkorban vágott brojlerek mell-és combhúsának érzékszervi vizsgálata.
In: "A magyar élelmiszergazdaság jövője a KAP reform tükrében" [elektronikus dokumentum] : XXXIII. Óvári Tudományos Nap, 2010. október 7.. Szerk.: Varga László, Nyugat-Magyarországi Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar, Mosonmagyaróvár, 1-6, 2010. ISBN: 9789639883550
9. **Baginé Hunyadi, Á.**, Jankóné Forgács, J.: A kendermagos magyar tyúk tojóival előállított genotípusok vágási teljesítménye és húsmínőségi vizsgálata.
In: XXXII. Óvári Tudományos Napok : Élelmiszergazdaságunk kérdőjelei napjainkban : Mosonmagyaróvár, Magyarország, 2008.10.09 : [elektronikus dokumentum], [Nyugat-magyarországi Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar], Mosonmagyaróvár, 1-6, 2008. ISBN: 97896398883055
10. Mihók, S., Komlósi, I., Bleyer, F., Hegyi, A., **Baginé Hunyadi, Á.**, Mezőszentgyörgyi, D.: Néhány brojlercsirke genotípus növekedési erélyének, vágási kihozatalának értékelése, és vágott testének érzékszervi bírálata.
In: XXXII. Óvári Tudományos Napok : Élelmiszergazdaságunk kérdőjelei napjainkban : Mosonmagyaróvár, Magyarország, 2008.10.09 : [elektronikus dokumentum], [Nyugat-magyarországi Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar], Mosonmagyaróvár, 7-14, 2008. ISBN: 9789639883055



Magyar nyelvű közlemények hazai folyóiratban (5)

11. Benk, Á., Vidács, L., **Baginé Hunyadi, Á.**, Mucsi, I.: A magyar nemesített kendermagos tyúk értékmérő tulajdonságainak elemzése.
Agrártud. közl. 37, 17-23, 2009. ISSN: 1587-1282.
12. **Baginé Hunyadi, Á.**: Alternatív tartásra alkalmas baromfi genotípusok zsírsav és ásványianyag összetétele.
Anim. welf. etol. tartástechnol. 5 (4), 300-312, 2009. ISSN: 1786-8440.
13. **Baginé Hunyadi, Á.**, Jankóné Forgács, J.: Zárt és kifutós tartású kettőshasznosítású tyúkfajták összehasonlítása vágási teljesítményük és húsmínőségi tulajdonságaik alapján.
Anim. welf. etol. tartástechnol. 5 (3), 181-209, 2009. ISSN: 1786-8440.
14. **Baginé Hunyadi, Á.**, Jankóné Forgács, J.: Ökológiai állattartásra alkalmas pecsenyecsirkek értékes húsrészeinek színvizsgálata.
Állatteny. takarm. 58 (6), 565-583, 2009. ISSN: 0230-1814.
15. **Baginé Hunyadi, Á.**, Jankóné Forgács, J.: Néhány szabadtartásra alkalmas tyúk genotípus főbb vágási tulajdonságának értékelése.
A hús. 3-4, 97-102, 2008. ISSN: 1215-0665.

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora: 1,187

A közlő folyóiratok összesített impakt faktora (az értekezés alapjául szolgáló közleményekre):
1,187

A DEENK a Jelölt által az iDEa Tudóstérbe feltöltött adatok bibliográfiai és tudományometriai ellenőrzését a tudományos adatbázisok és a Journal Citation Reports Impact Factor lista alapján elvégezte.

Debrecen, 2016.11.02.

