

DEBRECENI EGYETEM
ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA

Doktori Iskola vezető:

Dr. Komlósi István
egyetemi tanár, az MTA doktora

Témavezetők:

Dr. Kusza Szilvia
tudományos főmunkatárs

Dr. Balogh Péter
egyetemi docens

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

Készítette:

Baginé Hunyadi Ágnes
doktorjelölt

Debrecen

2016

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

Értekezés a doktori (PhD) fokozat megszerzése érdekében
az Állattenyésztési tudományok tudományágban

Írta: Baginé Hunyadi Ágnes okleveles agrármérnök

Készült a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok doktori iskolája
(Genomika programja) keretében

Témavezetők:
Dr. Kusza Szilvia
tudományos főmunkatárs

Dr. Balogh Péter
egyetemi docens

A doktori szigorlati bizottság:

	név	fokozat
elnök:	Dr. Jávor András	CSc
tagok:	Dr. Cseh Sándor	DSc
	Novotniné Dr. Dankó Gabriella	PhD

A doktori szigorlat időpontja: 2016. november 3.

Az értekezés bírálói:

név	fokozat	aláírás
.....
.....

A bírálóbizottság:

név	fokozat	aláírás
elnök:
tagok:

titkár:

Az értekezés védésének időpontja: 20... ..

Tartalomjegyzék

1. Bevezetés	6
2. Témafelvetés	9
3. Irodalmi áttekintés	12
3.1. A hústermelés, ezen belül a sertéshústermelés világgazdasági jelentősége.....	12
3.2. A hústermelés, ezen belül a sertéshústermelés magyarországi jelentősége	13
3.3. Fajtaátalakítás.....	16
3.4. Szelekció a sertéstenyésztésben	16
3.5. A sertés teljes genomvizsgálata a reprodukciós tulajdonságok tekintetében.....	18
3.6. Vizsgált sertésfajták	20
3.6.1. Magyar nagyfehér húsertés	21
3.6.2. Pietrain.....	22
3.6.3. Duroc	23
3.7. A sertésfaj szaporodásbiológiai jellemzői.....	23
3.8. Szaporaságra ható legtöbbet vizsgált gének.....	26
3.8.1. Properdin gén (<i>BF</i>)	26
3.8.2. Epidermális növekedési faktor gén (<i>EGF</i>).....	27
3.8.3. Ösztrogén receptor gén (<i>ESR</i>)	29
3.8.4. Follikulus-stimuláló hormon béta alegység gén (<i>FSHβ</i>).....	33
3.8.5. H2A hiszton család Z tagjának (H2A. Z) génje (<i>H2AFZ</i>)	34
3.8.6. Leptin gén (<i>LEP</i>)	35
3.8.7. Prolaktin receptor gén (<i>PRLR</i>)	39
3.8.8. Egyéb gének	44
RFamid-típusú peptidek génje (<i>RFRP</i>)	44
<i>SOD1</i> gén.....	44
<i>IGFBP1</i> , <i>IGFBP2</i> , <i>IGFBP3</i> , <i>IGFBP5</i> , <i>CPTIA</i> , <i>COX2</i> , <i>SLC22A5</i> gének	45
3.9. A túlélés elemzés módszereinek alkalmazása a sertéstenyésztésben.....	46
3.9.1. Kaplan-Meier görbék	49
3.9.2. Cox-regresszió.....	50
4. Saját vizsgálatok	53
4.1. Anyag és módszer	53
4.1.1. Genetikai vizsgálatok	53
Mintavétel.....	53

Genomiális DNS izolálás.....	53
A PCR-RFLP és az AS-PCR a szaporasággal összefüggő gének vizsgálatában	54
Nukleinsavak elválasztása elektroforézissel.....	55
A szaporasággal összefüggő gének vizsgálatának statisztikai elemzése.....	56
4.1.2. A kocák túlélés elemzése	56
5. Eredmények.....	58
5.1. A vizsgált gének elemzésének eredményei.....	58
5.1.1. Magyar nagyfehés húsertés, duroc és pietrain fajtájú kocákra vonatkozó eredmények	58
5.1.1.1. A properdin gén (<i>BF</i>) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata	58
5.1.1.2. Az epidermális növekedési faktor gén (<i>EGF</i>) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata.....	61
5.1.1.3. Az ösztrogén receptor gén (<i>ESR</i>) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata	65
5.1.1.4. A follikulus-stimuláló hormon béta alegység gén (<i>FSHβ</i>) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata	68
5.1.5. A H2A hiszton család Z tagjának (<i>H2A.Z</i>) génje (<i>H2AFZ</i>) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata.....	71
5.1.1.7. A prolaktin receptor gén (<i>PRLR</i>) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata	75
5.1.2. A magyar nagyfehér húsertés fajtára vonatkozó vizsgálatok eredményei. 78	
5.1.2.1 A properdin gén (<i>BF</i>) gén polimorfizmusai és a két fialás közötti napok számának kapcsolata.....	78
5.1.2.2. Az epidermális növekedési faktor gén (<i>EGF</i>) polimorfizmusai és a két fialás közötti napok számának, a fialások számának, az élve született malacok számának és az összes született malacsám kapcsolata	79
5.2. Túlélés analízis eredményei	82
6. Következtetések és javaslatok.....	87
7. Új tudományos eredmények	91
8. Az eredmények gyakorlati hasznosíthatósága	92
9. Összefoglalás.....	93
10. Summary.....	96

11. Irodalomjegyzék	99
12. Publikációk az értekezés témakörében	114
13. Nyilatkozatok	117
14. Mellékletek	118
Rövidítések jegyzéke.....	118
Ábrák jegyzéke.....	120
Táblázatok jegyzéke	122
Mellékletek jegyzéke.....	123
Köszönetnyilvánítás	145

1. Bevezetés

Az állattenyésztés, mint termelő tevékenység az ember legősibb foglalatosságai közé tartozik. Gyökerei az időszámítás előtti korokig nyúlnak vissza, amikor a füves pusztákon, hegyvidékeken a termelés egyetlen ágát jelentette. Az emberiség fejlődését, étkezési szokásainak átalakulását, a földrajzi, éghajlati változásokat követve alakult az évezredek során. A tenyésztés technikai és gazdasági formái a Föld különböző pontjain másként alakultak ki és így jelentősen eltérnek egymástól. A formálódás folyamatos napjainkban is, a fejlődés bizonyos szakaszai ma még fellelhetőek a nomád népek évezredes tenyésztési, tartási szokásaiban.

Az állattenyésztés 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.

A termelés fokozását célzó beavatkozások rövid múltra tekintenek vissza. Európában a kapitalizmus rendszere az állattenyésztést árugazdálkodásra készítette, ami technikai fellendülést eredményezett. A szaporodó városi lakosságot élelmiszerrel, az ipart nyersanyaggal kellett ellátni, ami a termelőket az addigiaknál sokkal jobban ösztönözte új takarmányozási, tartási, tenyésztési módszerek bevezetésére. A fejlődést elősegítette a növénytermesztés, illetve a takarmánynövények termesztésének fellendülése, valamint az egyre szervezettebb tenyésztőmunka. A századfordulón páratlan előrehaladás volt tapasztalható az állattenyésztésben. 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 génmanipuláció, géntérképezés gyakorlati alkalmazhatóságának megteremtését (SZABÓ, 2004). Napjainkban az állati eredetű élelmiszer-termelés és élelmiszer biztonság globális kérdései fokozódó nemzetközi integrációt eredményeznek az állattenyésztés gyakorlati és kutatási területén.

Az állatfajok egymást követő domesztikációja folyamatosan változtatja a háziállatok állomány szerkezetét. Egyes fajok az ember környezetéhez tartoztak (pl. kutya), míg másoknak gazdasági hasznuk volt, élelmet, ruházatot és igavonó erőt jelentettek. Az állatok szervezete alkalmazkodott a változatos földrajzi környezethez, a legelterjedtebb háziállatok - a ló, a szarvasmarha, a juh és a sertés - ma a világ minden részén megtalálhatóak.

A domesztikáció napjainkban is folyik, újabb fajok válnak háziállatokká, például szarvasfajok, antilopfajok, angolna, békák, díszmadarak (HORVAINÉ SZABÓ, 2004; ZÖLDÁG, 2012).

A ma élő házisertés (*Sus scrofa domestica*) két vadsertés törzsre vezethető vissza, az európai vadsertésre (*Sus scrofa ferus*) és a dél-ázsiai öves sertésre (*Sus vittatus*) (SCHANDL, 1956; KOVÁCS, 2000a). Az ember ezeknek valamely helyi változatát domesztikálta a környezetében, kilencezer évvel ezelőttiek a legkorábbi ezt igazoló leletek. A sertés jelentős háziállat volt Kínában már i.e. 3000 évvel. Az ókori görögök és rómaiak mezőgazdaságában is nagy fontossággal bírt ez az állatfaj. A középkorban a juh mellett a sertés meghatározó szerepet játszott. Tartása külterjes volt, legfontosabb szelekciós tulajdonságának az élelemkereső képességet tartották. A takarmányozási és tenyésztési módszerek 1700-as években kezdődött élénk ütemű fejlődése felgyorsította a sertésállomány növekedését és új fajták létrehozását (SZABÓ, 2004; ENYEDI, 1964). Napjainkban Európában, az Egyesült Államokban és Ázsia számos országában az állattenyésztés meghatározó ágazata a sertésenyésztés. A világ országai közül a forró éghajlatú területeken fekvő országokban, valamint az iszlám és a zsidó vallású területeken nem tartanak sertést.

A Kárpát-medencébe történt telepedésünk óta írásos emlékeink vannak a sertéstartással kapcsolatban. Az ősi magyar sertésfajta, az azóta kihalt szabolcsi sertés Ázsiából vagy Kelet-Európából került hazánkba (KOVÁCS, 2000a; BODÓ és TAKÁCS, 1996). A királyság első századaiban számottevő volt a sertésállomány az országban, a bükk- és tölgyerdők makkoltatást tettek lehetővé. A táplálkozásban nőtt a disznóhús és a szalonna szerepe. Bár az 1700-as években még a szarvasmarha, a juh és a baromfifajok adták az asztalra kerülő húsok többségét, Bethlen Gábor már 1623-ban így rendelkezett a sertésenyésztésről: „*Moldovából az Neszter és Prut mellől, Havasalföldéből az Duna mellől igen jóféle öreg szőke disznókat vétessen 200-at, tenyésztetni valókat tavaszszal, jó kanokat is vagy 10-et, igen öregeket és arra viseltessen emberivel gondot, tartson oly majort nekik, ki tudjon vélek bánni. Malaczokat ne hánják el, tartassák és szaporítsák őket, hogy szaporodjék egy néhány ezer disznók el, kiket ősszel a hol mak leszen, oda hajtasson, akárki erdeire, havasára Fogarasföldén és az szászságon. Az fundus regiuson télre makkot, gyümölcsöt sokat gyűtessen nekik és úgy tartassa. Ha pedig mak mikor sohon nem lenne, tehát olyankor tatárkával, zabbal is kételen kiteleltetni.*” (NET1).

A makkoltatás és a folyók mocsaras ártere biztosította az akkori igénytelen fajták alapvető takarmányozását. A felvilágosult uradalmakban már felhasználták a tejfeldolgozás melléktermékét (savó), a malmok és a sörgyártás hulladékait. A tölgyes erdők területeinek csökkenése, a mocsarak lecsapolása nem csökkentette a sertésállományt, mert a gabonanövények termesztésének felfutása biztosította a takarmányigényt.

A XVIII. század második felében terjedt el hazánkban a mangalica sertés, mely kiszorította az ősi bakonyi és szalontai sertésfajtákat. A múlt század elején a takarmányozásban fontos szerepet játszott a hulladékok feletetése és a legeltetés. A zsír- és szalonna termelése kielégítette a korabeli étkezési szokások elvárásait, a nehéz fizikai munka energiaigényét. A technikai fejlődéssel párhuzamosan azonban csökkent az emberek napi energiaszükséglete. Emellett a népesség növekedése, a jövedelmek emelkedése maga után vonta a hús iránti igény növekedését (ÉBER, 1961).

Az 1960-as évektől elkezdődött Magyarországon a sertésenyésztés gyorsuló ütemű fejlesztése. Olyan fajták behozatalára, tenyésztésére került sor, melyek hústermelő képességben, szaporaságban a mangalicát felülmúlták. Sertésenyésztő kombinátok, nagyüzemi telepek jöttek létre. A nagyüzemi sertéstartás mellett a rendszerváltásig jól működött a háztáji termelés, valamint az integrált bérhízó tartás (HORN, 1976).

Ma döntően nagyüzemi, iparszerű sertéstartással találkozunk. Intenzív fajták és hibridek tenyésztése, hízlalása folyik. A sertésenyésztés legfőbb célja a hústermelés, aminek a hatékonyságát jelentősen meghatározó értékmérő tulajdonságcsoportok jutottak kiemelt szerephez: a szaporasággal összefüggő, a hízekonysággal összefüggő, a vágóértékkel összefüggő és az általánosan ható értékmérő tulajdonságai. A tenyésztés és a szelekció során a termelés gazdaságosságát befolyásoló tulajdonság vagy tulajdonságcsoport javítását célozzák meg.

2. Témafelvetés

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. Mennyiségi és minőségi termékek előállításával, a gazdaságos termelés megvalósításával lehetséges a vevői igények kielégítése. 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 lókuszokat a markerek alapján azonosítja. A marker alapú szelekció alkalmazása azon tulajdonságok esetében jár legnagyobb előnnyel, melyeknél a hagyományos szelekció kevésbé hatékony, például ha a tulajdonság az állat vágása után, vagy csak az egyik ivarban mérhető.

Disszertációm témája a Hód-Mezőgazda Zrt. sertéstelepén tartott magyar nagyfehér hússertés, duroc és pietrain fajta 11, szaporasággal összefüggő tulajdonságának vizsgálata hét, korábban már azonosított gén (*BF*, *EGF*, *ESR*, *FSH β* , *H2AFZ*, *LEP*, *PRLR*) alléljainak meghatározásával. A célom az volt, hogy az adott telepen megállapítsam azokat a genotípusokat fajtánként, melyek a legjobb szaporasági mutatókkal rendelkeznek.

A gazdaságos termeléssel összefüggésben a fajták közötti túlélés elemzést is elvégeztem, melyek a selejtezés kockázatát, a termelésben töltött időt mutatják meg az adott gazdaságban tartott mindhárom fajta viszonylatában. A túlélés analízis a valószínűség számítás és a statisztika egy részterülete, mely többek között biológiai organizmusok élettartamával foglalkozik. A túlélési idők vizsgálatára alkalmas modul, mely használatos az orvostudományban, biológiában és minden olyan esetben, amikor részleges információkkal (ún. "censored observations") kell dolgozni elég nagy százalékban. Általános esete, ha a függő változó egy végső esemény bekövetkezte, illetve az addig eltelt idő, de a vizsgálat tartama egy adott, meghatározott időtartam. A magyar nagyfehér hússertés, a duroc és a pietrain kocák várható selejtezési idejének

számítása a beállítandó kocalétszám tervezését segíti elő a folyamatos fialtatás érdeklében.

Célkitűzés

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 malacsámot 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)

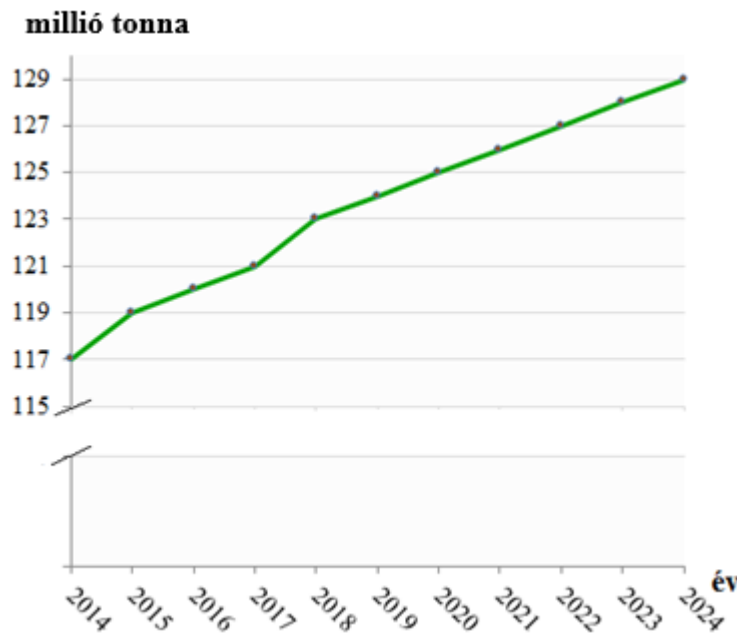
2. A jövedelmezőség javításának érdekében, a gazdaságos termeléssel összefüggésben célt volt a fajták közötti túlélés elemzést is elvégezni. A feladat az volt, hogy megállapítsam az adott gazdaságban a magyar nagyfehér hússertés, a duroc és a pietrain fajtához tartozó tenyészkocák selejtezés kockázatát, a kocák termelésben töltött idejét. A várható életteljesítmény meghatározása lehetővé teszi a telepi optimális kocaforgó tervezését.

3. Irodalmi áttekintés

3.1. A hústermelés, ezen belül a sertéshústermelés világgazdasági jelentősége

A húsféléknek a növekvő világnépeség élelmiszer igényének kielégítésében jelentős szerepe van. A világ jólléti társadalmaiban is egyre több húst fogyasztanak. A fejlett országokban a hús biztosítja az energia bevitel 16%-át, a fehérjefogyasztás 30%-át és a zsírfelvétel 26%-át. A hús fontos forrása a szerves táplálóanyagoknak (Na, K, Fe, Zn) és jelentős szerepe van a szervezet A, B és D vitamin kiszolgáltatásában is (NET2). Az emberiség táplálék ellátásában a sertéshús kiemelt fontosságú. Világszinten a húsfogyasztás mintegy 37 százalékát a sertéshús adja. A sertésállomány létszáma a világon meghaladja az 1 milliárd darabot. Az OECD FAO 2014. évi adatai alapján a világ sertéshústermelése 117 millió tonna, amely megelőzi a marha-, baromfi-, juh- és kecskehús termelést. Jelenleg a világon az előállított sertéshús 76%-át három régió termeli meg: Kína (48%), az Európai Unió 28 tagállama (19%) és az USA (9%) (POPP, 2014).

A 2024-re prognosztizált sertéshústermelés 129 millió tonna világvizonylatban (1. ábra). 2020-ig évi 2 százalékos fogyasztásnövekedés várható, melynek fő helyszíne Ázsia és Dél-Amerika lesz (NET3).

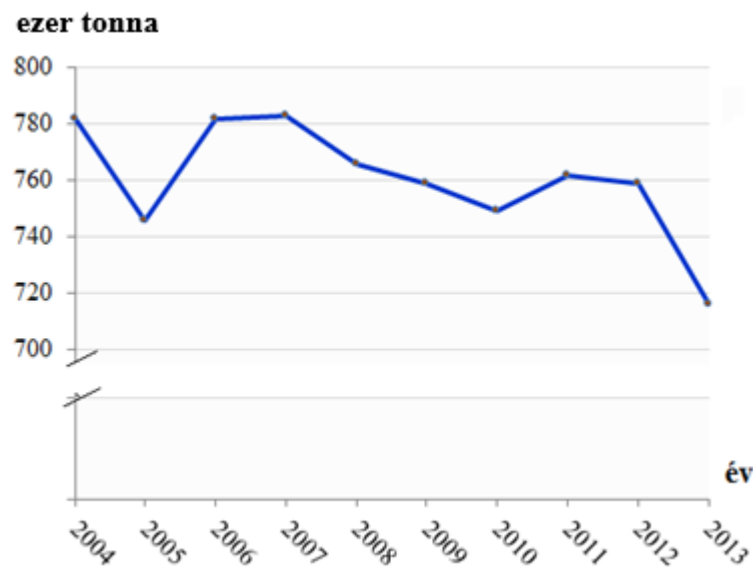


1. ábra: A világ sertéshústermelésének várható alakulása
Forrás: FAO, saját ábra (2015)

A növekedési tendenciák esélyt jelentenek a magyar sertéságazatnak is. A minőség javításával, a gabonára alapozott hizlalással, magas élvezeti értékű, magas szinten feldolgozott, minőségi termékek értékesítésével alapozható meg a termelés növelése.

3.2. A hústermelés, ezen belül a sertéshústermelés magyarországi jelentősége

Az ország sertéshús termelése az elmúlt évtizedben 780 ezer tonnáról 720 ezer tonna alá csökkent (2. ábra).

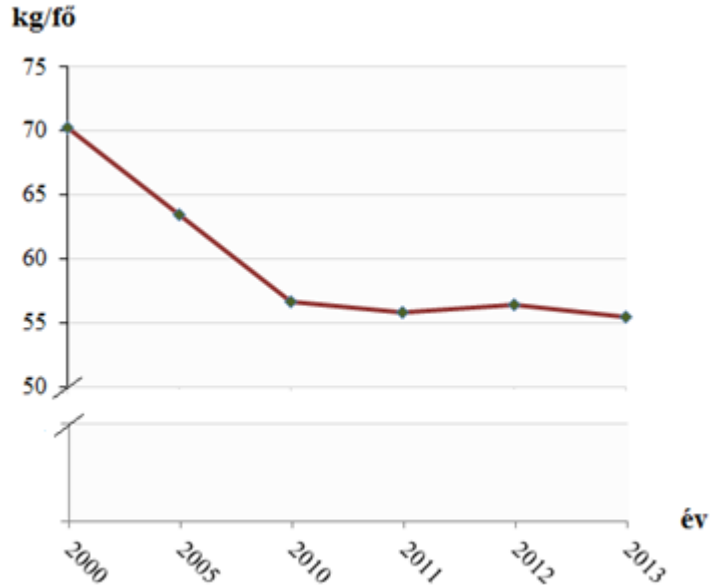


2. ábra: Magyarország sertéshústermelésének alakulása
Forrás: KSH, saját ábra (2015)

Ennek előidézője volt a különböző okok miatti kereslet csökkenés, az állatállomány apadása, a szabályozási rendszerek elégtelenségei.

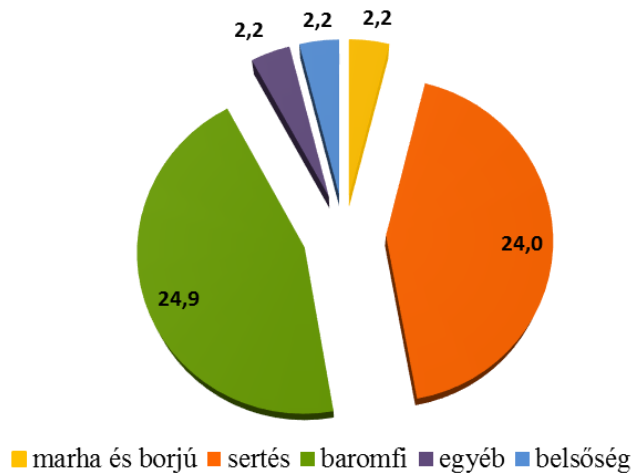
A hazai sertésállomány létszáma a KSH 2015. június 30-i adata szerint 3 millió 124 ezer darab, ami az előző év hasonló időszakához képest 64 ezer db (2%) növekedést mutat. A kocák létszáma 204 ezer db, ami gyengén emelkedő tendenciát jelez. Az állomány 44%-a hízó, a fennmaradó arányt a süldő és a malac létszám teszi ki. A sertésállomány országon belüli megoszlása azt mutatja, hogy az alföldi és az észak-magyarországi megyékben található az állomány több mint 50%-a.

Az egy főre eső húsfogyasztás Magyarországon 2000-től 2013-ig drasztikusan csökkent, 70 kg-ról 55,5 kg-ra esett vissza (3. ábra). Az elmúlt években ez a szám nem emelkedett.



3. ábra: A húsfogyasztás alakulása Magyarországon
Forrás: KSH, saját ábra (2015)

Hazánkban a sertéshústermelés fejlesztésének szükségessége aligha vitatható. A lakosság hagyományosan sertéshúsfogyasztó, az évi egy főre jutó húsfogyasztásból a sertéshús 24 kg-ot tesz ki (4. ábra).



4. ábra: A húsfogyasztás összetétele Magyarországon (kg/fő/év)
Forrás: KSH, saját ábra (2015)

A világon az egy főre eső húsfogyasztás 34,1 kg (OECD, 2015). Megoszlása: 6,5 kg marhahús és borjúhús, 12,6 kg sertéshús, 13,3 kg baromfihús és 1,7 kg juhhús. Legkevesebb sertéshúst fogyasztó országok az elmaradott térségeken kívül Szaúd-

Arabia és Törökország, ahol az iszlám vallás tiltja a sertéshús fogyasztását. A muszlimok hite szerint a testük nem az ő tulajdonuk. Istentől kapták kölcsön erre az életre, ezért vigyázniuk kell rá, és majd úgy visszaadni, ahogyan kapták. Tisztán, egészségesen, mindenféle módosulástól mentesen. Az iszlám szent irata, a Korán így egészségügyi megfontolásból tiltja a disznóhús fogyasztását, mert az állat mindent megeszik, ezért hitük szerint nem tiszta a húsa (MAS, 2011). A zsidó vallású emberek csak kóser (tiszt) ételeket fogyasztanak, konyhájukban elkülönítik a tejes és húsos ételeket. A vallási törvényük szerint a húst vértelenítve, jól kiáztatva fogyaszthatják. Az állatok levágását úgy végzik, hogy az ne szenvedjen, miközben az összes vér távozzon az állat húából. Mózes ötödik könyve szerint tisztátalanok a ló, a szamár, az öszvér, a teve, a nyúl és a sertés. Ez utóbbira a legnagyobb tilalom érvényes, még megérinteni sem szabad, így tehát a zsidó vallásúak is mellőzik a sertéshúst (HERBST-KRAUSZ, 2004).

A legtöbb sertéshúst Kínában (31,8 kg/fő), Vietnámban (29,1 kg/fő), az Egyesült Államokban (21,7 kg/fő) valamint Oroszországban és Ausztráliában (20 kg/fő) fogyasztják.

Az Európai Unió országaiban a húsfogyasztás 64,9 kg/fő évente. A legnagyobb arányban a sertéshús szerepel az étrendben, megközelíti az 50%-ot. A baromfifélék az összes elfogyasztott hús mintegy egyharmadát teszik ki. A marha- és borjúhúsból 10,5 kg fogy évente lakosonként, juhhúsból 1,9 kg.

A minőségi sertéshústermelés növelésére elsősorban a belföldi, várhatóan újra növekvő fogyasztás kielégítése érdekében van szükség, de számottevő szerepet kaphat újból az exportban is, továbbá az idegenforgalom fejlesztése révén keletkező többletigény kielégítésében (KOMLÓSI és VERESS, 2001).

Magyarország földrajzi adottságai alkalmasak a sertéstartásra, annak fejlesztésére. Az abraktakarmányok versenyképesen termelhetőek, így nagy szerepet játszhat az ágazat a gabonaféleségek állati termékekké történő értéknövelő átalakításában. Magyarországon az állattenyésztés környezetet terhelő hatása jelentősen kisebb, mint számos nyugat-európai nagy sertésexportőr országban. A hazai sertésenyésztés távlati fejlődését és fejlesztését kizárólag a hatékonyság és a magas minőségi követelmények teljesítése mellett remélhetjük. Hazánk adottságai 6-7 milliós sertésállomány tartós fenntartását teszik indokolttá és szükségessé (POPP és BALOGH, 2015).

Az állomány növelésének egyik módja a kocák szaporaságának javítása. Ehhez felhasználjuk az állattenyésztési, biotechnológiai, genetikai kutatások eredményeit, az új szelekciós eljárásokat (NAGY és KUSZA, 2015).

3.3. Fajtaátalakítás



5. ábra: Szőke mangalica
Forrás: Net4

A mangalicafajták (szőke mangalica (5. ábra), fecskehasú mangalica, vörös mangalica) tartása hazánkban hosszú ideig a zsír, a szalonna és a hús termelésének kulcsfontosságú szereplője volt. Az 1800-as évek végétől a húsertések 10%-os aránya 40 év alatt duplázódott meg. A fajtaváltás a 20. század első felében is igen lassan haladt. 1933-ban még a sertésállomány 82%-át zsírsertésneként regisztrálták, a húsertések aránya még 1944-ben is csak 24,6% volt (NET5).

A fajtaátalakítás 50 évvel ezelőtt indult gyors fejlődésnek hazánkban. 1972-ben a nagyfehér húsertések ellenőrzött kocáinak száma már meghaladta a 19 ezer darabot, a lapály fajta kocalétszáma pedig az 5 000 darabot. Mindeközben a mangalica kocák száma 44 db-ra esett vissza (HORN, 1976).

A fajtatiszta tenyésztés és a keresztezési programok mellett megkezdődött a hibridek előállítás. Az utóbbi évtizedben azonban a magyar nagyfehér húsertés, a magyar lapály, a duroc, a hampshire és a pietrain fajta mellett újra szerepet kaptak a mangalica fajták. Húsuk nagyobb zsírtartalma finom eloszlással párosul, ezáltal a mangalica húsa kiválóan alkalmas lédús, ízletes pecsenyehúsok, steak jellegű sülték, valamint szalámifélék és érlelt sonka készítésére.

A tökehús előállítására a hizlalásban hazai és külföldi magas húskihozatalú, jó fajlagos takarmányfelhasználású hibridkonstrukciók vesznek részt: HUNGAHIB, ISV PANNONHIBRID, TOPIGS, DALLAND, RATTLEROW-SEGHERS, stb.

Hazánkban jelenleg három márkajelzéssel ellátott sertés hibrid program van: ISV Pannonhibrid, HUNGAHYB HIBRID és Hódhyb program.

3.4. Szelekció a sertés tenyésztésben

A szelekció akkor eredményes, ha a tenyész kiválasztás hatására a populáció genetikai szerkezete a kívánt arányban és mértékben változik meg. A tenyész kiválasztás

klasszikus lehetőségei: az egyedek saját tulajdonságai (fenotípus és individualitás), a származása és az ivadékok minősége alapján.

A saját tulajdonságok alapján történő kiválasztás nem csak a küllem figyelembevételét jelenti, hanem minden mérhető és tapasztalható tulajdonság számbavételét. A származás jelentősége annak megállapításában nyilvánul meg, hogy az ősök a kívánt fajtába tartoztak-e, illetve az értékmérő tulajdonságok az örökletes alapba rögzítettek-e. Ebben az esetben a család és az oldalági rokonok vizsgálatát tehetjük meg. Az ivadékvizsgálat számos állatfaj esetében mutatott igen sikeres eredményeket, pl. a lótenyésztésben, marhatenyésztésben. A módszer használatakor főként az apaállatok teljesítménye mutatkozott meg. Az eljárás során figyelembe kell venni az anyai hatást, a körülmények befolyását és elegendő utódnak kell rendelkezésre állnia (HORN, 1976). Mindezen módszerek használata hozzásegítette az állattenyésztést az előrehaladásához. A módszerek időigényessége és gazdaságossági problémái azonban jelentkeztek, ami a tenyésztőket arra ösztönözte, hogy új szelekciós eljárásokat dolgozzanak ki.

Az ismeretek gyors fejlődése a szelekciós módszerek sokféleségét eredményezte. Jelenleg a szelekciós metódusokat az alábbiak szerint csoportosíthatjuk: az információ eredete alapján; a szelekció célja, iránya alapján, a tulajdonságok közötti korreláció alapján; és a kritériumok száma alapján (HORVAINÉ SZABÓ, 2004).

A molekuláris genetikai kutatások folyamatosan növekvő eredményei új eljárások bevezetését tették lehetővé. Megjelentek a genom alapú szelekciós módszerek, melyekkel rövid időn belül pontos információkat lehet gyűjteni a vizsgált egyed genetikai háttéréről. A termelési tulajdonságok előrejelzésének, becslésének alapjai lehetnek a markerek.

A DNS polimorfizmus három fő csoportja az RFLP (restrikciós fragmenthossz polimorfizmus), a mikroszatellitek és az SNP (egybázisos nukleotid polimorfizmus) (HIDAS, 2008). A DNS markerek kimutatása és az értékmérő tulajdonságokkal történő összekapcsolása jelentősen hozzájárul az állatnemesítés színvonalának fejlesztéséhez, a termelés hatékonyságának növeléséhez (HIDAS, 2008).

Mindezen ismereteket felhasználhatjuk annak érdekében, hogy a magyarországi sertésállomány reprodukciós teljesítményét, szaporasági mutatóit javítsuk. Míg Nyugat-Európa fejlett sertéságazattal rendelkező országaiban egy koca szaporulata évente 27-31 malac, addig Magyarországon 21-24 db (BALOGH és NOVOTNINÉ DANKÓ, 2013). Ennek az értékmérő tulajdonságnak a genetikai alapjait az utóbbi években több ország kutatócsoportja vizsgálta, miután a direkt szelekcióval elérhető genetikai előrehaladás

igen lassú. A szelekció során azt a biológiai folyamatot használták ki, mely során a DNS sérüléseit a repair enzimek nem javítják ki a replikáció előtt, vagy a hiba a replikáció közben történik. Megváltozik a DNS mindkét láncának bázisszekvenciája, mutáció jön létre. Egyetlen bázispár változása a pontmutáció (ÁDÁM et al., 2001).

A jó szaporaságú lapály és nagyfehér fajtákban, alomszámra végzett direkt szelekcióval elérhető évi genetikai előrehaladás a legtöbb vizsgálat szerint gyenge (0,03–0,06 malac/alom). Az ilyen jellegeknél a molekuláris markerszelekció (MAS) növelheti a hatékonyságot (ZÖLDÁG, 2008). A sertés teljes genom térképe elkészült, azonban a gének, markerek, QTL-ek (Quantitative Trait Locus) felderítése folyamatos. Az egyes tulajdonságokat leginkább befolyásoló gének genetikai információinak megismerése jelentős segítséget nyújt a tenyésztők számára (CLOP et al., 2003; MINDENKOVÁ et al., 2010b). Az eddigi kutatási eredmények alapján célirányos szelekcióval a sertés termelési mutatói javíthatóak, egy tulajdonságcsoporthoz is fókuszálhatnak, mint például a szaporasággal összefüggő mutatókra (UIMARI et al., 2011).

3.5. A sertés teljes genomvizsgálata a reprodukciós tulajdonságok tekintetében

Az ezredfordulót követő évek fejlesztései során felfedezték, hogy az SNP-k kimutatása automatizálható, és óriási mennyiségben lehet őket egyszerre meghatározni. Párhuzamosan több cég is olyan rendszereket fejlesztett ki, amelyekben egyetlen chippel akár több 100 ezer SNP is vizsgálható lehet.

Teljes genomvizsgálatot végeztek kocák reprodukciós tulajdonságaira porcine SNP60 BeadChip és Bayes statisztikai módszerek segítségével (ONTERU et al., 2012). Az alábbi tulajdonságokat vizsgálták a kocák első három fialása során: az összes született malacsámot, az élve született malacok számát, a holtan született malacok számát, a mumifikált magzatok számát és a vemhesség idejét. Beszámoltak az egyes fialások minden reprodukciós tulajdonsága kapcsán az információval szolgáló QTL-ekről és a génekben lévő QTL-ekről. Az eredmények bizonyították a QTL-ek reprodukciós tulajdonságokra történő hatását. Számos QTL-t azonosítottak, amelyek új eredmények tekinthetőek a sertés szaporasággal összefüggő tulajdonságaira vonatkozóan. A meghatározott QTL régiókban található összes gén 48%-a vett részt a méhlepény funkcióiban. A genomi régiók fontos génei a foetális fejlődésnek (pl.: *MEF2C*) és a méh funkcióinak (pl.: *PLSCR4*), melyek hatással voltak az első két fialás összes malacsámára és az élve született malacok darabszámára. A QTL-ek foetális fejlődési

(pl.: *HNRNPD*, *AHR*) és placentáris génjei (pl.: *RELL1*, *CD96*) is befolyásolták a holtan született malacok és a mumifikált magzatok számát. A méh és a placenta közötti véráramlással (pl.: *VEGFA*), valamint a hematopoiesissel (pl.: *MAFB*) kapcsolatos QTL régiók a kocák vemhességi idejében eltérést mutattak a vizsgált populációban. A géneken belüli QTL elemzések segítségével néhány biológiai útvonalat azonosítottak, amelyek a sertés reprodukív tulajdonságaival összefüggő kandidáns útvonalak lehetnek. Arra a következtetésre jutottak, hogy további validált tanulmányok szükségesek nagyobb számú populáció bevonásával annak érdekében, hogy felderítésre kerüljön a sertés reprodukív tulajdonságaira vonatkozó komplex genetikai felépítés (ONTERU et al., 2012).

Ibériai és meishan keresztezett sertés F2 nemzedékében végzett genomi vizsgálatok eredményei több kromoszómaszakaszon összefüggést mutattak az alomméretre vonatkozóan. A kandidáns gének meghatározásához a QTL régiók szolgáltak alapul. A kocák vemhessége során petefészek génexpressziós analízist végeztek. Annak érdekében, hogy a termékenységgel kapcsolatos kandidáns gént azonosítsák, az anyai homeosztázist és a véralvadási kaszkád elindítását szabályozó integrált gének vizsgálatát végezték el. Ennek eredményeként 27 eltérően expresszálódó gént lokalizáltak az alomszámmal összefüggő QTL régióban, amelyek feltételezhetően megfelelnek funkcionálisan, pozícionálisan és biológiailag is (FERNANDEZ-RODRIGUEZ et al., 2011).

A kandidáns gén meghatározásának módszerét használták amerikai kutatók (LINVILLE et al., 2001) annak vizsgálatához, hogy a specifikus lókuszek hogyan befolyásolják az ovulációs rátát, a kifejlett malacok, az élve született malacok, a holtan született malacok és a mumifikálódott malacok számát. Két vonalban és random módon kiválasztott kontroll vonalban vizsgálták az ovulációs rátát és az alomméretet. Az IOL vonalat nyolc generáción át szelektálták az ovulációs ráta egy indexére és az embrionális túlélésre, követve nyolc generáció kétlépcsős szelekción az ovulációs rátára és az alomméretre. A C vonal random 16 generáción át szelektált vonal volt. A COL vonal nyolc generációja a C vonalból származott, melyek kétlépcsős kiválasztáson estek át. Az IOL és a C vonal különbözött a tenyészték meghatározás átlagos számaitól 6,1 petesejttel és 4,7 kifejlett malacszámmal, míg a COL és C vonal 2,2 petesejttel és 2,9 kifejlett malacszámmal. A kétlépcsős szelektálású 7. generációs sertés vonalakat genotipizálták retinol kötőfehérje 4 (*RBP4*, n = 190) és az epidermális növekedési faktor gén (*EGF*, n = 189) lókuszekre. A sertések 7. és 8. nemzedékeit már genotipizálták az ösztrogén

receptor gén (*ESR*, $n = 523$), a prolaktin receptor gén (*PRLR*, $n = 524$), a follikulus stimuláló hormon β alegység génje (*FSH β* , $n = 520$), és a prosztaglandin-endoperoxid szintáz 2 gén (*PTGS2*, $n = 523$) lókuszokra. A chi-négyzet elemzés alapján a genotípus gyakoriság és az eloszlás a *PRLR*, az *FSH β* és a *PTGS2* tekintetében eltérő volt a vonalak között ($P < 0,005$). A genotípus gyakoriság különbsége az IOL és a C, valamint a COL és a C vonal között $0,33 \pm 0,25$ és $0,16 \pm 0,26$ a *PRLR* esetében. Az *FSH β* tekintetében $0,35 \pm 0,20$ és $0,15 \pm 0,24$, és a *PTGS2* vizsgálatokor $0,16 \pm 0,16$, és $0,08 \pm 0,18$. Bár a különbségek hasonlóak ezen lókuszok szelekciós eljárásának modelljével, az additív és a domináns hatások meghatározása a génhelyeken nem különbözött a nullától ($P > 0,05$) és néhány közülük ellentmondó változásokat mutatott az allél gyakoriságban. Nem találtak szignifikáns összefüggést a polimorf markerek és fenotípus vizsgálat között. Azt azonban nem zárták ki, hogy ezen kandidáns géneken belüli egyéb genetikai variációk eltérő hatással lehetnek a vizsgált vonásokra.

A magyar mezőgazdaság sertéshús termelésének növelése nemzetgazdasági és vállalkozásgazdasági jelentőséggel bír. A sertések szaporasági mutatóinak javítása a marker asszisztált szelekció segítségével több utódot és magasabb húshozamot eredményezhet. A genetikai polimorfizmusok feltárása lehetőséget ad arra, hogy a tenyészállatok kiválasztása a leghatékonyabban és költségkímélő módon történjen, így az előállított sertéshús mennyisége ne csak regionális és országos szinten, hanem világviszonylatban is növelhető legyen.

3.6. Vizsgált sertésfajták

A magyarországi tenyészállomány döntő részben nagyfehér hússertés, magyar lapály, duroc, hampshire és pietrain fajtából, valamint az ezek keresztezéséből kialakított egyedekből áll (BALOGH és NOVOTNINÉ DANKÓ, 2013). A kutatás során a hódmezővásárhelyi Hód–Mezőgazda Zrt. telepén tenyésztett magyar nagyfehér hússertés, duroc és pietrain fajta kocaállományát vizsgáltam.

3.6.1. Magyar nagyfehér húsertés



6. ábra: Magyar nagyfehér húsertés
Forrás: Net6

Kialakulása az 1920-as és az 1960-as évek közötti időszakra tehető (6. ábra). Más országok ilyen jellegű sertésfajtájához hasonlóan az angol nagyfehér (Large White) fajtától származtatható. Kialakításában az angol középnagy fehér, a német nemes (Edelschwein) és a svéd yorkshire is szerepet kapott (KOVÁCS, 1984). Ezen kívül kisebb számban importáltak Lengyelországból, Szovjetunióból, Jugoszláviából, később Finnországból, Hollandiából és Ausztráliából is fehér húsertéseket nemesítő anyagként. A fajta következetes nemesítése, törzskönyvezése és ivadékteljesítmény-vizsgálata 1960-tól napjainkig töretlen.

A fajta jellemzői

A fajta reprodukciós teljesítményre nagy, hízékonysága és szervezeti szilárdságra jó. Ellenálló, alkalmazkodó képessége kiváló. Vértérszámuk élénk. A keresztezésben anyai partnerként az árutermelő telepek koca alapanyagát biztosítja. Nemesítése során célkitűzés a szaporaság, a növekedési erély és a takarmányértékesítő képesség megőrzése illetve javítása. Emellett óvni kell azonban a szilárd szervezetét, a jó alkalmazkodó képességét. A stressztűrő képességben és a húsminőségben szorul javításra.

A magyar nagyfehér sertésre jellemző a hosszú rámás törzs, a közepes farszélesség, a terjedelmes comb, a feszes hát, a jó lábszerkezet és konstitúció. A comb csánkra lehúzódó. A lapockák közepesen izmoltak. Szőrzete fényes, finom, testhez simuló, sima lefutású, keselyfehér színű. A bőr halványrózsaszínű, pigmentmentes. A körömök viaszszárgák. A fej a törzssel arányos, középhosszú, könnyű, a homlok közepesen széles, enyhén tört profilvonallal. A fülek felfelé előreállók. Általános kívánalom, hogy a kocák 7-7 egészséges csecsbimbóval rendelkezzenek. Szaporasági jellemzőinek mutatója a 10-11 db élve született malacsám, a 9,5 db választott malac 21 napos korban 5,8 kg átlagsúllyal.

Testarányai és növekedési intenzitása szerint a későn érő fejlődési típusba tartozik. A fajta a bacontípust képviseli (HORN, 2000).

3.6.2. Pietrain



7. ábra: Pietrain sertés
Forrás: Net7

A fajtát az 1920-as években fejlesztették ki Belgiumban (7. ábra). Előállításában berkshire, ibériai, nápolyi, kínai, sziámi és a francia bayen fajtákat használtak fel. Egyesek szerint kialakítása csak a berkshire-re vezethető vissza, míg más nézet alapján a fajta létrejötte spontán mutáció eredménye. Önálló fajtaként 1953-ban ismerték el (KOVÁCS, 1984).

A fajta jellemzői

A fajta kiemelkedően jó vágóértékű, úgynevezett szuperizmolt fajta. A hibridprogramban rendszeresen alkalmazzák a nagytömegű hústermelése miatt.

A pietrain szabálytalan tarka színű, szürke, rózsaszín vagy fehér testfelületén fekete, barnásvörös, hamuszürke pigmentált foltokkal. A szőr színe a fehértől a feketéig foltosan változó, ritka, finom, sima lefutású. A fej a törzshöz viszonyítva kicsi és rövid, könnyű, a profilvonal enyhén tört, a homlok széles, a fülek rövidek, általában felállóak, de előrehajlók is lehetnek. A nyak rövid, hengeres, nagyon izmolt. A törzs viszonylag rövid, hengeres. A hát és a far erősen barázdált. A végtagok finomak és rövidek. A fajta csontozata finom, a hátvonal feszes, egyenes. A karaj, a combok és a lapocka izmoltsága különösen feltűnő. A bőr alatti zsírszövet, a szalonnaköpeny nagyon vékony, az izmok jól láthatóak. Közepesen rámás sertés, hosszú törzssel, hengeres mellkassal, felhúzott hassal. A kívánatos csecsszám szabályos eloszlású, 6-6 darab.

A pietrain fajta szaporaságára jellemző a 9 db élve született malac és a 8,5 db 21 napos kori választott malacsám 6,3 kg átlagsúllyal. A nemesítés során a nagyobb növekedési erélyű, kevésbé stresszérzékeny, kiváló vágóértékű típus a kívánalom.

A keresztezésekben a pietrain fajtát apai befejezési partnerként részben fajtatisztán, de legszélesebb körben duroc és hampshire fajtával keresztezve F1 kanokként használják. Tiszta vérben és keresztezései révén közkedvelt apai partnere a nagy fehér húsertés és lapály anyai állományoknak (HORN, 2000). A fajta stresszmentesítése folyamatban van.

3.6.3. Duroc



8. ábra: Duroc sertés
Forrás: Net8

A sertésfajtát Amerikában tenyésztették ki az 1800-as évek közepén (8. ábra). Hivatalos törzskönyvezését 1881-ben kezdték meg. Óriási népszerűsége az USA-ban a XX. század folyamán elsősorban rendkívül nagy növekedési erélyének, erős szervezetének és szilárd csontozatának tulajdonítható. A korszerű sertésenyésztésben betöltött szerepe elsősorban az európai tenyésztők nemesítő munkájának köszönhető. A Magyarországon tenyésztett duroc fajta a nyugat-európai típust testesíti meg. Nagy növekedési erélyű, rámás, jó húsformákkal rendelkező, erős csontozatú, szilárd szervezetű sertésfajta. A kocák tejtermelő- és malacnevelő képessége gyenge. Kiváló stressztűrő képessége miatt azonban húsminősége kiváló (KOVÁCS, 2000b).

A fajta jellemzői

A duroc sertés egyszínű, mahagónivörös (KOVÁCS, 1984). A bőr és a szőrzet vörösen pigmentált. A szőr sima, sűrű, színe a sötét cseresznyepirostól a sárgás világos-vörösre terjed. A duroc fajtára jellemző a robusztus testalkat, az enyhén ívelt hát, a terjedelmes karaj, a széles sonka, amely mélyre húzódik. A lapocka kifejezett, a lábak erőteljesek. A körmök palaszürkék, a tőrókarima a sötétbarnától a szinte kékes színűig terjedő árnyalatú, pigmentált. A fej jellegzetesen kúp alakú, kissé rövid, széles homlokkal, az orrhát enyhén homorú. A fülek rövidek, a harántközépvonaltól megtörtek, és előrebillenők. A fajta szaporasága, malacnevelő képessége alacsony. Csecsszáma 6-6 db oldalanként. A duroc fajtára jellemző szaporasági átlagértékeket a 9,5 élve született malac, a 8,5 darab 21 napos kori választott malacsám és a 6,2 kg választáskori súly mutatja (HORN, 2000).

Általában terminál kanok és árutermelő anyai vonalak előállításába vonják be a fajtát.

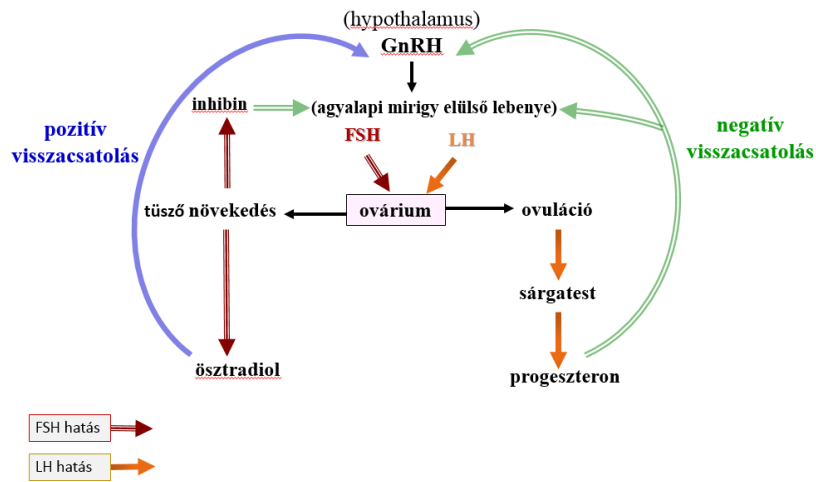
3.7. A sertésfaj szaporodásbiológiai jellemzői

A sertés multipara, nagy reprodukciós potenciállal rendelkező, poliösztroszos faj. A termékenységben viszont szezonális ingadozás tapasztalható. A nyári csökkenése a magasabb hőmérséklettel függ össze (BECZE, 1981). Az ivarérettség 5-8 hónapos

korban következik be, melyet a genetikai tényezőkön kívül számos tartási, takarmányozási körülmény befolyásol (ZÖLDÁG, 2012). A kocák kétfázisú ovarialis ciklusának hossza 21 nap. A ciklus tüszőfázisa (a tüszőérés kezdetétől az ovulációig) 6-7 nap, sárgatestfázisa (az ovulációtól a luteofázisig) 14-16 nap. Az ivarzás átlagosan 2-3 napig tart, az ovuláció az ivarzás kezdete utáni 24-42. órában következik be. A fedeztetés, vagy a mesterséges megtermékenyítés optimális időpontja megállapítható keresőkanok segítségével és a tűrés reflex megfigyelésével is. A kocák vemhessége 114 nap. A megtermékenyülés a petevezetőben történik meg, az embrió 3-4 nap vándorlás után a 12-18. napon implantálódik a méhbe. A született malacsám átlag 8-12, a malacok születéskori súlya 1-1,5 kg (ZOMBORSZKYNÉ KOVÁCS, 2000); NOVOTNINÉ DANKÓ, 2015).

Az ivari folyamatok hormonális szabályozása

Az ivari működés neuro-hormonális szabályozás alatt áll. A külső ingerek és az ivarszervek által termelt hormonok az agykéregbe jutnak, ahol a limbikus rendszer elemzi az információkat. Ez a határkérgi rendszer szoros kapcsolatban áll a hypothalamussal, amelyben a release és az inhibitor hormonok termelődnek. A hormonok a hypophysisen (agyalapi mirigy) keresztül szabályozzák az ivarszervek működését. A nőivarú állatok szaporodásbiológiai folyamatainak hátterében a hypothalamus- hypophysis-gonád tengely áll (9. ábra). Ez a rendszer a tüszőben, a sárgatestben és a méhben termelődő hormonokkal kölcsönhatásban van.



9. ábra: Női nemi hormonok közötti interakciók

Forrás: NOVOTNINÉ DANKÓ, (2015) alapján saját szerkesztés (2016)

A hypothalamusban termelődő gonadotrop releasing hormon (GnRH) indukálja a hypophysis elülső lebenyét, melyben follikulusztimuláló hormon (FSH) és luteinizáló hormon (LH) szabadul fel (NOVOTNINÉ DANKÓ, 2015). A petefészkek hormon kiválasztását az FSH és az LH együttesen szabályozza (POND és MANER, 1984; HORN, 2000). Mindkét hormon peptidhormon, melyekre jellemző, hogy a külső sejtmembránban levő specifikus receptorokhoz kötődnek (BECZE, 1981). Az FSH túlsúly tüszőérést indukál. Segíti a tüsző falának kiépülését, a tüszőérés alatt az oogenezist, az oogoniumok mitotikus osztódását. Az FSH szükséges a tüsző ösztrogén termelésének beindulásához is (prooestrus szakasz), melynek emelkedő szintje az ivarzáskor éri el a maximumát. Az ösztrogén pozitív visszacsatolás útján egyre fokozódó LH kiáramlást vált ki a hypophysisből, az ivarzással (oestrus szakasz) összefüggésben mérhető magas ösztrogénszint pedig egy LH csúcsot eredményez. A növekvő tüszők felületén csökken az FSH receptió, ezzel egyidőben nő a luteinizáló hormon receptorok száma. A luteinizáló hormon hatására fokozódik a theca és a granulosa-sejtekben a különböző lítikus enzimek aktivitása, a tüszőtok és a granulosa-sejtek rétege fellazul. A tüsző sejtjeiben prosztaglandinok is képződnek. Az LH szint hirtelen emelkedését követően 24-36 óra után következik be az ovuláció. Az ovulált tüsző helyén, a petefészkek felületén sárgatest alakul ki, granulosa-sejtjein kiépülnek az LH receptorok, és a luteinizáló hormon hatására progeszteront termelnek (metoestrus szakasz). Maximumát a ciklus 12-14 napján a sárgatest fázisban éri el és a sárgatest virágzása (dioestrus szakasz) alatt mérhető magas szintje negatív feedback

mechanizmusán keresztül hatással van a hypothalamusra és a hypophysisre. Ezáltal gátolja a tüszőérés folyamatot (antifolliculáris, antiovulációs hatás), csökkenti az LH és a GnRH termelést. Az ovulációt követő 14. nap körül - ha nem történik termékenyülés, vagy a zigóta nem érkezik le a méhbe - a sárgatest elhal (luteolízis). Ezt a prosztaglandin $F_{2\alpha}$ ($PGF_{2\alpha}$) okozza, mely a méh nyálkahártyáján a ciklus 15-17. napján termelődik. A helyi vérkeringésen keresztül eljut a petefészekbe és megindítja a luteolysist, a sárgatest szerkezeti és funkcionális bomlását (BECZE, 1981); ZOMBORSZKYNÉ KOVÁCS, 2000); NOVOTNINÉ DANKÓ, 2015).

3.8. Szaporaságra ható legtöbbet vizsgált gének

3.8.1. Properdin gén (*BF*)



10. ábra: Properdin hormon szerkezete
Forrás: Net9

A properdin hormon egy természetes fehérje a vérszérumban, amely részt vesz a szervezet immunválaszaiban a komplement rendszerrel együtt, azonos fehérje alegységből álló gamma globulin protein szerkezet (10. ábra).

A komplement aktiválás pozitív szabályozója, amely stabilizálja a konvertázok alternatív útját. A C4-komponens egyláncú molekulaként szintetizálódik (pro-C4), és poszttranszlációs hasítás eredményeként jut ki a sejtéből. A properdin és a C4bp egy gén termékének oligomerizációjával alakul ki (GERGELY és ERDEI, 2006).

A *BF* gén properdin fehérje kódoló, fontos szerepet játszik a méh epithéliumának növekedésében, illetve számos más génnel együtt reprodukciós vonásokért felelős a mennyiségi tulajdonság kialakításában szerepet játszó kromoszómarégiókban (QTL-régió).

Nagyfehér x lapály F1 ♀ x pietrain x duroc F1 ♂ keresztezett sertésállományában MARANTIDIS et al. (2013) elemezték a *BF* gén hatását TNB, NBA tulajdonságokra. Két allélt találtak, A (0,11) és B (0,89) allélfrekvenciával. Az állományban AB és BB genotípusú kocákat mutattak ki, nem találtak AA típusú nőivarú tenyészállatot. A heterozigóta genotípussal rendelkező kocák statisztikailag szignifikánsan alacsonyabb értéket mutattak a homozigóta genotípusú kocákkal szemben ($P < 0,05$) az összes született malacsám (TNB) tulajdonságban. Az élve született malacsám (NBA) tekintetében is a BB genotípusú egyedek értek el jobb eredményeket (+1,5 db malac/fialások átlaga). A tapasztalatok alátámasztották azt a feltételezést, hogy a *BF*

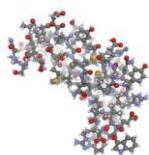
gén azon gének csoportjába tartozik, amelyek befolyásolják a kocák alomméretét, így használható az állatállományok reprodukciós jellemzőinek genetikai javítására marker alapú szelekció segítségével.

A pekingi fekete sertés kocaállományban ugyanazon két allélt azonosították hasonló frekvenciával: A (0,13), B (0,86). Mindhárom genotípus kimutatható volt az állományban. A szaporasággal összefüggő értékmérő tulajdonságok közül az összes született malacszámot (TNB) és az élve született malacszámot (NBA) vizsgálták. Az eredmények azt mutatták, hogy a kocák első fialása során a *BF* gén genotípusai közül az AA genotípus fialta a legtöbb malacot és az élve született malacok száma is meghaladta az AB és a BB típus adatait, azonban ez a különbség nem volt szignifikáns egyik tulajdonság esetében sem. A későbbi fialások során az élve született malacok számában szignifikáns különbség mutatkozott. Az AB kocák teljesítménye jobb volt a homozigóta egyedekénél az összes született malacszámban, az AA kocák értékeit +0,32 darabbal, a BB kocát teljesítményét +0,45 darabbal felülmúlta. Az élve született malacszám pedig +0,31 és +0,77 darabbal volt több más genotípusokhoz viszonyítva (WANG et al., 2008).

BUSKE et al. (2005) szerint az általuk vizsgált polimorfizmusban van egy intronikus régió, ami mutációt okoz, és ez befolyásolhatja a sertéspopuláció alomszámát. 123 db nagyfehér x lapály x leicome F2 kocát elemeztek. A BB genotípusú kocák magasabb összes- és élve született malacszámot produkáltak, mint az AA típusú kocák. Az AB genotípusúak köztes értékeket mutattak.

A *BF-intron 1-C79T* polimorfizmus potenciális genetikai marker lehet a tenyésztésben a megfelelő reprodukív tulajdonságok és a placentáris hatékonyság szelektálása során (CHEN et al., 2009).

3.8.2. Epidermális növekedési faktor gén (*EGF*)



11. ábra: Humán epidermális növekedési faktor hormon szerkezete
Forrás: Net10

Az epidermális növekedési faktor hormon egy kis molekulatömegű, 53 aminosavból álló polipeptid (11. ábra). Elősegíti, valamint szabályozza a hámsejtek osztódását, a hámréteg biokémiai folyamatainak egyensúlyát, tökéletes lejátszódását (sejtek, sejtalkotók differenciálódása, apoptózis, keratonizáció) és a kötőszöveti extracelluláris mátrix regenerációját: a kollagén, valamint a hialuronsav szintézist. A magzatban az epidermális növekedési

faktor hormon stimulálja a hámszövet osztódását és növekedését, újszülötteknél a tüdő érését (ÁDÁM, 2001).

Az *EGF*, az *AREG* és a *LIF* gének mutációi és a sertések reprodukív jellemzői közötti kapcsolatot két lengyel sertésfajta (nagyfehér és lapály) kocáinál vizsgálták a következő szaporasággal összefüggő értékmérő tulajdonságok esetében: élve született malacok száma, 21 napos kori alomszám, a kocák életkora az első fialáskor, valamint a két egymást követő fialás között eltelt időintervallum. A *LIF* gén vizsgálatát az indokolta, hogy elősegíti a növekedést, a különböző típusú célsejtek differenciálódását. Az *AREG* gén által kódolt fehérje (amphiregulin) pedig tagja az epidermális növekedési faktor családnak. Autokrin növekedési faktor, aminek mitogén hatása van az asztrocitákra, a Schwann-sejtekre és a fibroblasztokra. Kapcsolódik az epidermális növekedési faktorhoz és a transzformáló növekedési faktor-alfa (TGF-alfa) fehérjéhez. A fehérje kölcsönhatásba lép az epidermális növekedési faktor receptorral (EGFR), így támogatják a normál epiteliális sejtek növekedését. Az adatok elemzése során statisztikailag szignifikáns különbségeket találtak az *EGF* lokuszaiban a genotípusok között, a BB genotípusú kocáknál magasabb volt az élve született malacok száma, valamint a 21 napos kori alomszám (MUCHA et al., 2013).

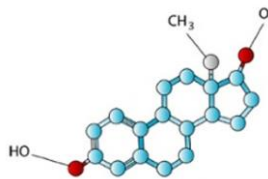
Lengyel kutatók egy csoportja lengyel lapály, lengyel nagyfehér és nagyüzemi sertésvonalak kocáiban vizsgálták az *EGF* gén mutációjának hatását vérmintát elemezve (KORWIN-KOSSAKOWSKA et al., 2005). Az összes született malacsám, az élve született malacsám, a választott malacok száma, a választáskori alomtömeg és a két fialás közötti időtartam tulajdonságokat mérték az első és a második fialás adatait felhasználva. A PCR-RFLP módszer során az A allél fragmenthossza 1527 bp, a B allélé 652 bp volt. Az allélfrekvenciát A (0,3), B (0,7) értéken tapasztalták. Eredményeik szerint szignifikáns különbség mutatkozott a született malacsámok ($P \leq 0,01$) és az élve született malacsámok ($P \leq 0,05$) között. Mindkét tulajdonságban az AA genotípusú kocák mutattak jobb teljesítményt és az AB kocák produkálták a legkevesebb malacsámokat.

Az *EGF* gén szerepet játszhat a sertések izomfejlődésében a növekedés egyes fejlődési szakaszaiban. Kanadai kutatók mRNS szinten vizsgálták az epidermális növekedési faktort, az epidermális növekedési faktor jelfogó molekuláját, receptorát (*EGFR*) és a fibroblaszt növekedési faktort (*bFGF*) négy, sertésből származó szövetben (hasnyálmirigy, máj, harántcsíkolt izom, vese) 90 napos foetális és 180 napos posztnatális kor közötti időszakban. Az eredmények arra mutattak rá, hogy az *EGF*, az

EGFR és a *bFGF* a sertés egyes fejlődési szakaszaiban szövetspecifikusan szabályozott. A hasnyálmirigyben az *EGF*, az *EGFR* és a *bFGF* mRNS szintje magas volt a magzati és az újszülött korban, azt követően pedig csökkenés volt megfigyelhető. A vesében és a vázizomban az *EGF* mRNS szintje az életkor előrehaladtával növekedett (PENG et al., 1997).

Az ösztrogénhez hasonlóan a sejt- és a szövetfelépülést szolgálja, a kollagén- és elasztin merevség ellen hat a genistein, amely egy szójababból kivont fitohormon. FARMER et al. (2010) a fitoösztrogén genistein esetleges szerepét vizsgálták ivarérett kor előtti süldőkben az emlőmirigyek, a hormonális állapot és a csontreszorpció fejlődésében. Azt tapasztalták, hogy a szójával kiegészített étrendes kezelés nem változtatta meg az epidermális növekedési faktor (*EGF*) és az epidermális növekedési faktor receptor (*EGFR*) tanszkripciós szintjét.

3.8.3. Ösztrogén receptor gén (*ESR*)



12. ábra: Ösztrogén hormon szerkezete
Forrás: Net11

Az ösztrogén hormon szteroid vegyületek kombinációja. Molekulája 3 ciklohexánból és 1 ciklopentánból áll (12. ábra). Három alkotóeleme: ösztron, ösztradiol, ösztriol. Az ösztrogén elsődleges női nemi hormon, mely minden gerincesben megtalálható. Kulcsfontosságú szerepet játszik a női reprodukciós rendszer és a másodlagos nemi jellegek fejlődésében, elősegíti annak kialakulását és szerepet játszik a méhnyálkahártya vastagodásában, valamint az ovulációs ciklus szabályozásában.

Az ösztrogén receptorok a fehérjék belsejében található sejtek egy csoportja, melyek a sejtmembránon keresztül bejutott ösztrogén hatására aktiválódnak. A sejtmagba bejutott ösztrogén képes kötődni a DNS-hez, így szabályozza a különböző gének aktivitását, ezáltal DNS-kötő transzkripciós faktor szerepe van (ÁDÁM, 2001).

A sertéshústermelés gazdasági sikere jelentős mértékben függ a reprodukciós hatékonyságtól. A reprodukciós hatékonyság egyik komponense az ovulációs ráta, amely befolyásolja a született malacok számát. Genomszintű asszociációs vizsgálattal bebizonyosodott, hogy az *SSCX* régióban kandidáns gének vannak jelen, tizenhat QTL-t találtak statisztikailag szignifikáns $P < 0,001$ szinten. Legjelentősebbek az ösztrogén receptor 1 gén, a növekedési-differenciálódási 9-es faktor és a βA inhibin. Ezek a mennyiségi tulajdonságokat meghatározó lókuszok a gének információit hordozva

ugyanabban a régióban találhatóak, így hasznos információt nyújtanak a sertésstenyésztésben a marker alapú szelekció vagy a gének segített szelekció alkalmazása során (SCHNEIDER et al., 2014).

Multiplex PCR amplifikációval YE et al. (2009) bemutattak két lókuszt, a pre-implantációs protein (*prei3*) és az ösztrogén receptor (*ESR*) szimultán genotipizálását. Az eredmények a módszer hasznos mivoltára mutattak rá. A sertésstenyésztési programokban mindkét lókuszt széleskörű, egyidejű genotipizálása megbízhatóbb eredményt nyújt és a vizsgálat költségeit is csökkenti (YE et al., 2009; CHAO et al., 2012).

Kínai meishan sertés fajta vizsgálati eredményeivel támasztották alá ROTHSCCHILD et al. (1996), hogy az ösztrogén receptor lókusztán egy specifikus allél növeli a sertés alomszámát. A keresztezett meishan nőivarú sertéseknél AA, AB és BB genotípust találtak. Az alomszám növekedés háttérében a B kedvező homozigóta allél volt tapasztalható, ami az első fialásnál 2,3 darabbal több malacot, míg az ezt követő fialásoknál átlagosan 1,5 utóddal többet eredményezett almonként. Ezt a kedvező *ESR* allélt a nagyfehér fajtában is megtalálták. A kocák elemzésénél bebizonyosodott az előbbieken említett homozigóta allél kedvező hatása az alomszám növekedésére, mely átlagosan 1 malaccal növelte a malacszámot fialásonként. Az *ESR* gén feltérképezésével rámutattak arra, hogy a meishan és a nagyfehér sertésfajtáknál marker alapú szelekcióval biztonsággal lehet a jó genetikai tulajdonságú egyedeket kiválasztani.

Hasonló eredményre jutottak kínai kutatók lapály populációban (WU et al., 2006). 2239 almot vizsgáltak 612 kocától három fialás során. Az allélfrekvenciákkal kapcsolatban A (0,87) és B (0,13) értékeket mutattak ki. A BB genotípusú kocák jobb eredményeket mutattak TNB és NBA tulajdonságokban és gyengébbet a malacok születéskori átlagsúlyában. Az AB és az AA genotípusok között nem tapasztaltak szignifikáns különbséget. A kutatók megállapítása szerint az ösztrogén receptor marker géneként alkalmazható az alomszám szelekcióra lapály populációban, más populációk esetében azonban további vizsgálatok szükségesek.

Nagyfehér hússertés és nagyfehér hússertés keresztezett populációban ugyancsak a BB genotípusú kocák fialták a legtöbb malacot az első és a későbbi fialások során is (SHORT et al., 1997). A jó szaporaságú nagyfehér és lapály fajtában az ösztrogén receptor gén alléljára homozigóta BB egyedek esetében az alomszám 0,21 db malaccal több volt. Hasonló állomány vizsgálata során szintén SHORT et al. (2011) azt tapasztalták, hogy az *ESR* gén kedvező B allélját hordozó egyedek az összes született

malacsám és az élve született malacsám tekintetében felülmúlták a homozigóta A kocák teljesítményeit (TNB: AB genotípus +0,63, BB genotípus +0,83 db malac/fialás; NBA: AB kocák +0,45, BB: kocák +0,80 db malac/fialás). A több született malac az első fialás során és a későbbi fialások esetében is megmutatkozott. Cseh nagyfehér sertéseknél az ösztrogén receptor lókusza jelentősen befolyásolta az első fialáskori szaporaságot. A fialások átlagában az A allél hatása felülmúlta a B allélt. Az első fialásnál az AA kocák megközelítőleg 0,5 darabbal több malacot hoztak világra mint a BB genotípusú kocák. A fialások átlagszámát vizsgálva ez a különbség 0,25 darab malacra csökkent. A választáskori alomtömegben nem volt megfigyelhető az *ESR* lókusztól szignifikánsan additív hatás. Az *ESR* polimorfizmusa nem gyakorolt pleiotrópikus hatást az átlagos napi súlygyarapodásra és a színhússzázalékra (GOLIÁSOVÁ és WOLF, 2004).

Szláv fekete sertésekben az ösztrogén receptor gén polimorfizmusának szaporaságra ható szerepét vizsgálták EKERT KABALIN et al. (2013). Két allélt azonosítottak a következő gyakorisággal: A (0,73) és B (0,27). A populációban mindhárom genotípus kimutatható volt. Az AA homozigóta egyedek a populáció több mint felét alkották (0,54), a heterozigóták a 38%-át és a BB genotípusok a 8%-át. Az összes született malacsám, valamint az élve született malacok számának értékelésekor azt tapasztalták, hogy a BB genotípusú kocák eredményei meghaladták az AA és az AB genotípusú állatokét.

BALATSKY et al. (2012) angol és ukrán nagyfehér, nagy fekete, poltavai hússertés, pietrain és meishan fajtákat vizsgáltak. Minden fajtát jellemzett az ösztrogén receptor gén polimorfizmusa. A populációkban az A és a B allél is jelen volt. Az allélgyakoriságok változóan alakultak a fajtáktól függően, pl. angol nagyfehér: A (0,56), B (0,44), pietrain: A (0,83), B (0,17), meishan: A (0,60), B (0,40), poltavai: A (0,93), B (0,07). A genotípus gyakoriságokban megfigyelhető volt a BB homozigóta egyedek alacsony száma: angol nagyfehér: 19,3%; pietrain: 2,90%; meishan: 16%; poltavai: 6%. A hazai sertésállományokban az ösztrogén receptor gén alomnagyságra gyakorolt hatását Fésüs és munkacsoportja (NET12) is igazolta. Nagyfehér fajtákban, többek között a magyar nagyfehér fajtában, az *ESR* BB típusú kocák esetében nagyobb az összes- és az élve született utódok, valamint a választott malacok száma az AA és az AB genotípusú kocákhoz hasonlítva. HOROGH et al. (2005) magyar nagyfehér hússertés állományt vizsgálva A és B allélt detektáltak 0,55% és 0,45% allélfrekvenciával. Megfigyelésük szerint az AA genotípus gyakorisága 31%, a

heterozigótáké 48% és a B homozigótáké 21% volt. 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.

MENCÍK et al. (2012) TOPIGS 20 hibridben is A és B allél előfordulását tapasztalták A (0,67) és B (0,33) allélfrekvenciával. A genotípusok közül az A allélt hordozók, az AA és az AB közel azonos gyakorisággal voltak jelen a populációban, a homozigóta BB egyedek csak 10%-ot képviseltek. A szaporasággal összefüggő tulajdonságok vizsgálatánál azt az eredményt kapták, hogy az összes született malacsám tulajdonságban a BB genotípusú kocák voltak a legjobbak (14,33 db/fialás/koca átlagérték), de ezzel párhuzamosan a holtan született malacok száma (2,33 db/fialás/koca átlagérték) is a legmagasabb értéket érte el. Az élve született malacok számát tekintve az AA kocák fialtak a legtöbbet (12,66 db/fialás/koca átlagérték), azonban ezeknél a kocáknál jelentek meg legnagyobb számban a mumifikálódott magzatok is (0,38 db/vemhesség/koca átlagérték).

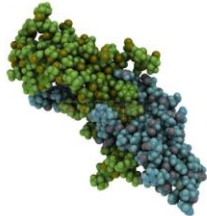
GOLIÁSOVÁ és DVORÁK (2004) cseh nagyfehér és lapály sertésfajtákban vizsgálták az ösztrogén hormon genetikai változásával összefüggő genotípus és allél gyakoriságokat. A nagyfehér állományban a B allél gyakorisága 0,51% volt, lapály kanok között 2%, lapály kocákban 3%. A genotípus gyakoriságokat 5 éven keresztül követték nyomon a nagyfehér sertés esetében, a lapálynál 4 évig. A nagyfehér sertésben a B allél gyakorisága emelkedést mutatott, a lapály fajtánál viszont csökkenést. A változás okait további kutatásokban keresik.

Az *ESR* nem mutatott Pvu II polimorfizmust a német lapály és a duroc populációban, az összes állat homozigóta AA volt (DROGEMÜLLER et al., 2001).

MORAVČÍKOVÁ és TRAKOVICKÁ (2015) az ösztrogén receptor gén polimorfizmusának hatását vizsgálták nagyfehér x lapály hasított félsertés tulajdonságaival kapcsolatban. Mérték a hátszalonna vastagságát, az értékes húsrészek, (karaj és comb) arányát. A két azonosított allél közül az A allél frekvenciája volt magasabb (0,63±0,03), azért a homozigóta BB genotípusok aránya alacsonynak mutatkozott (13,89%). A heterozigóta egyedek aránya 45,56%-ot ért el. Az eredmények azt mutatták, hogy az *ESR* gén jelentős mértékben csak a comb és a karaj mennyiségét befolyásolta (P <0,01). Az AA genotípusú egyedek comb aránya 0,3%-kal haladta meg az AB genotípusúakét és 0,65%-kal a BB hízők combarányát. A karaj keresztmetszete

az AB hizóknál volt a legnagyobb, 44,48 cm². Az AA egyedek esetében ez az érték 0,24%-kal, a BB sertéseknél 2,48%-kal volt kevesebb.

3.8.4. Follikulus-stimuláló hormon béta alegység gén (*FSHβ*)



13. ábra: Humán follikuluszstimuláló hormon szerkezete
Forrás: Net13

A follikuluszstimuláló hormont (13. ábra) az hypophysis elülső lebenyének gonadotrop sejtjei termelik. A luteinizáló hormonnal (LH) együttesen vesz részt a női ciklus szabályozásában, felelős az ivarsejtek érési folyamatáért.

A follikuluszstimuláló hormon béta alegység alternatív leágazásának eredményeként létrejött két transzkripciós variánsa, mely ugyanazt a fehérjét kódolja.

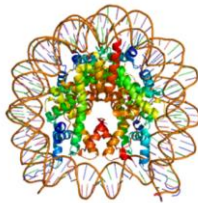
Az agyalapi glikoprotein hormon család magában foglalja a follikuluszstimuláló hormont, a luteinizáló hormont, a koriongonadotropint, és a pajzsmirigy-stimuláló hormont. Mindezek a glikoproteinek egy azonos alfa-alegységből és egy hormonspecifikus béta alegységből állnak, melyek meghatározzák a specifikus receptorokhoz való kötődést és biológiai választ indukálnak. Az *FSHβ* gén kódolja a follikuluszstimuláló hormon béta alegységét. A luteinizáló hormon a follikuluszstimuláló hormonnal együtt szabályozza a petefészek hormon kiválasztását, serkenti a petesejt és a spermiumok termelését (ÁDÁM, 2001).

Kínai kutatók vizsgálták különböző fajtájú sertésekben a follikuluszstimuláló hormon béta alegység (*FSHβ*) gén első intronjának polimorfizmusát, valamint annak hatását az *FSHβ* génkifejeződésre (LIU et al., 2000). Vérből izoláltak DNS-t három kínai (xian, nuogn, kele) és két európai sertés fajtából (yorkshire, nagyfehér). Az eredmények megerősítették, hogy a fő transzkriptum a rövid köztes nukleotid elem (SINE). A frekvenciaelemzés a következő fragmentumok jelenlétét mutatta ki: az 500 bp fragmenthossza SINE+ homozigóta és az 500+220 bp SINE+/- heterozigóta egyedeket. A 220 bázispárú fragment hiányzott. A homozigóta SINE+/+ egyedek domináltak a kínai sertésfajtákban, a SINE-/- genotípusúak a yorkshire és a nagyfehér fajtákban. Az adatok arra mutattak rá, hogy a SINE inszerciónak negatív hatása volt az *FSHβ* gén expressziójára, valamint rávilágítottak arra, hogy a szaporodáshoz kapcsolódó domináns jellegű karakter öröklődik a heterozigóta sertésfajtákban.

Nagyfehér x meishan F2 utódokat vizsgáltak kutatók (LI et al., 2008) annak feltárására, hogy a mikroszatellit *FSHβ MS* polimorfizmusa milyen hatással van a sertések

szaporasággal összefüggő tulajdonságaira. Három allélt és hat különböző genotípust detektáltak. A fragmentek hossza: 98 bp, 108 bp, 118 bp. Az allélt hordozók nem szignifikáns eltérést mutattak TNB és NBA tulajdonságban. A kocák közül a 108/108 jelzésű genotípusok esetében szignifikánsan több volt a 98/98 típushoz képest a választott malacs szám, a választáskori alomtömeg, a választáskori egyedenkénti malacsúly és a túlélési ráta születéstől a választásig. LUORENG et al. (2007) pekingi fekete sertés esetében hasonló eredményt kaptak. Két lókuszt detektáltak és vizsgálták ezek hatását az összes született malacs számra, az élve született malacs számra és a születési súlyra. Az AA genotípusú egyedek összesen 0,96-1,85 malaccal többet fiáltak, mint az AB és a BB kocák. Az élve született malacs szám tulajdonságban az AA és az AB genotípusú kocák 0,95-1,69 darabbal múlták felül a BB homozigóta kocák teljesítményét.

3.8.5. H2A hiszton család Z tagjának (H2A. Z) génje (*H2AFZ*)



14. ábra: Nukleoszóma szerkezete
Forrás: Net14

A nukleoszóma szerkezetét két-két H2A, H2B, H3 és H4 hiszton oktamere alkotja, amely köré balmenetes szuperhélixként 146 bázispár DNS tekeredik (14. ábra). A hormon globuláris bázikus fehérjék alkotják, melyek szerkezeti homológiát mutatnak. Kisméretű random szerkezetű fark részekből és egy helikális központi doménből állnak.

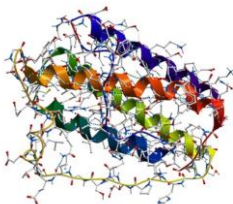
A hisztonok alapvető nukleáris fehérjék, amelyek felelősek az eukarióták kromoszomális rostjának nukleoszóma szerkezetéért. Szükséges az embrionális fejlődéshez, hiánya embrionális letalitáshoz vezet. Közvetítő szerepe van a thermoszenzoros válasz és a környezeti hőmérséklet érzékelése között (ÁDÁM, 2001).

A hisztonfehérjéknek két nagy csoportja a replikáció-függő és a replikáció-független hisztonok. A replikáció-független hisztonok kódoló génjei elszórtan helyezkednek el a genomban. A H2AZ hisztonfehérje, a H2A család egy replikáció-független tagja, amelyet a *H2AFZ* gén kódol.

ZHANG et al. (2009) kutatási eredményei alátámasztották, hogy a *H2AFZ* gén szerepet játszik az alomméret változásában illetve a marker alapú szelekcióhoz számos információval szolgálhat. 714 állatot vizsgált 11 populációból. Főként nagyfehér x meishan F2, lapály, nagyfehér, meishan és DIV vonalú kocákat. AA, AB és BB genotípusokat találtak. Az allélfrekvenciák a fajtától függően, A (0,00-0,75), B (1,00-

0,25) közötti értékek között mutatkoztak. A nagyfehér fajtában A (0,63), B (0,37) gyakoriság volt tapasztalható. A született malacszám tekintetében a BB típusúak, az élve született malacok értékeiben az AB kocák mutatták a legjobb eredményeket az első fialás során. A BB és az AB kocák a további fialásaik során is megtartották előnyüket. Ezen gén vizsgálatával kapcsolatban még kevés tanulmány áll rendelkezésre. A kísérleti eredmények alapján a szaporasággal összefüggő értékmérő tulajdonságokra történő hatékony szelekcióban ez a gén is alapul szolgálhat, és további kutatásokat érdemel.

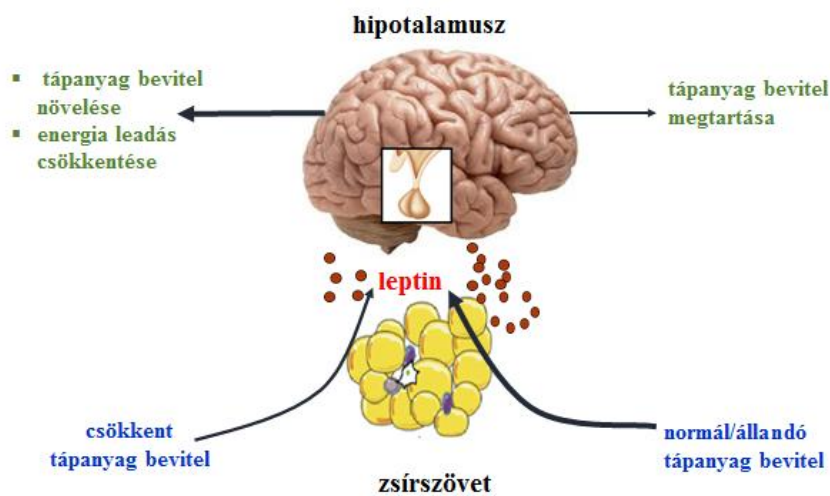
3.8.6. Leptin gén (*LEP*)



15. ábra: Leptin hormon szerkezete
Forrás: Net15

A szaporaságra ható gének közé tartozik a leptin gén, amely a leptin hormon kiválasztását szabályozza. A leptin az adipocyták (zsírsejtek) által szekretált adipokinek közé tartozik, mely egy 167 aminosavból álló peptid hormon (ÁDÁM, 2001). A fehér zsírszövetben termelődik. Egyik fontos élettani szerepe, hogy a metabolikus szignálmechanizmus részeként informálja a tápláltsági állapotról az ivari működést szabályzó, a hypothalamusban lokalizált neuronokat (15. ábra).

A magas leptin szint azt jelzi az agynak, hogy elegendő zsír halmozódott fel a zsírraktárakban (16. ábra). Ilyenkor megáll a tartalékolás és az optimális testsúlyra törekszik a test, csökkenti a táplálék felvételt. Az alacsony leptin szint azt jelzi, hogy a test éhezik, ezért tartalékolni igyekszik, vagyis elindul a hízás.



16. ábra: A leptin hormon működésének mechanizmusa
Forrás: NET16 alapján saját szerkesztés (2016)

A *LEP* gén polimorfizmusának szaporasággal összefüggő hatásait vizsgálták sertések esetében TERMAN et al. (2005). A lengyel nagyfehér x lengyel lapály keresztezett állományban mérték az összes született malacszámot, az élve született malacszámot, valamint a választott malacok számát. A leptin gén T és a C allélját azonosították C (0,10) és T (0,90) allélfrekvenciával. Az elemzések CC, CT és TT genotípusú kocákat mutattak ki. Mindhárom tulajdonság esetében azt tapasztalták, hogy CT heterozigóta egyedek mutatták a legjobb eredményeket. Az eltérések statisztikailag nem voltak szignifikánsak.

Ugyancsak lengyel nagyfehér és lengyel lapály állományban - egy másik polimorfizmust vizsgálva - a G allél gyakoriságát 0,93-ra, az A allél gyakoriságát 0,07-re becsülték. A vizsgált sertéspopulációban a GG genotípusok 0,88 frekvenciaértéket, a heterozigóták (AG) 0,11 és a homozigóta AA genotípusúak 0,01 gyakoriságot mutattak. Az AA genotípusú kocák esetében növekedett legnagyobb mértékben az alomszám az AG és GG genotípusú kocákhoz képest, azonban ez a különbség statisztikailag nem volt szignifikáns (TERMAN et al., 2008).

A gén *C798T*, *T2411C*, *T3266G* és *T3469C* polimorfizmusainak és a tenyésztési tulajdonságoknak a kapcsolatát vizsgálták kutatók különböző keresztezésekből származó F2 sertés nemzedékekben. A *C798T* polimorfizmus összefüggésben volt a csecsszámmal, a *T3469C* polimorfizmus a sertés 21, 42, 63 és 77 napos kori súlyával (DE OLIVEIRA PEIXOTO et al., 2006).

A korai vemhesség morfológiai, metabolikus és endokrin funkcióinak vizsgálata rávilágított arra, hogy a zigóta növekedése és életképessége összefüggésben van az anya hormonális és anyagcsere funkcióival. Ezek a jellemzők kapcsolatban állnak a vaszkuláris endotél növekedési faktor-A és a leptin gén placentáris expressziójával. A magzat növekedését, táplálását és metabolizmusát a placenta állapota, a placentáris génextpresszió, az anyai hormonok és a metabolikus hatások befolyásolják (GONZALEZ-BULNES et al., 2012). A méhen belüli növekedési retardációt (IUGR) a nem megfelelő hőszabályozás kísérheti, különösen azoknál a malacoknál, amelyek nem rendelkeznek barna zsírszövettel (BAT). A leptin hőtermelést ösztönző hatását MOSTYN et al. (2014) kutatási eredményei is alátámasztották. Az alacsony IUGR szintű újszülött nőivarú malacok esetében exogén módon stimulálva a leptin gént, a kiválasztódott leptin elősegítette a testhőmérséklet emelkedését.

A szelektált sperma mennyiségi és minőségi jellegeire hatással van a leptin génben lévő *Hinfl* polimorfizmus (KMIEC et al., 2006). A genotípusokat PCR-RFLP módszer

segítségével detektálták. A *LEP/HinfI*-nek két allélját azonosították: a *LEP T* (152 bp) és a *LEP C* (84 bp és 68 bp között), a génfrekvencia 0,844 és 0,155 volt. A genotípus szekvenciák a következők voltak: *LEP TLEP T* - 0,7227, *LEP CLEP T* - 0,2437, *LEP CLEP C* - 0,0336. Az eredmények azt mutatták, hogy a *LEP TLEP T* genotípusú kanok több ejakulátumot termeltek, nagyobb volt az ejakulátumban lévő spermák százalékos aránya, valamint az egy ejakulátumból előállított dózisok száma.

A leptin hormonnak a szaporasággal összefüggő értékmérő tulajdonságokra történő hatása mellett jelentős szerepe van a takarmányfelvétel és a zsírmetabolizmus irányításában. Ezzel befolyásolja a sertések hústermelését és a húsminőségét (BOKORI, 2000), valamint a súlygyarapodást és a hátszalonna vastagságát (VAN DER LENDE et al., 2005). A duroc fajtában a leptin gén *C867T* pontmutáció vizsgálata során hasonló eredményre jutottak CHEN et al. (2004).

A sertés életkorával összefüggő leptin szint emelkedésével növekszik az ágyékizom vastagsága és az izomban levő zsírtartalom. A leptin gén 3. exonján lévő mutáció (*C3469T*) vizsgálata során kapcsolat mutatkozott a duroc sertés 160, 180, 215 és 225 napos kori testsúly, bőr alatti zsírszalonna, ágyékizom vastagsága és az izomban lévő zsír mennyisége és összetétele, valamint a mutáció között (VILLALBA et al., 2009).

Különböző keresztezésekből származó F2 sertés nemzedékekben kimutatták, hogy a *T3469C* polimorfizmus hatással volt a takarmányfelvételre, az átlagos napi súlygyarapodásra, a takarmányhasznosulásra, a szalonna vastagságra és a vágási súlyra (DE OLIVEIRA PEIXOTO et al., 2006).

A leptin koncentráció és a melanokortin-4 receptor (*MC4R*) szintje együttesen vesz részt a táplálkozási viselkedés kialakításában. A hormonoknak a sertések esetében a növekedésre és a hátszalonna vastagságára lehet szignifikáns hatása. Ezáltal a leptin gén jelentős szerepet játszik a takarmányfelvételben és a testtömeg egyensúlyának fenntartásában (KIM et al., 2000; TAO, 2010; PIÓRKOWSKA et al., 2010). A *LEPR* és *MC4R* gén polimorfizmusok azáltal, hogy szerepet játszanak az étvágy szabályozás mechanizmusában, közvetett módon a zsírtartalom szintjét is befolyásolják. Ebből kiindulva kerestek választ a kutatók arra, hogy a két gén polimorfizmusa hatással van-e a kolosztrum és a tej összetevőire. Két lengyel sertésfajta vizsgálata során a kapott eredmények azt mutatták, hogy a megfigyelt mutáció (G/A 1426 *MC4R*) jelentős hatással volt elsősorban a kolosztrum zsír és szilárdanyag tartalmára. A kapott eredmények arra utalnak, hogy ezek a gének a tej minőségének javításában genetikai markerként használhatóak a sertésszelekcióban (SZYNDLER-NĘDZA et al., 2013).

Az *MC4R*, a *LEP* és a *H-FABP* gének polimorfizmusának együttes elemzése során a kapott eredmények azt mutatták, hogy a hátszalonna és a sovány hús százalékos arányára az *MC4R/TaqI* átlagon felüli hatással nem bír. A domináns homozigóta AA genotípusú állatok esetében a *LEP/HinfI* lókuszok alacsonyabb értéket mutattak a napi súlygyarapodásra vonatkozóan, a recesszív homozigóta BB és a heterozigóta AB genotípusúakkal szemben. A *H-FABP/HaeIII* lókusz sovány húshoz kapcsolódó százalékos aránya a domináns homozigóta (DD) genotípusú állatok esetében magasabb volt, a recesszív homozigóta (dd) genotípusúakhoz képest. Bebizonyosodott, hogy két vagy több gén komplex, együttes hatásának vizsgálatával a tenyésztés szempontjából kedvező tulajdonságú genotípussal rendelkező egyedek biztonságosabban kiválaszthatóak (CHAO et al., 2012).

Egyes tanulmányok szerint az *MC4R* 1426 A>G és *LEPR* 2002 C>T polimorfizmusa összefüggésben van a sertések takarmányfelvételével, a test fejlődésével valamint zsírosságával. MUÑOZ et al. (2011) által az egy pontos nukleotid polimorfizmussal azonosított *MC4R* 1426 A>G allélnak nem volt szignifikáns hatása a duroc és ibériai keresztezett sertésfajták termelési és minőségi tulajdonságaira. A *LEPR* 2002 C>T genetikai vizsgálata azonban hasznos lehet a duroc tenyészállatok kiválasztásánál annak érdekében, hogy csökkentsék a duroc és az ibériai keresztezett sertésfajtáknál a hasított súly szempontjából nemkívánatos heterogenitású egyedeket.

A mangalica populáció leptin rezisztenciát mutatott GEORGESCU et al. (2014) eredményei alapján, ellentétben a duroc, a belga lapály és a nagy fehér fajtákkal. Ez összefüggésben lehet az erre a fajtára tipikus morfológiai és produktív jellemzőkkel, mint például az átlag alatti szaporasággal és az erős zsírfelhalmozó képességgel.

A molekuláris genetikai vizsgálatokban gyakran vizsgálják a leptin gén mellett a leptin receptor génjének (*LEPR*) polimorfizmusát. A *LEPR* a sertés 6. kromoszómáján helyezkedik el, a hústermelés és testfelépítés meghatározásának elsődleges génje. A leptin receptor génjének polimorfizmusa a leptin hormon szervezetben betöltött szerepét és a működését jelentősen befolyásolhatja ÓVILO et al. (2005), valamint MINDEKOVÁ et al. (2010a) megállapítása szerint.

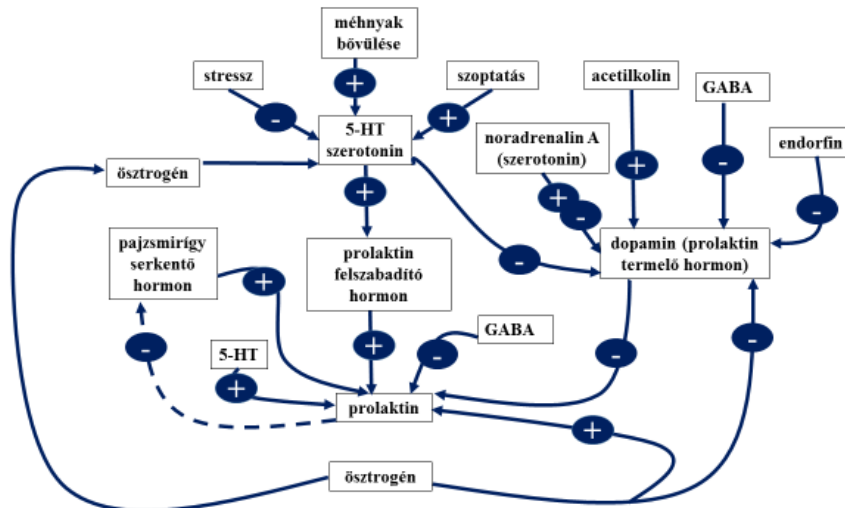
3.8.7. Prolaktin receptor gén (*PRLR*)



17. ábra: Prolaktin hormon szerkezete
Forrás: Net17

A prolaktin hormon a hal kivételével minden gerincesben jelen van. 197-199 aminosavból áll és 6 ciszteint tartalmaz, mely 3 diszulfid hidat hoz létre (17. ábra). α -hélixes szerkezetű fehérje, mely 50%-ban tartalmaz hélixet, és a fennmaradó részben rendezetlen hurokszerkezetet mutat (BOLE-FEJSOT et al., 1998).

Az agyalapi mirigy elülső lebenyének egyik fehérje természetű hormonja a prolaktin (ÁDÁM, 2001). Fő szerepe a tejelválasztás megindítása, de - a nemi hormonokkal együtt - részt vesz a szaporodási- és az anyagcsere folyamatokban, a növekedés szabályozásában, az immunrendszer működésében (18. ábra).



18. ábra: A prolaktin hormon működése
Forrás: BECZE, (1981) alapján saját szerkesztés (2016)

Az 5-HT (5-hidroxi-triptamin) receptornak prolaktin termelést stimuláló hatása van, neurohormonként szabályozza a hypophysis elülső lebenyének prolaktin elválasztását a prolaktin felszabadító hormonon keresztül. A noradrenalin hormon hatása az adrenalinéhoz hasonló, ugyanúgy vészhelyzetben, stresszhelyzetben termelődik és a szimpatikus idegrendszerre hat. Több neurotranszmitter vesz részt a mechanizmusban. Az acetilkolin ingerületátvivő anyagként funkcionál a folyamatban. Az endorfin ugyancsak neurotranszmitter, mely a gerincesek agyalapi mirigyében és a hypothalamusában termelődik fizikai hatásokra, izgalmi állapot esetén (BECZE, 1981).

A gamma-amino-vajsav (röviden GABA: gamma-aminobutyric acid) gátló hatású neurotranszmitter. Kísérletek igazolták, hogy bazális állapotban képes növelni a prolaktin mennyiségét, ezzel párhuzamosan gátló hatása is van a hisztaminokra, modulációs transzmitterként működik (DONOSO, 1981). A dopamin fő szerepe hormonként az, hogy gátolja a prolaktin felszabadulást a hypophysis elülső lebenyéből. A szopási ingerek beindítják a prolaktin termelést, ami fenntartja a kiválasztás aktivitását. A mirigyekben a tej tartós akkumulációja megemeli a nyomást. A nyomás fokozódása ingerli a szimpatikus idegeket, ami előidéz a tejmirigyekben a véráram csökkenését. Ezzel a mirigyekbe jutó prolaktin és tápanyag mennyisége is csökken (BECZE, 1981).

A prolaktin receptor gén extracelluláris régiója transzmembrán receptorként kölcsönhatásba lép a prolaktinnal és megköti azt.

A prolaktin receptor gén polimorfizmusait VINCENT et al. (1997) mutatták ki. Hét sertésfajtát vontak be a vizsgálatba. A genotipizálás során a következő allél gyakoriságokat tapasztalták az A allél vonatkozásában: chester fehér 0,25; duroc 0,79; hampshire 0,05; lapály 0,72; yorkshire 0,37; kínai meishan 0,56; európai nagyfehér 0,32. A fajták allélgyakorisága közötti különbség oka az lehet, hogy a fajtákban egy allél került kiválasztásra a populációkban, szemben másokkal. További vizsgálatot érdemel a tapasztalt különbségek okainak és befolyásoló hatásának feltárása.

Nagyfehér x meishan F2 populációban AA, AB és BB genotípusú kocák több, szaporasággal összefüggő tulajdonságát vizsgálták VAN RENS et al. (2002). A TNB és NBA tulajdonságokban az AA genotípus fölénye mutatkozott meg. Azonban a kocák egymást követő alomszámainak vizsgálatánál a *PRLR* gén alomszámra gyakorolt hatása nagy szórást mutatott.

Őshonos magyar sertésállományban vizsgálták TEMPFLI et al. (2011) a prolaktin receptor (*PRLR*) gén különböző alléljait és azok hatását az alomszámra. A mintákat 80 fajtatiszta mangalica koca 335 fialási adatai biztosították. A vizsgált populációban az A allélt találták előnyösebbnek. Az AA genotípus volt a legkevésbé elterjedt (8,75%), míg az AB és a BB frekvenciája 40% és 51,25%. Az élve született malacok átlagos száma almonként $1,11 \pm 0,39$ darabbal több volt az AA genotípusú kocák esetében a BB genotípusúakhoz képest. Az állományban az AA genotípusú kocák gyakoriságának emelése növelné az összes született malacszámot. A szerzők véleménye szerint azonban a *PRLR* genotípusok hatása eltérő lehet sertésfajtánként, sőt vonalanként. További vizsgálatokra lehet szükség a polimorfizmus pleiotróp hatásainak felderítésére.

A *PRLR* gén mangalica és mangalica x duroc F1 kocák alomméretére gyakorolt hatásának vizsgálata során GAJDÓCSI et al. (2008) azt tapasztalták, hogy az AA genotípusú egyedek két malaccal többet fiáltak a BB genotípusúaknál, és a populáció átlagos alomméretét 1,69 db utóddal, az AB genotípusú egyedekét pedig 1,59 malaccal haladták meg. A többségében AA genotípusú sertéseknél mért nagyobb alomméret duroc esetében a BB genotípusú egyedeknél jelentkezett (ÁRNYASI, 2001; HAMANN et al., 2000; KMIEC et al., 2001).

Német lapály fajtában ugyancsak az A allélnak volt pozitív hatása az alomméretre, míg a duroc sertésekben a B allélnak. Ezt mutatták a német sertésfajtákon és hibriden végzett kísérletek (DROGEMÜLLER et al., 2001). Nagyfehér x meishan keresztezett kocák vizsgálata során hasonló eredményt kaptak VAN RENS et al. (2002) is, akik ugyancsak az A allél hatását találták kedvezőnek az alomméret növekedésével összefüggésben. Ezt az eredményt támasztották alá KMIEC et al. (2006), ROTSCCHILD et al. (1998), VINCENT et al. (1998), valamint SOUTHWOOD et al. (1999) vizsgálatai is. A prolaktin receptor génnek a nagyfehér hússertésre, a dán lapály és lapály x yorkshire x duroc keresztezéséből származó kocák szaporaságára, a malacok növekedésére, valamint a hústermelésre gyakorolt hatásának elemzése során bebizonyosodott, hogy a BB genotípusú kocák esetében volt a legmagasabb az élve született malacok száma. A nagyfehér sertés esetében átlagosan 1,9 db malaccal több született kocánként, és fialásonként a dán lapály esetében ez a többlet 0,7 malac. Az átlagos napi súlygyarapodás az AB genotípusú dán lapály kocáknál volt a legmagasabb, a hizlalási idő pedig 3,1 nappal rövidebb a többi genotípushoz képest. A lapály x yorkshire x duroc keresztezett fajtánál az A homozigóta kocák átlagos hátszalonna vastagsága a többi vizsgált fajtánál kisebb volt, a félsertés hasított súlya pedig több (MIKHAĬLOV et al., 2014).

A *PRLR* receptor két allélját azonosította TERMAN (2005) lengyel nagyfehér x lengyel lapály kocáknál. Az allélgyakoriságok a következők voltak: A (0,62), B (0,38). Elemezte a *PRLR* hatását az összes született malacok számára, az élve született malacok számára, valamint a választott malacok számára. Az eredmények azt mutatták, hogy az AA genotípusú előhasi kocákban az alomszám szignifikánsan ($P \leq 0,01$) magasabb volt az AB és BB genotípusúakhoz képest. A legnagyobb alomszámot a domináns homozigóta (AA) genotípusúaknál figyelték meg, azonban a különbség csak az első fialás során volt statisztikailag szignifikáns. A későbbi fialások során is megmaradt az AA genotípus előnye, azonban ez már nem bizonyult szignifikánsnak. Az eredmények

azt mutatták, hogy a *PRLR* gén alkalmazható markerként a lengyel nagyfehér x lengyel lapály állományban az alomszám növelésére.

Pekingi fekete sertés kocák genotipizálása során kínai kutatók (XING-PING et al., 2008) ugyancsak két különböző allélját azonosították a génnek a következő gyakorisággal: A (0,25) és B (0,75). A kocák első és további fialásait vizsgálva arra a következtetésre jutottak, hogy a *PRLR* gén lókusza marker gén az alomnagyságra gyakorolt hatását tekintve. Hasonlóan a XING-PING et al. (2008) által megállapított allélgyakorisághoz, THUY et al. (2006) szintén a B allélt (0,81) állapították meg dominánsnak a vietnámi Mong Cai sertésekben.

Miután ismertté vált a prolaktin receptor gént (*PRLR*), mint kandidáns gén hatása a sertések reprodukív tulajdonságaira, mexikói kutatók 335 koca négy genetikai csoportját vonták be a vizsgálatba: yorkshire, lapály, duroc és a keresztezett yorkshire x lapály vonalat. Az alábbi tulajdonságokat vették figyelembe: az összes született malacsám, az élve született malacok száma, a választott malacok száma, a születési súly és a választáskori súly. PCR-RFLP módszer segítségével határozták meg a polimorfizmusokat. A kutatók az egyes genetikai csoportok közötti allélfrekvenciát és a Hardy-Weinberg egyensúlyt a khi-négyzet próbával tesztelték. A *PRLR* genotípusai közötti kapcsolatot a reprodukciós tulajdonságok alapján egy lineáris modell felhasználásával értékelték. Megbecsülték a gén reprodukciós tulajdonságokra ható additív és domináns hatását. Az A allél frekvenciája általában 0,46 volt, ugyanakkor ez az érték változott az egyes genetikai csoportok között. Az összes született malacsám tulajdonságban a legmagasabb értéket a duroc fajta BB és AB genotípusa érte el. Az élve született malacsám tekintetében a keresztezett yorkshire és lapály fajta mutatta a legjobb teljesítményt. A duroc fajta AA genotípusa érte el a legjobb teljesítményt a választott malacok számában, de nem találtak különbséget a lapály és a yorkshire x lapály genotípusok között. Az első fialás adataiban különbséget figyeltek meg az összes született malacsámok között, legmagasabb értéket a BB genotípus mutatta (10,40 darab malac). Általában az A allélonkénti additív hatás eredménye 2,26 malaccal csökkentette az összes születési malacsámot, míg 0,42 kg-mal növelte az almonkénti születési súlyt. A domináns hatás az összes született malacsámot 2,67 darabbal csökkentette, az alomtömeg terén pedig 0,56 kg-mal mértek kevesebbet. A választáskori súlyt lapály sertésfajta esetében az additív hatás 8,37 kg-mal csökkentette (BARRERAS et al., 2009).

WANG et al. (2008) pekingi fekete kocák vizsgálata során a *PRLR* gén két allélját azonosították A (0,25) és B (0,75) frekvenciával. A genotípus és az alom méretének becslése általános lineáris modell módszerével történt. Az első és a további fialások adatait is összevetették. Az eredményeik azt mutatták, hogy az AA genotípusú kocák első fialásában magasabb alomszám volt tapasztalható, mint az AB és a BB genotípusú kocáknál, azonban a különbség statisztikailag nem volt szignifikáns. A későbbi fialások során azonban az eltérés statisztikailag szignifikánsnak mutatkozott ($P < 0,05$). Az eredményekből arra következtettek, hogy a *PRLR* gén lókusza genetikai marker lehet a pekingi fekete sertés alomméretének növelésére történő szelekcióban.

3.8.8. Egyéb gének

RFamid-típusú peptidek génje (RFRP)

Az *RF* amidhoz kapcsolódó peptid (*RFRP*) gén a hypothalamus-hypophysis-gonád tengely egyik kulcsfontosságú génje, jelentős szerepet játszik a táplálékfelvételi, a magatartási és a reprodukciós tulajdonságok szabályozásában. FANG et al. (2014) klónozták és jellemezték a sertés *RFRP* gént. 120 napos korban levágott yorkshire hím- és nőivarú sertésből nyert 40 féle szövetet vizsgáltak. A kísérletük során felhasználták még 5-5 db yorkshire, lapály, duroc, lantang és small-ear spotted kocacsoprot, valamint 334 kocás yorkshire és 187 kocás lapály állomány adatait. Az összes született malacsámok és az élve született malacsámok elemzése során azt az eredményt kapták, hogy a g.45859759C>T polimorfizmus szignifikáns kapcsolatot mutatott a jobb reprodukív tulajdonsággal. Javasolták, hogy az *RFLP* marker génként kapjon szerepet sertések szaporodásbiológiai tulajdonságainak javításában.

SOD1 gén

A szuperoxid-dizmutáz egy fémtartalmú enzim. Háromféle formája különböző fémeket tartalmaz. A cink és réz tartalmú a szuperoxid-dizmutáz 1 (*SOD1*, vagy CuZn-SOD). A szuperoxid egy felesleges elektront tartalmazó oxigénmolekula, aminek hatékony közömbösítése létfontosságú. A szuperoxid dizmutáz szerepet játszik ebben a folyamatban, immunerősítő, antioxidáns, öregedést gátló hatású, jelenléte összefüggést mutat a termékenységgel és a méhen belüli embrió elhalással. Ezt az enzimet az emberben a 21. kromoszómán található *SOD1* gén kódolja (ZELKO et al., 2002).

Sertésben a szuperoxid dizmutáz 1-et (*SOD1*), mint kandidáns gént 200 Mb körül lokalizálták (BJERRE et al., 2013). Úgy találták, hogy a sertés szaporodási tulajdonságait a 11., a 13. és 15. kromoszómáján lévő QTL régiók befolyásolják. A régiókon belül legnagyobb genetikai változatosságot a 13. kromoszómán tapasztaltak. Ennek alapján úgy vélték, további kutatásokat igényel a kromoszómán lévő azon QTL régiók vizsgálata, egyéb gének azonosítása, amelyek hatással vannak a sertés alomszámára. A sertésben található (*SOD1*) gént klónozták és szekvenálták. A kvantitatív PCR-rel végzett vizsgálatok a *SOD1* transzkriptum szintjeiben különbséget mutattak minden vizsgált szövetben. Az alomszámra vonatkozó magas és alacsony

becsült tenyésztéssel rendelkező kocák szekvenciáinak összevetésénél összesen nyolc pontmutációt tártak fel a kódoló és nem kódoló régiókban. Az egyik intronban lévő pontmutációt 248 sertésben genotipizálták. Az allélgyakoriság jelentősen különbözött a két csoport között, jelezve azt, hogy a 13. kromoszómán lévő polimorfizmus hatással volt az alomméretre. Az AA genotípusú kocák alomszáma hárommal több volt, mint az AT genotípusúaké. Ez a polimorfizmus lehetséges marker lehet a sertések alomméretére. Azonban figyelembe kell venni a genotípus egyéb korrelációját más tulajdonságokkal is.

IGFBP1, IGFBP2, IGFBP3, IGFBP5, CPTIA, COX2, SLC22A5 gének

A gazdaságossági mutatókban a szaporasággal összefüggő tulajdonságok fontos szerepet játszanak. Szorosan kapcsolódik ehhez a megszületett életképes malacok száma és a koca aktív élettartamának hossza. Amerikában is előtérbe kerültek azok a vizsgálatok, melyek a szaporasággal kapcsolatos gének polimorfizmusainak hatását kutatták. Miután a kandidáns gének hatását már kimutatták az amerikai yorkshire, az amerikai nagyfehér és a lapály sertéspopulációk szaporasági jellegére, SIRONEN et al. (2010) 7 kandidáns, a reprodukív hatékonyságra ható génben lévő pontmutációt (*IGFBP1*, *IGFBP2*, *IGFBP3*, *IGFBP5*, *CPTIA*, *COX2*, *SLC22A5*) vizsgálták finn yorkshire és lapály populációkban. Az IGF egy inzulin-szerű növekedési faktor, az IGFBP az IGF-kötő fehérje. Az IGF-1 a májban, izomban, bélben, vesében termelődik és a saját receptorain keresztül fejt ki hatását. Az IGF-1 klasszikus negatív visszacsatolás révén gátolja a növekedési hormon (GH) és a növekedési hormon serkentő hormon (GHRH) elválasztását. A *CPTIA* egy mitokondriális transzferáz enzim, a COX-2 (ciklooxygenáz-2) a prosztanoidok kialakulásáért felelős enzim, az *SLC22A5* egy membrán transzport fehérje, amely kapcsolatban van a karnitinhiány kialakulásával. A kutatók a yorkshire fajtával kapcsolatos adatok elemzése során azt találták, hogy a fialás idejére jelentős hatást gyakorol a *CPTIA*, az *IGFBP3* és az *IGFBP5* géneken belüli polimorfizmus. A lapály populációban 6 marker volt polimorf, amelyek az alomszám növekedésében játszottak szerepet. A *COX2* génen belüli polimorfizmus additív hatást mutatott az alomszámra, átlagosan 0,3 darabbal több malac született. Az *IGFBP1* gén mutációja 0,11-0,26 malaccal többet eredményezett az első fialás során. Az *IGFBP2* génen belüli pontmutáció additív hatása 0,09-0,16 darabbal növelte a született malacok számát, hasonlóan az *IGFBP2* génhez. Ezek az eredmények

alátámasztották, hogy a kandidáns gének feltárása alkalmas olyan markerek azonosítására, amelyek javítják a kocák reprodukciós teljesítményét, valamint felhasználhatóak a marker alapú szelekció során.

Hústermelés hatékonysága és a zsírlerakódás szempontjából az *IGF2* gén genetikai összetételét és változékonyságát vizsgálták házisertés fajtákban (nagyfehér, yorkshire, pietrain) és vaddisznóban MINDEKOVA et al. (2010b). A populációban mindössze két genotípust (AB és BB) mutattak ki, homozigóta AA genotípust nem. A pietrain fajtában és a vaddisznóban csak homozigóta BB genotípust detektáltak. A hústípusú fajtákban a B allél nagy gyakorisága (0,95) volt megfigyelhető.

3.9. A túlélés elemzés módszereinek alkalmazása a sertéstenyésztésben

A termelésben töltött idő hossza nagyon fontos mutató gazdasági, állományegészségügyi és állatjóléti szempontból a fenntartható állati termék előállításban. A termelési és szaporasággal összefüggő tulajdonságok alapján történő intenzív szelekció anélkül, hogy a funkcionális és a külső tulajdonságokat figyelembe vennék, a termelő állatok hasznos élettartamának rövidüléséhez vezethet (KNAUS, 2009; ENGBLOM et al., 2008). Az összes született malacsám vagy a választott malacok száma szintén mutatószám lehet a kocák hasznos élettartamának jellemzésére, de a fialások számának genetikai értékelése is beépíthető (MÉSZÁROS et al., 2010).

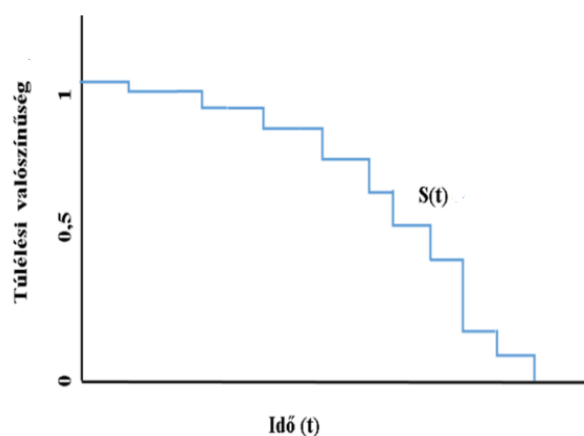
A túlélés az állatpopulációk méretének és jövőjének egyik fő meghatározója, így a túlélés becslése és modellezése meglehetősen nagy figyelmet kapott az ökológiai rendszerekben történő abundancia változásokat vizsgáló populációbiológiai kutatásokban is (HORVÁTH, 2008). Az állattenyésztésben a túlélés elemzés az adott telepen (vagy a teljes termelésben) töltött idő elemzésének módszere, melyet akkor érdemes használni, ha a vizsgálni kívánt tulajdonság egy adott esemény bekövetkezéséig eltelt időtartam (NAGY et al., 2002). Az esemény lehet az állat elpusztulása, valamilyen betegség kialakulása, vagy bármi, aminek bekövetkezési ideje pontosan meghatározható. A vizsgált tulajdonság az esemény jellegétől függően lehet termelésben töltött idő, illetve egészséges állapot fenntartásának időtartama.

Bár a kutatók a túlélést az állattani kutatásokban általában populációbiológiai paraméternek tekintik, valójában azonban ez az egyedek tulajdonsága. Mivel genetikai, demográfiai, ökológiai és környezeti tényezők hatnak az állatok túlélésére, így a modern túlélés elemzés célja, hogy számszerűsítsük ezeknek a tényezőknek az elhullásban

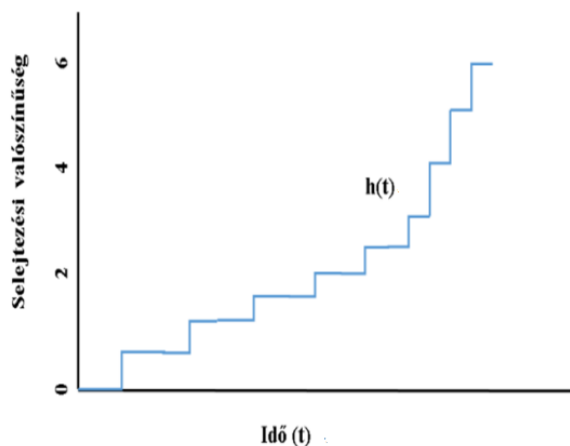
betöltött szerepét (MURAY és PATTERSON, 2006). A túlélési valószínűséget egyedi különbségek is befolyásolják, mint az életkor, nem, tömeg, genotípus, fenotípus, valamint a környezeti változók (telep típusa, berendezések minősége, stb.). Ezért a termelésben résztvevő állatok élettartam-dinamikájának megértéséhez nagyon fontos a túléléssel kapcsolatos hipotézisek különböző modellekkel történő tesztelése (LEBRETON et al., 1992). Túlélési tanulmányoknál az állatokat általában az analízis miatt különböző kategóriák szerint (pl. nem, kor, osztályok) csoportokba osztják, vagy az adatfeldolgozás egyedi folyamatos kovariánsokon alapul (pl. tömeg, kor, testi felépítés, kondíció), melyeket figyelembe kell venni a túlélés modellezésénél (COULSON és WOOLLER, 1976).

A kísérlet kezdete és az esemény bekövetkezése közötti időtartam mérhető többféleképpen pl. perc, óra, nap, hét, hónap vagy akár év. A kifejezés a túlélési idő (t) elemzésére utal, mely a megfigyelés első időpontjától az esemény bekövetkezésének időpontjáig tart (DUCROCQ, 1987). A modell előnye (szemben a regressziós modellekkel), hogy képes kezelni azokat az eseteket is, amelyeknél a vizsgálat időtartama alatt nem következett be az esemény, vagy csak egy ideig tudtuk követni az egyed útját, így azután nincs információnk az eset tényleges bekövetkezéséről (COX és OAKES, 1984). Az ilyen eseményeket csonkított, vagy cenzorált (HAJTMAN et al., 2003) eseményeknek hívjuk.

A túlélés becslés a rendelkezésre álló adatok alapján két függvényt állít elő, az eredmények értelmezése ezen függvények segítségével történik. Ezek az úgynevezett túlélési-, illetve kockázati függvények (19. ábra, 20. ábra).



19. ábra: Túlélési függvény általános alakja
Forrás: saját szerkesztés (2016)



20. ábra: Kockázati függvény általános alakja
 Forrás: saját szerkesztés (2016)

A túlélési függvény $[S(t)]$ alapján minden időegységre meg tudjuk adni azt a valószínűséget, ami megmutatja, hogy t idővel a kísérlet megkezdése után az esemény még nem következett be, azaz ekkor a kísérletben résztvevők túlélési ideje nagyobb, mint a kísérlet kezdetétől számított t időtartam (NAGY et al., 2002). Az esemény jellegétől függően a kockát még nem selejtezték le, az egyed még nem pusztult el, a betegség még nem alakult ki, stb. A folyamat 1 valószínűséggel megéri a 0. időpillanatot, ami azt jelzi, hogy a kísérlet kezdetekor az esemény még nem következett be. Ez a valószínűség csökken az idő függvényében. A túlélési függvény alakja szigorúan monoton csökkenő (20. ábra). A valószínűség nagysága az utolsó időpontban 0 is lehet, ami azt jelenti, hogy ha a megfigyelés nagyon sokáig tartana, az esemény minden résztvevő esetében bekövetkezhetne (DUCROCQ és SÖLKNER, 1998).

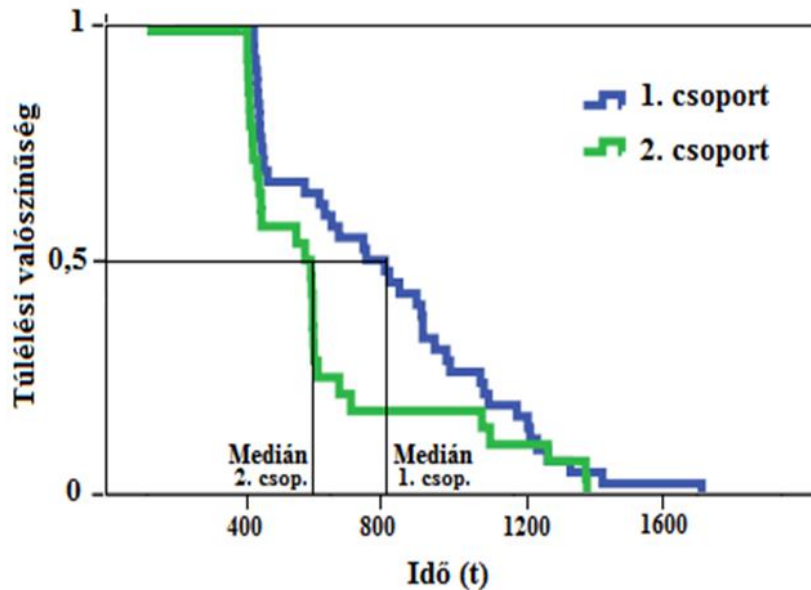
A túlélési függvénnyel ellentétben a kockázati függvény $[h(t)]$ már azt az időegységre vetített valószínűséget adja meg, mely szerint t idővel a kísérlet megkezdése után az esemény a következő időegységben bekövetkezik (KOVÁCS, 2006). Ezért a kockázati függvény az esemény bekövetkezését jellemzi. Segítségével számszerűsíteni tudjuk azt, hogy mi a valószínűsége annak, hogy t idővel a kísérlet megkezdése után a következő időpontig a kockát leselejtezzük, az egyed elpusztul, a betegség kialakul stb., azaz az esemény bekövetkezik. Értéke 0, illetve attól nagyobb szám lehet, ami a megfigyelés időpontjaitól függően is változik. A két függvényt ellentétesen kell értelmezni, minél nagyobb adott t időpontban a túlélési függvény értéke, annál kisebb lesz a kockázati függvény.

A túlélés elemzési eljárásokon belül megkülönböztetünk parametrikus és nem parametrikus módszereket. Parametrikus eljárásokat abban az esetben lehet alkalmazni, ha az $S(t)$ eloszlása pontosan ismert. Abban az esetben, amikor az eloszlást nem ismerjük, a nem parametrikus módszereket kell választanunk, melyek eloszlástól függetlenül tudják jellemezni a túlélési függvény paramétereit (DUCROCQ és SÖLKNER, 1998).

Az SPSS program két módszer alkalmazását is lehetővé tette, ezért mind a két nem parametrikus módszerrel elemeztem a különböző fajtájú és genotípusú kockák túlélési valószínűségét. Ez a két eljárás a Kaplan-Meier becslés, valamint a Cox-féle arányos kockázati modell.

3.9.1. Kaplan-Meier görbék

A módszert először súlyos betegségek eltérő kezeléseinek összehasonlítására KAPLAN és MEIER (1958) alkalmazta, amikor a vizsgált esemény egy beteg halála volt, illetve annak időpontja a kezeléstől számítva. Ebben az esetben az adatbázissal kapcsolatos magyarázó változók nem álltak rendelkezésre, és a megfigyelések egy adott esemény bekövetkezéséig eltelt időtartamra vonatkoztak minden más információ nélkül (BALOGH et al., 2006). A túlélés valószínűsége a túlélési idők szakaszokra bontása nélkül is közvetlenül becsülhető (DUCROCQ és SÖLKNER, 1998). Az egyes időszakokra vonatkozó túlélési arány számítására vagy a túlélési idő mediánjának meghatározására használhatjuk diszkrét időpontok esetén a Kaplan-Meier elemzést (SZŐKE, 2005).



21. ábra: Kaplan-Meier túlélési görbék két csoport esetén
 Forrás: Soltész (2015) alapján saját szerkesztés

A túlélési függvényre adott Kaplan-Meier görbék lépcsős alakúak (21. ábra). A lépcsőknél történik valamilyen esemény, és alkalmazhatók több különböző csoport esetén is, így megvizsgálhatóak az eltérő csoportokra jellemző túlélési idők. A görbék közötti távolság vizsgálatával vonhatunk le következtetéseket a túléléssel kapcsolatos eltérésekről. A függőleges különbség megadja, hogy egy adott időpontban az egyik csoport túlélési aránya mennyivel nagyobb egy másik csoporttal összehasonlítva. A vízszintes távolság számszerűsíti az eltérő csoportok között azt, hogy mennyivel később következik be ugyanaz a túlélési arány (KOVÁCS, 2009). Az SPSS programban különböző statisztikai tesztek segítségével össze tudjuk hasonlítani ezeket az eltéréseket (Gehan-Breslow, Mantel-Cox, Tarone-Ware próbák). A leggyakrabban alkalmazott a Mantel-Cox teszt, vagy más néven a log-rank próba. Ez a teszt érzékenyebb a megfigyelések végén lévő különbségekre (McGREADY, 2005), ezért akkor érdemes kiszámítani, amikor az idő előrehaladásával várhatóak a lényeges eltérések a valószínűségben.

3.9.2. Cox-regresszió

Ha a vizsgálat célja annak megállapítása, hogy a túlélés mennyire függ a különböző magyarázó (kockázati) tényezőktől, akkor a Cox-féle arányos kockázati modellt kell alkalmazni. COX (1972) azon feltevésre alapozta modelljét, mely szerint a kockázati függvény megadható egy, a követési időtől függő tényező (alapvető kockázati

függvény), valamint a magyarázó változók exponenciális függvényeinek szorzataként. Így a kockázati függvény annak a kockázatnak a mértékét adja meg, amely akkor számítható, ha a magyarázó változók hatását nem vesszük figyelembe (FOX, 2002). Cox a túlélési problémák vizsgálatára dolgozta ki a „proportional hazards” regressziós módszerét (más néven Cox modell). A vizsgált esemény kockázata a „hazard rate” (a kumulatív túlélési görbe meredeksége egy időintervallumban). A kockázatot úgyis definiálhatjuk, mint adott 't' időpontban a selejtezés, a halál vagy valamilyen esemény bekövetkezésének valószínűségét, amikor tudjuk, hogy az állat a 't' idő előtt még termel/él. Ha az egyik csoportban a halál kockázata kétszerese a másik csoportnak, akkor a kockázat állandó marad az egész vizsgálat folyamán, ennek következtében a két csoport hazard függvénye egymással arányos, proporcionális. Ez azt jelenti, hogy az első csoportban a halálesemény valószínűsége kétszer nagyobb, mint a másik csoportban (DINYA, 2001).

A Cox-regressziós modell a vizsgált magyarázó változók relatív kockázatát becsüli. Ennek jele: $h_0(t)$. Mivel a $h(t)$ kockázati függvény pozitív valós szám, ezért a transzformáltjának is pozitívnak kell lennie, így célszerű a magyarázó változók exponenciális függvényével transzformálnunk (PÖTTER és ROHWER, 2007):

$$h(t|x, \beta) = h_0(t)e^{x\beta},$$

ahol a h_0 az alapvető kockázati függvény, amikor minden kovariáns értéke nulla, az $x = (x_0, x_1, \dots, x_n)$ vektor koordinátái a modellben szereplő kategorizált, illetve folytonos változók, $\beta = (\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_n)$ vektor a magyarázó változók hatását kifejező regressziós együttható, t pedig az időtényező (KALBFLEISCH és PRENTICE, 1980).

A kapcsolatot mindig egy kockázatmentes (rizikófaktor mentes) csoporthoz, a baseline csoporthoz viszonyítjuk. A regressziós vizsgálat legfontosabb szempontja a β_i regressziós együtthatók meghatározása. A modell lényegében logisztikus modellnek is tekinthető (DINYA, 2001).

A Cox-modell eredményeként az ún. odds hányadost vagy esélyhányadost kapjuk meg (KLEINBAUM és KLEIN, 2012). Az odds hányados két esemény valószínűségének az arányát adja meg: esély abban az esetben, ha az esemény bekövetkezett, illetve ha az esemény nem következett be. Az odds hányados természetes alapú logaritmus a regressziós koefficiens (β). A kockázat értékelése szempontjából az e^β (exponenciális béta) értékeknek van jelentősége, amely az adott magyarázó változó egységnyi növekedéséhez tartozó relatív kockázat értékét adja meg. Amennyiben a β értéke 0-val

egyenlő, úgy a kockázat mértéke megegyezik az alapvető kockázattal (KOVÁCS, 2009). A negatív β érték azt jelenti, hogy a változóértékhez tartozó kockázat kisebb lesz az alapvető kockázatnál. Pozitív β érték esetén a változóértékhez tartozó kockázat nagyobb lesz az alapvető kockázatnál. A Wald-féle khi-négyzet próbát alkalmazzuk az együtthatók tesztelésére. A Cox-modellt sok szerző alkalmazta kockázati életteljesítményének vizsgálatára (DECALUWÉ, 2014; SANTOS et al., 2015; BALOGH et al., 2015).

4. Saját vizsgálatok

4.1. Anyag és módszer

4.1.1. Genetikai vizsgálatok

Mintavétel

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

A mintavételt egyszer használatos injekciós tű felhasználásával, 5 ml-es EDTA véralvadásgátlót tartalmazó műanyag vércsővekbe történt. Az 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).
- Lizis 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 csövekbe, 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 algsység 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	Feltapa- dási hőmér- séklet	Restrik- ciós enzim	Allélok mérete		Irodalom
			(bp)	(°C)		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 TAAG	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>	CGGCCGAGAATC CTGCTGC	ACCCCACTTGTA ACCCATCATCC	170	62	AluI	127	35 és 92	Cajdócsi et al. (2008)

A PCR kondíciók a következők voltak:

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

} 35 ciklus

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* gén, 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 gél 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 többszemponútú összehasonlítások vizsgálatára (LENTH 2016).

4.1.2. 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.

5. Eredmények

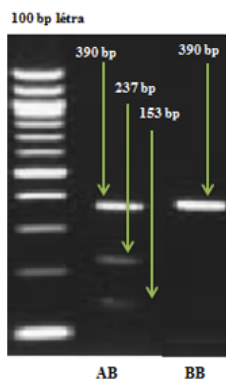
Az eredményeim ismertetésének első része a gazdaságos sertésenyésztésre nagy hatással levő, tizenegy tulajdonság tekintetében az általam vizsgált hét kandidáns gén polimorfizmusának elemzése. Először a telepen tartott magyar nagyfehér hússertés, duroc és pietrain fajtájú kocák adatait hasonlítottam össze, 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) selejtezőskori napjaira számszerűsítettem az úgynevezett túlélési ($[S(t)]$), és hazard ($[h(t)]$) függvényeket. Kockázati rátákat számítottam, melyek alapján az ugyanazon a telepen tartott fajták élettéljesítményeit és túléléseit értékeltem.

5.1. A vizsgált gének elemzésének eredményei

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

5.1.1.1. A properdin gén (BF) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata



22. ábra: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az SmaI enzimmel történő emésztést követően

A sertésállományokban a properdin (*BF*) gén két allélját azonosítottam, A és B allélt (22. ábra). 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% (1. melléklet, 124. oldal). WANG et al. (2008) és MARATIDIS et al. (2013) hasonló eredményre jutott A (0,13) és B (0,86), valamint A (0,11) és B (0,89) allél gyakorisággal.

A kocákban AB és BB genotípust tapasztaltam (23. ábra). 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. Az AA genotípus hiányát mutatták ki MARATIDIS et al. (2013) is nagyfehér x lapály kocaállomány pietrain x duroc kanokkal keresztezett sertésállományában. A homozigóta egyedek 80%-ot tettek ki, az AB genotípusúak 20%-

ot. Pekingi fekete sertés kocaállományban mindhárom genotípus kimutatható volt WANG et al. (2008) kísérlete során. Az állomány BB genotípusú egyedei 74,14 %-ot tettek ki, az AB genotípusok 24,30 %-ot. A fennmaradó kocák (kevesebb, mint 2%) voltak AA homozigóta egyedek, igen kis arányt képviseltek.

Gén és fajta kapcsolata

2. táblázat: Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a properdin gén esetében

Gén	Tulajdonság	Fajta	Korrigált átlag*	Átlag hibája
Properdin gén	Holtan született malacok száma (db)	magyar nagyfehér	1,66 <i>a</i>	0,36
		duroc	5,00 <i>b</i>	1,09
		pietrain	6,38 <i>b</i>	1,00
	Élve született malacok száma (db)	magyar nagyfehér	11,08 <i>b</i>	0,21
		duroc	9,18 <i>a</i>	0,63
		pietrain	9,05 <i>a</i>	0,57
	Holtan született malacok számának átlaga (db)	magyar nagyfehér	0,30 <i>a</i>	0,07
		duroc	1,06 <i>b</i>	0,20
		pietrain	1,36 <i>b</i>	0,18
	21 napos kori választott malacsám átlaga (db)	magyar nagyfehér	9,93 <i>b</i>	0,13
		duroc	8,34 <i>a</i>	0,41
		pietrain	8,74 <i>a</i>	0,37

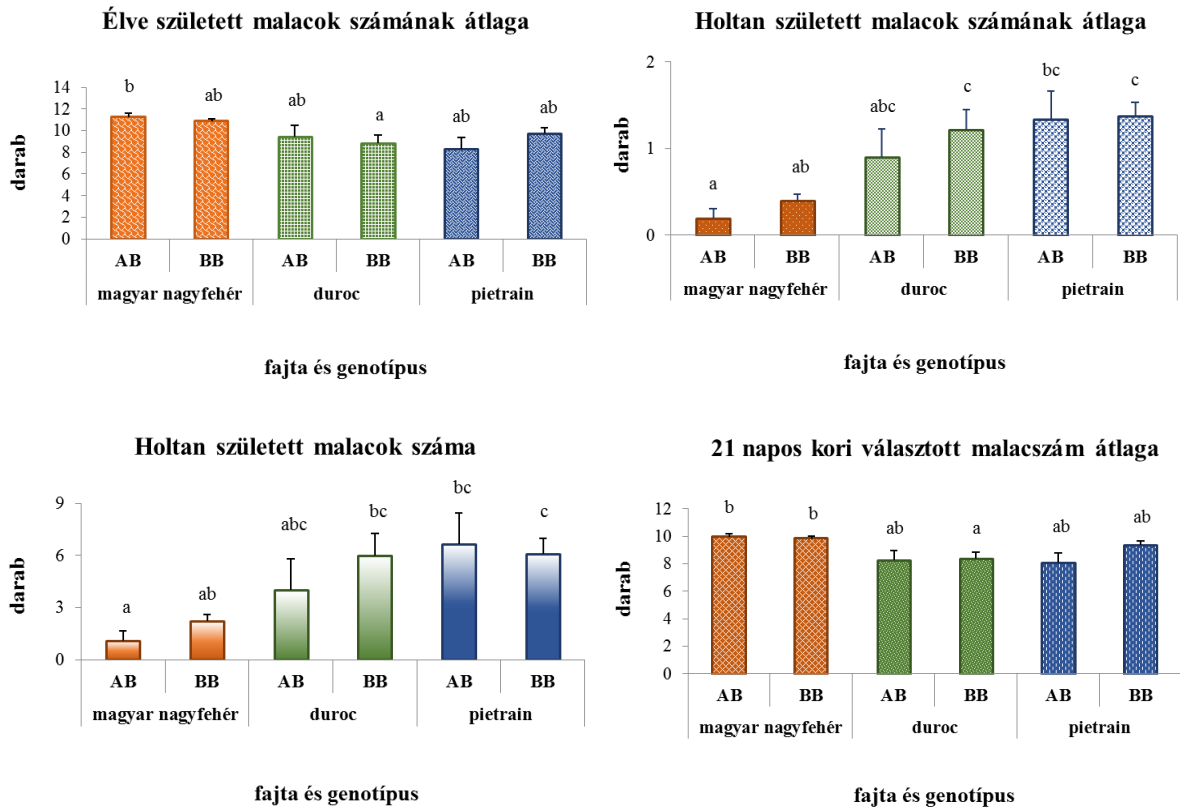
*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A statisztikai elemzés eredményei szerint a magyar nagyfehér sertéseknél szignifikánsan kevesebb volt a holtan született malacok száma (2. táblázat), 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 (2. melléklet, 125. oldal).

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 nőivaró tenyészállatok 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



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

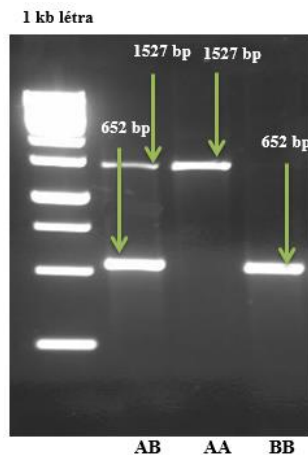
A properdin gén polimorfizmusa szignifikáns különbséget eredményezett a holtan született malacok számában és átlagában, az élve született malacok átlagában és a választáskori malacszámban (23. ábra). A magyar nagyfehér és a duroc fajták esetében az AB genotípusok mutattak kedvezőbb eredményeket a holtan született malacok száma és átlaga tulajdonságoknál. A heterozigóta magyar nagyfehér és duroc kocák élve született malacszámainak átlagai megelőzték a pietraint. A választáskori malacsám azonban a magyar nagyfehér fajtát kivéve a BB genotípusban volt magasabb (2. és 9. melléklet, 125. és 132. oldal).

WANG et al. (2008) az élve született malacsám adataiban az eredményeinkhez hasonlóan az NBA-ban szignifikáns különbséget talált, az AB kocák teljesítménye felülmúlta a homozigóta egyedekét pekingi fekete sertésállományban.

A BB genotípusú kocák bírtak jobb tulajdonságokkal az összes született malacszámban és az élve született malacszámban nagyfehér x lapály koca pietrain x duroc kanokkal keresztezett állományában MARATIDIS et al. (2013) eredményei szerint. Hasonló

tendenciát állapítottak meg BUSKE et al. (2005) a nagyfehér x lapály x leicome F2 sertéseknél.

5.1.1.2. Az epidermális növekedési faktor gén (EGF) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata



24. ábra: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe

Az *EGF* gén két allélja (A és B) mindhárom fajtánál kimutatható volt (24. ábra). 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% (1. melléklet, 124. oldal)

Lengyel lapály és nagyfehér kocákban KORWIN-KOSSAKOWSKA et al. (2005) A (0,3), B (0,7) értéken tapasztalták az allélfrekvenciát. MUCHA et al. (2013) a

lengyel nagyfehér fajtában az A allél gyakoriságát 82,6 %-nak találták, a B alléllét 17,4 százaléknak. Lengyel lapály fajtában az A allél 79%, a B allél 21% gyakorisággal volt jelen.

Mindhárom genotípust kimutattam a magyar nagyfehér fajtában és a duroc állományban, azonban a pietrain kocákban csak az AB és a BB fordult elő (24. 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%-ot, a heterozigóták 22,2% arányt mutattak. A pietrain kocák 93,3 százaléka a BB genotípushoz tartozott, 6,7%-a pedig heterozigóta volt.

MUCHA et al. (2013) lengyel nagyfehér fajta vizsgálatokor azt tapasztalták, hogy az AA genotípust hordozó kocák aránya volt a legmagasabb (69,4 %), ezt követte az AB típusúak (26,4 %), majd a BB genotípusúak (4,2 %) aránya. A lengyel lapály kocákban a genotípusok arányát AA:61,4%, AB:34,9% és BB 4,9 %-ban detektálták.

3. táblázat: Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei az epidermális növekedési faktor gén esetében

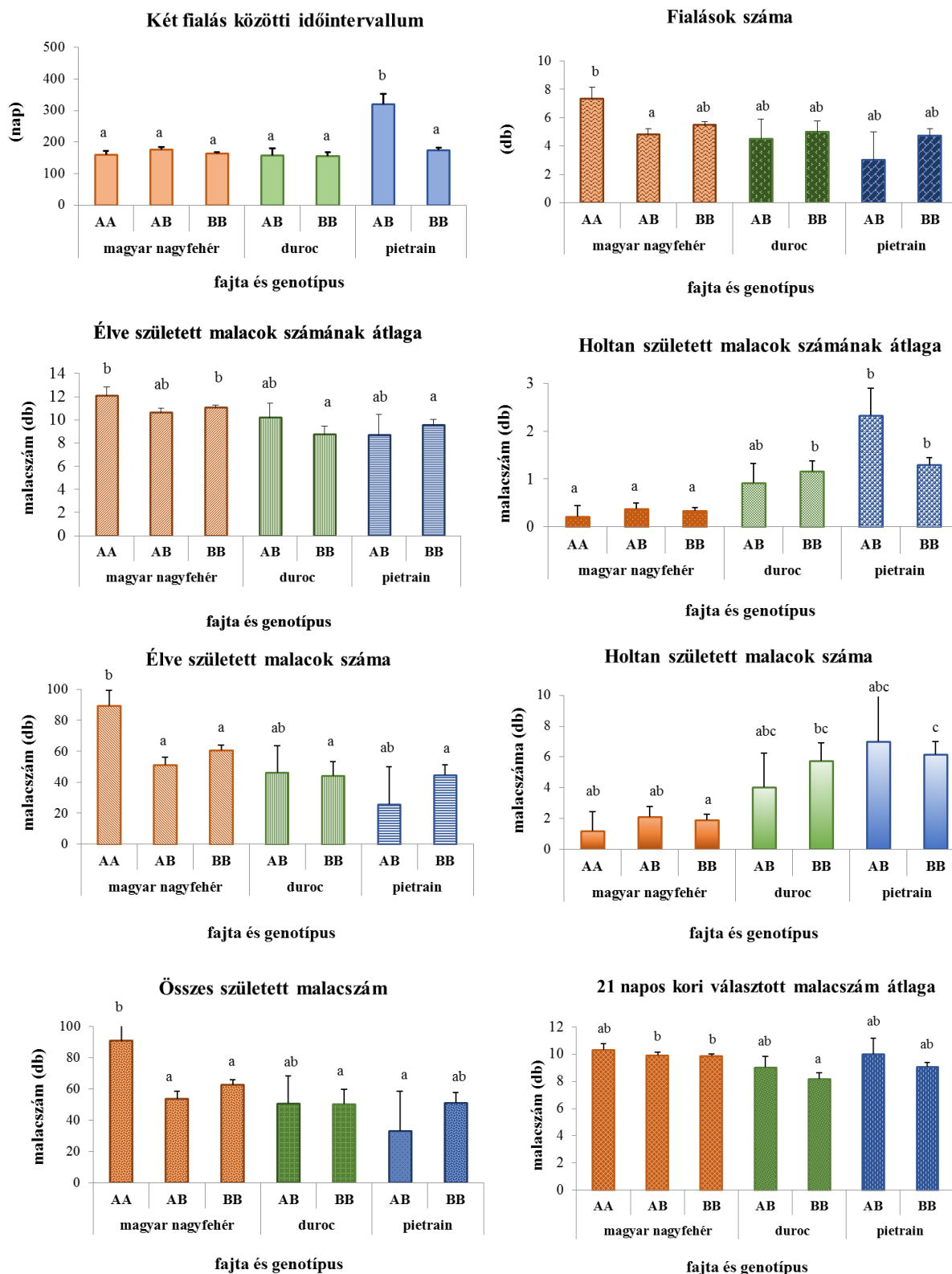
Gén	Tulajdonság	Fajta	Korrigált átlag*	Átlag hibája
Epidermális növekedési faktor gén	Két fialás között eltelt idő (nap)	magyar nagyfehér	166,53 <i>a</i>	4,98
		duroc	157,20 <i>a</i>	12,67
		pietrain	247,09 <i>b</i>	16,36
	Holtan született malacok száma (db)	magyar nagyfehér	1,72 <i>a</i>	0,50
		duroc	4,86 <i>ab</i>	1,27
		pietrain	6,57 <i>b</i>	1,63
	Holtan született malacok számának átlaga (db)	magyar nagyfehér	0,31 <i>a</i>	0,09
		duroc	1,04 <i>b</i>	0,23
		pietrain	1,82 <i>b</i>	0,29
	21 napos kori választott malacsám átlaga (db)	magyar nagyfehér	10,01 <i>b</i>	0,18
		duroc	8,59 <i>a</i>	0,47
		pietrain	9,53 <i>ab</i>	0,61

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A fajták közötti szignifikáns különbségek a két fialás közt eltelt időintervallumban, a holtan született malacok számában és átlagában, és a választáskori malacszámban nyilvánultak meg (3. táblázat).

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 húsertés esetében lényegesen kevesebb a holtan született malacok száma, mint pietrain kocáknál (-4,85 malac; $P \leq 0,016$). 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 húsertés kocáknál (0,734 malac; $P \leq 0,01$). Szignifikánsan 1,43 malaccal ($P \leq 0,017$) magasabb átlagos malacsámot mutattak 21 napos korban a magyar nagyfehér húsertések, mint a duroc kocák (3. melléklet, 126. oldal).

A két fialás közötti időintervallum 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 (25. ábra).



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

A fialások száma tulajdonságban a magyar nagyfehér hússertés 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 (25. ábra).

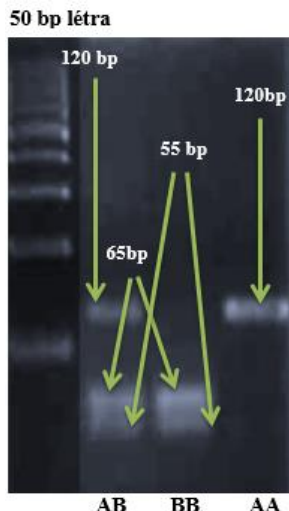
A homozigóta AA egyedek 39,44 darabbal ($P \leq 0,001$) fialtak több élő malacot, mint a homozigóta BB kocák és 48,19 ($P \leq 0,003$) malaccal többet, mint a heterozigóta AB genotípusúak (3. és 9. melléklet, 126. és 132. oldal). Ugyanez az eredmény volt tapasztalható az összes született malacsám tulajdonságnál: 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* alléloknak egyéb tulajdonságokra is hatása lehet: a két fialás között eltelt időre és az alomszáma. 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 a homozigóta AA állatok ugyanezen tulajdonságát szignifikánsan 59,47 nappal ($P \leq 0,005$) haladták meg. A legnagyobb alomszámot az AA genotípusúak mutatták. Az AA-AB genotípusúak alomszáma közötti különbség szignifikáns volt, (3,22 malac, $P \leq 0,018$), ugyanígy az AA-BB genotípusok közötti (2,27 malac, $P \leq 0,031$).

A legtöbb 21 napos korú malac a magyar nagyfehér hússertés AA genotípusú kocáknál volt tapasztalható. A duroc és a pietrain fajtánál - az AA genotípus hiánya miatt - az AB mutatta ugyanezt az eredményt.

KORWIN-KOSSAKOWSKA et al. (2005) lengyel lapály és lengyel nagyfehér fajtáknál szignifikáns különbséget találtak a született malacsámok ($P \leq 0,01$) és az élve született malacsámok ($P \leq 0,05$) között. Mindkét tulajdonságban az AA genotípusú kocák mutattak nagyobb teljesítményt.

Szintén lengyel lapály és lengyel nagyfehér fajtáknál vizsgálta a gén polimorfizmus hatását MUCHA et al. (2013). Eredményei azonban azt mutatták, hogy a BB genotípusú kocáknál volt magasabb az élve született malacok száma, valamint a 21 napos kori alomszám is.

5.1.1.3. Az ösztrogén receptor gén (*ESR*) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata



26. ábra: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az PvuII enzimmel történő emésztést követően

A magyar nagyfehér fajtában az *ESR* gén A és B allélját detektáltam A (0,62) és B (0,38) gyakorisággal (26. ábra). A pietrain kocákban A (0,90) és B (0,10) volt az allélok gyakorisága. A duroc fajta egyedeiben B allélt nem találtam (1. melléklet, 124. oldal).

A HOROGH et al. (2005) által vizsgált magyar nagyfehér állományban az A allél frekvenciáját 0,07%-kal kevesebbnek találták az általam tapasztaltnál (A:0,55). Megfigyelésük szerint az AA genotípus gyakorisága 31%, a heterozigótáké 48% és a B homozigótáké 21% volt.

WU et al. (2006) az allélfrekvenciákat A (0,88), B (0,12) értékeken állapították meg. Nagyfehér és nagyfehér keresztezett populációban az A allél gyakoriságát 49%-nak, a B allélt 51%-nak találták előhasi kocák esetében, a többször fiatal egyedeknél 57%-ra emelkedett a B allél aránya (SHORT et al., 1997).

Szláv fekete sertésekben EKERT KABALIN et al. (2013) ugyancsak két allélt azonosítottak, A (0,73) és B (0,27) gyakorisággal. BALATSKY et al. (2012) angol és ukrán nagyfehér, nagy fekete, poltavai hússertés, pietrain és meishan fajták vizsgálata során azt tapasztalták, hogy az allélgyakoriságok változóan alakultak a fajtáktól függően, pl. angol nagyfehér: A (0,56), B (0,44), pietrain: A (0,83), B (0,17), meishan: A (0,60), B (0,40), poltavai: A (0,93), B (0,07).

MENCIK et al. (2012) TOPIGS 20 hibridben is A és B allél előfordulását tapasztalták, A (0,67) és B (0,33) allélfrekvenciával.

Két genotípust (AA, AB) határoztam meg a vizsgált állományban (1. melléklet, 124. oldal). 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.

ROTHSCHILD et al. (1996) keresztezett meishan populációban, SHORT et al. (1997) nagyfehér és nagyfehér keresztezett populációban, valamint WU et al., (2006) és TRAKOVICKÁ et al. (2006) lapály egyedeknél is AA, AB és BB genotípust tapasztaltak. EKERT KABALIN et al. (2013) szláv fekete sertés populációban

mindhárom genotípust kimutatta. Az AA homozigóta egyedek a populáció több mint felét alkották (54%), a heterozigóták a 38%-át és a BB genotípusok a 8%-át.

BALATSKY et al. (2012) angol nagyfehér húsertés fajtában a genotípusok gyakoriságát AA 31,4%, AB 49,3%, BB 19,3%-ban határozták meg. Ugyanez a pietrain állományban AA 68,9%, AB 28,2%, BB 2,90% értékeket mutatott. A meishan a nagyfehérhez hasonló volt: AA 36%, AB 48%, BB 16%. A poltavai húsertésben volt a legmagasabb az AA genotípus aránya: 85,7% (AB 13,7%, BB 6%). MENCİK et al. (2012) vizsgálatában a TOPIGS 20 hibridben a genotípusok közül az A allélt hordozók 90% arányban, a homozigóta B egyedek csak 10%-ban voltak jelen a populációban.

GOLIÁSOVÁ és DVORÁK (2004) cseh nagyfehér és lapály sertésfajtákat vizsgált, a nagyfehér állományban a B allél gyakorisága 0,51% volt, a lapály kanok között 2%, lapály kocákban 3%. A nagyfehér sertésben a B allél gyakorisága emelkedést mutatott az évek előrehaladásával, a lapály fajtánál viszont csökkenést.

4. táblázat: Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei az ösztrogén receptor gén esetében

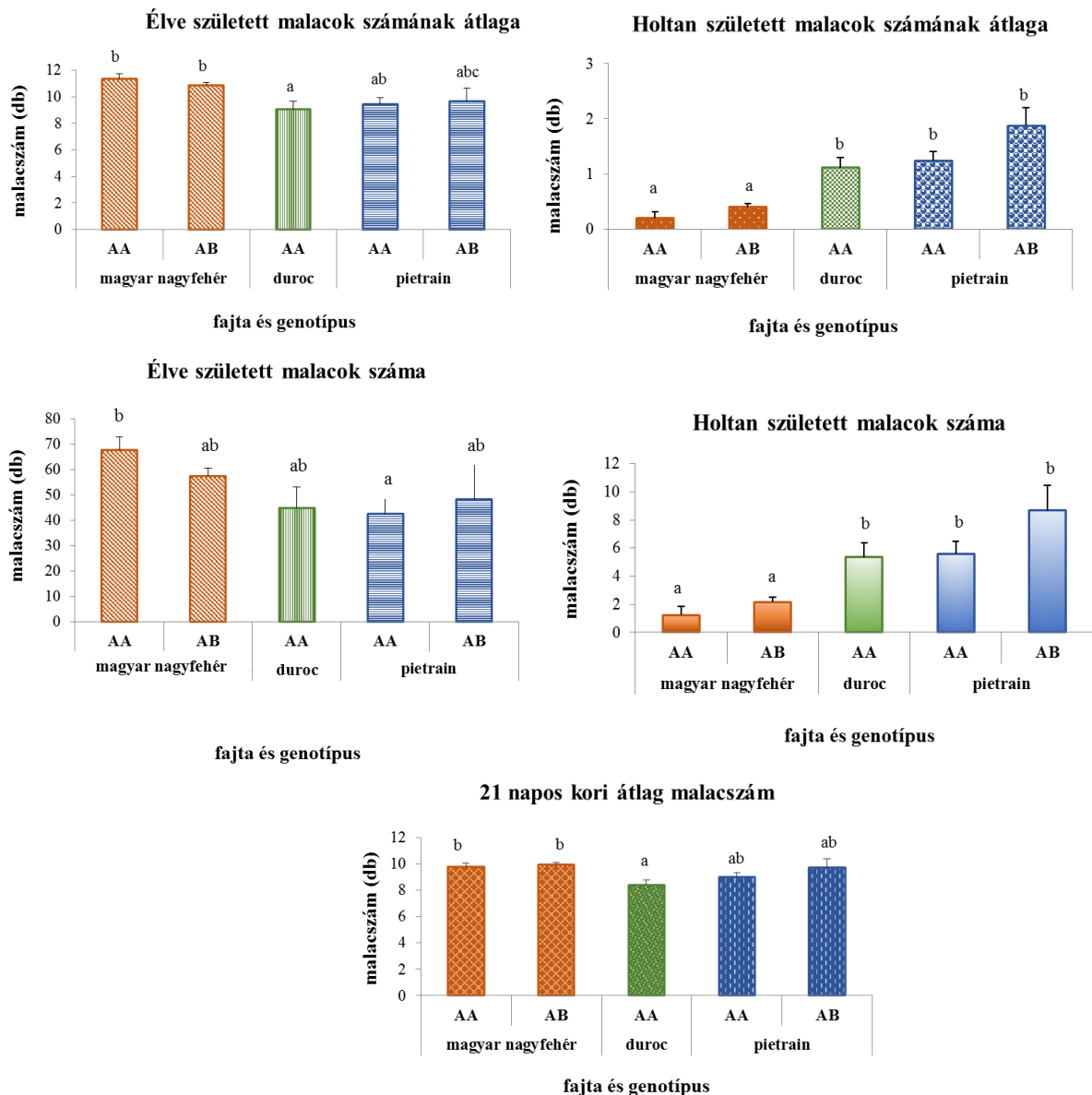
Gén	Tulajdonság	Fajta	Korrigált átlag*	Átlag hibája
Ösztrogén receptor gén	Holtan született malacok száma (db)	magyar nagyfehér	1,68 <i>a</i>	0,37
		duroc	5,33 <i>b</i>	1,03
		pietrain	7,13 <i>b</i>	0,99
	Élve született malacok számának átlaga (db)	magyar nagyfehér	11,13 <i>b</i>	0,21
		duroc	9,07 <i>a</i>	0,59
		pietrain	9,54 <i>a</i>	0,57
	Holtan született malacok számának átlaga (db)	magyar nagyfehér	0,29 <i>a</i>	0,07
		duroc	1,11 <i>b</i>	0,19
		pietrain	1,56 <i>b</i>	0,18
	21 napos kori választott malacszám átlaga (db)	magyar nagyfehér	9,86 <i>b</i>	0,14
		duroc	8,36 <i>a</i>	0,39
		pietrain	9,33 <i>ab</i>	0,38

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

Az *ESR* gén adatainak statisztikai elemzése azt mutatta, hogy a magyar nagyfehér kocák esetében az átlagos élve született malacszám 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 (4. táblázat). Ez 22%-kal haladta meg a duroc kocák eredményeit és 16%-kal a pietrain utódok számát (4. melléklet, 127. oldal).

A magyar nagyfehér kocák a termelésben eltöltött idejük alatt kevesebb holt malacot hoztak világra, mint a duroc és a pietrain fajták 3,65, illetve 5,45 darabbal ($P \leq 0,003$ 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 pietrain 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.



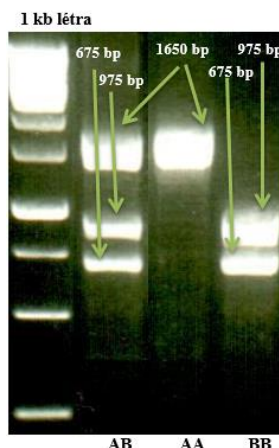
27. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban az *ESR* gén esetében

Az AA genotípusú kocák kevesebb holt malacot fialtak, mint az AB kocák (27. 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 (4. és 9. melléklet, 127. és 133. oldal). Hasonló eredményről számoltak be GOLIÁSOVÁ és WOLF et al. (2004) cseh nagyfehér sertések vizsgálatakor. Az AA kocák 0,5 darabbal több malacot fialtak esetenként, mint a BB genotípusú kocák. A fialások átlagában ez a különbség 0,25 malacra csökkent.

ROTHSCHILD et al. (1996) eredményei szerint a legkedvezőbb alomszámot a BB homozigóta egyedek eredményezték a keresztezett meishan kocáknál. A lapály populációban hasonló hatást detektáltak WU et al. (2006), a BB genotípusú kocák jobb eredményeket mutattak TNB és NBA tulajdonságokban. Ugyanezt igazolta az Állattenyésztési Kutatóintézetben dolgozó kutatócsoport (NET12) nagyfehér fajtákban, ugyanis a BB homozigóta típusú kocák esetében nagyobb volt a TNB, az NBA és az N21D. Szláv fekete sertésekben EKERT KABALIN et al. (2013) az összes született malacsám és az élve született malacok számának értékelésekor azt tapasztalták, hogy a BB genotípusú kocák eredményei meghaladták az AA és az AB genotípusú állatokét.

MENCIK et al. (2012) TOPIGS 20 hibrid vizsgálatánál azt az eredményt kapták, hogy az összes született malacsám tulajdonságban a BB genotípusú kocák voltak a legjobbak, de ezzel párhuzamosan a holtan született malacok száma a legmagasabb értéket érte el. Az élve született malacok számát tekintve az AA kocák fialtak a legtöbbet, azonban náluk jelent meg a legtöbb mumifikálódott magzat.

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



28. ábra: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az α TaqI enzimmel történő emésztést követően

Az *FSH β* gén A és B allélját detektáltam (28. ábra) 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% (1. melléklet, 124. oldal). A vizsgált duroc sertések között csak BB homozigóta egyedek voltak. A

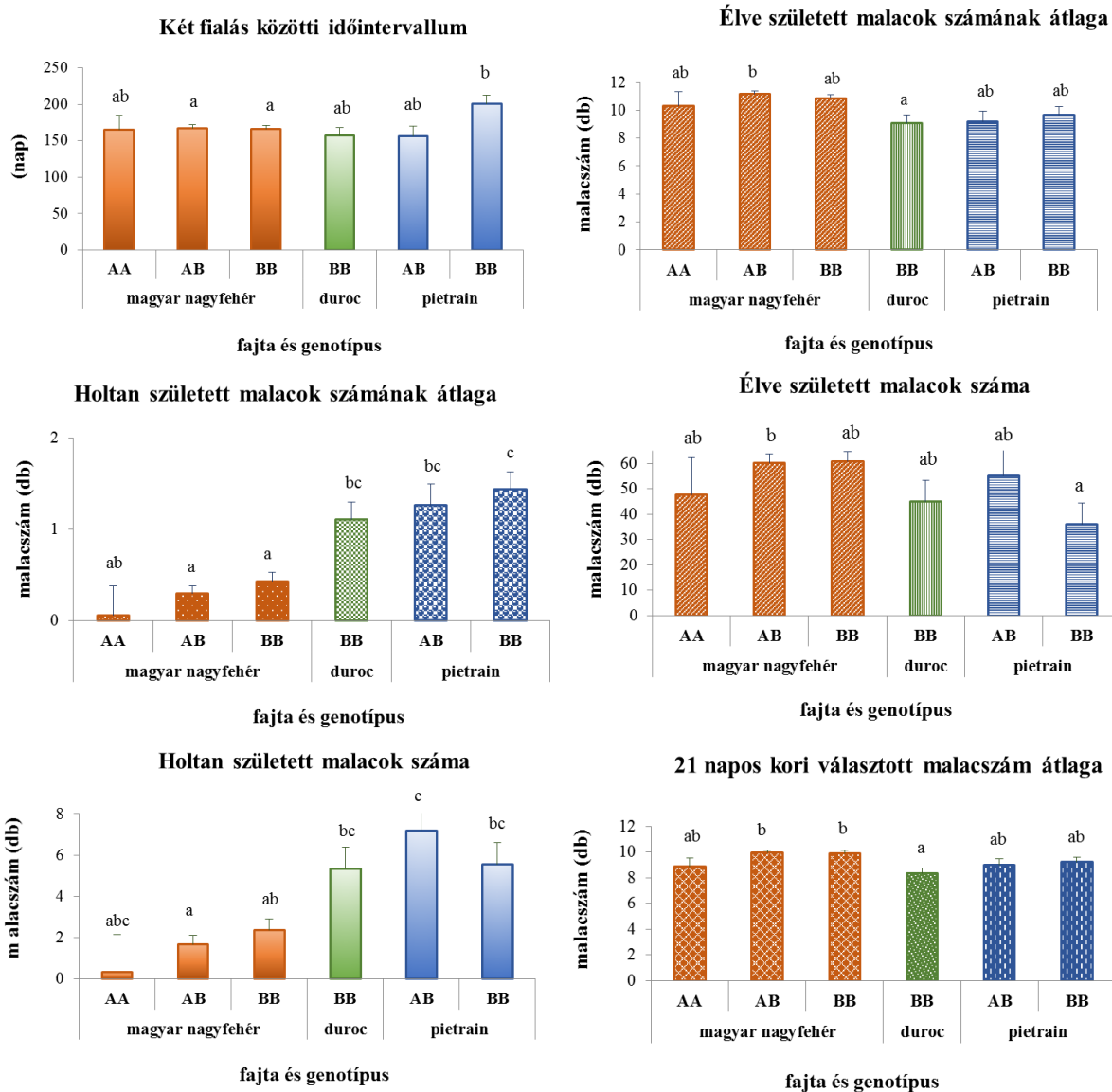
pietrain csoportban ugyancsak hiányzott az AA genotípus, de a 60% homozigóta egyed mellett 40% AB genotípus is fellelhető volt. LIU et al. (2000) nagyfehér x meishan, valamint LI et al. (2008) kínai sertésfajták esetében ugyancsak három genotípust mutattak ki.

5. táblázat: Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a follikulusztimuláló hormon béta alegység gén esetében

Gén	Tulajdonság	Fajta	Korrigált átlag*	Átlag hibája
Follikulusztimuláló hormon béta alegység gén	Holtan született malacok száma	magyar nagyfehér	1,46 <i>a</i>	0,64
		duroc	5,33 <i>b</i>	1,03
		pietrain	6,36 <i>b</i>	0,82
	Holtan született malacok számának átlaga	magyar nagyfehér	0,26 <i>a</i>	0,12
		duroc	1,11 <i>b</i>	0,19
		pietrain	1,35 <i>b</i>	0,15
	21 napos kori választott malacsám átlaga (db)	magyar nagyfehér	9,58 <i>b</i>	0,24
		duroc	8,36 <i>a</i>	0,39
		pietrain	9,09 <i>ab</i>	0,31

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

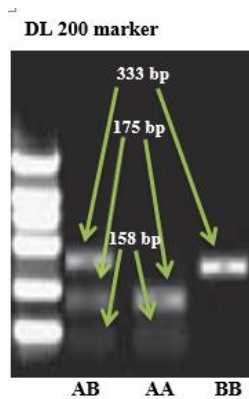
Az *FSH β* génre vonatkozó adatok elemzése során (5. táblázat) a számítások azt igazolták, hogy a magyar nagyfehér kocák több malacot neveltek fel. Magasabb volt a 21 napos kori átlagos választott malacsám 1,22 malaccal ($P \leq 0,026$) a duroc és 0,48 malaccal ($P \leq 0,647$) a pietrain fajtához képest. 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 fajtánál. 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 (5. melléklet, 128. oldal).



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

A holtan született malacok számának adatai (29. ábra) azt mutatják, hogy a legjobban az AA genotípusok szerepeltek (5. és 9. melléklet, 128. és 133. oldal). 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. LUORENG et al. (2007) pekingi fekete sertés esetében hasonló eredményt kaptak.

5.1.5. A H2A hiszton család Z tagjának (H2A.Z) génje (H2AFZ) polimorfizmusai és a tulajdonságok kapcsolata



30. ábra: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe a Bsu15I enzimmal történő emésztést követően

Két allélt detektáltam a *H2AFZ* génnek (30. ábra). 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 eltérő A (0,44) és B (0,56) értékekkel. (1. melléklet, 124. oldal).

ZHANG et al. (2009) meishan és hezuo állományban nem tapasztalt A allélt. A huainan, a bamei és a nagyfehér x meishan F2 populációkban az A allél csak 9-21% arányban fordult elő. A nagyfehér fajtákban 63% A allélt detektáltak, ami alacsonyabb volt az általam mértnél. A lapály fajtában detektálták a legmagasabb A allél arányt, 69%-ot. 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%.

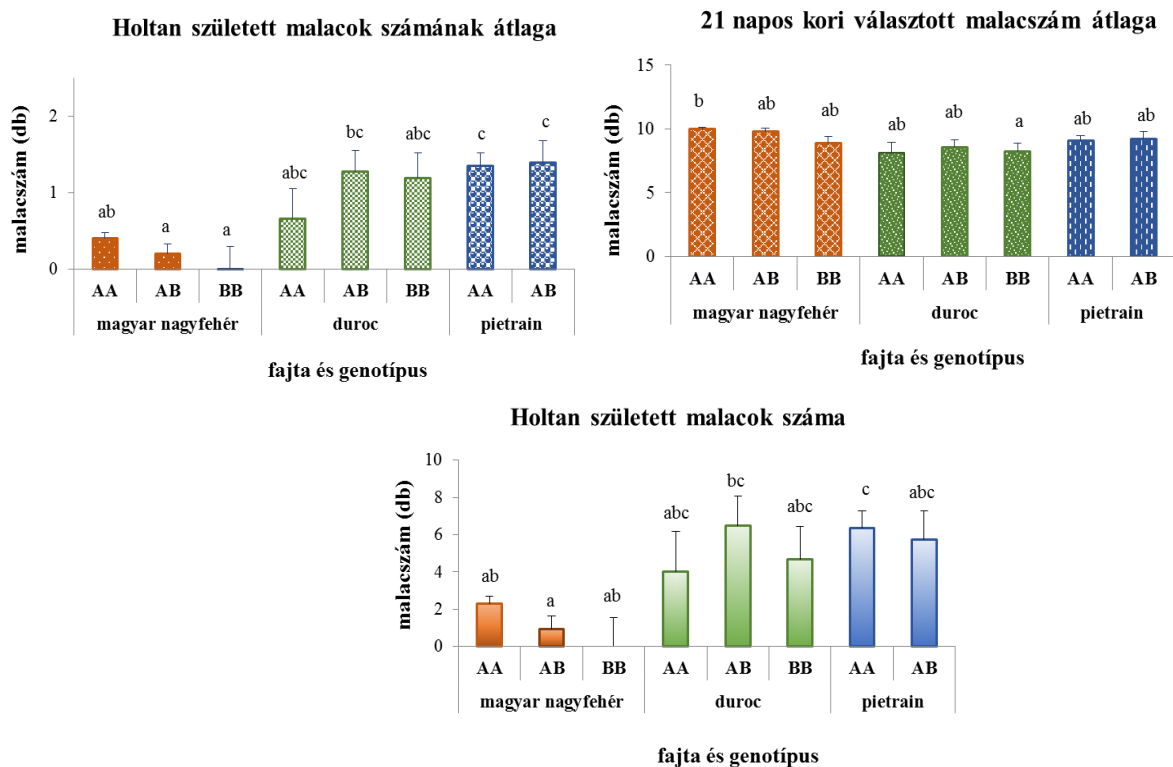
6. táblázat: Az egyes termelési paraméterek fajta szerinti szignifikáns különbségei a H2A hiszton család Z tagjának génje esetében

Gén	Tulajdonság	Fajta	Korrigált átlag*	Átlag hibája
H2A hiszton család Z tagjának génje	Holtan született malacok száma	magyar nagyfehér	1,08 <i>a</i>	0,58
		duroc	5,06 <i>b</i>	1,07
		pietrain	6,06 <i>b</i>	0,90
	Élve született malacok átlaga	magyar nagyfehér	11,11 <i>b</i>	0,34
		duroc	8,94 <i>a</i>	0,63
		pietrain	9,54 <i>a</i>	0,53
	Holtan született malacok átlaga	magyar nagyfehér	0,20 <i>a</i>	0,11
		duroc	1,04 <i>b</i>	0,20
		pietrain	1,38 <i>b</i>	0,17
	21 napos kori választott malacszám átlaga (db)	magyar nagyfehér	9,56 <i>b</i>	0,22
		duroc	8,31 <i>a</i>	0,40
		pietrain	9,14 <i>ab</i>	0,34

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A fajthatást vizsgálva azt tapasztaltam, hogy a duroc és a pietrain kocák esetében (6. táblázat) alacsonyabb volt az élve született malacok átlagszáma a magyar nagyfehér

fajtához viszonyítva (6. melléklet, 129. oldal). 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 malacszám átlaggal teljesítették túl a duroc nőivarú tenyészállatok utódait és 1,18 malaccal ($P < 0,001$) a pietrain kocákét. A választáskori, 21 napos átlagos malacszám adatai a magyar nagyfehér fajta jobb szaporaságát és malacnevelő képességét bizonyították. Az almokból átlag 1,24 malaccal több ($P \leq 0,024$) utódot neveltek fel, mint a duroc kocák, és 0,42 malaccal ($P \leq 0,917$) haladták meg a pietrain fajta átlagát.



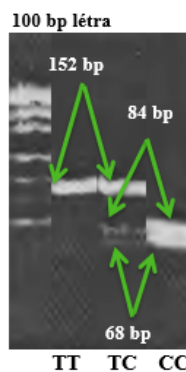
31. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *H2AFZ* esetében

Az AA, AB és BB genotípusok megtalálhatóak voltak a magyar nagyfehér és a duroc fajtában, a pietrain csoportból hiányoztak a BB homozigóta egyedek. ZHANG et al. (2009) minden általuk vizsgált fajtában (pl. nagyfehér x meishan F2, nagyfehér, meishan) meghatározták az AA, az AB és a BB genotípusokat. A holtan született malacok legalacsonyabb számát és átlagát (31. ábra) is a BB nagyfehér kocák és az AB duroc sertések produkálták (6. és 9. melléklet, 129. és 133. oldal). A tendencia hasonló

ZHANG et al. (2009) eredményeivel, ahol a DIV vonalak BB típusú kocáinál volt legmagasabb az összes született malacsám, az élve született malacok tekintetében pedig az AB kocák mutatták a legjobb eredményeket.

A malacnevelő képesség tekintetében az AA nagyfehér kocák, valamint az AB duroc és pietrain fajták bizonyultak a legeredményesebbeknek.

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



32. ábra: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe a *Hinf*I enzimmel történő emésztést követően

A leptin gén analízise során T és C allélt ismertem fel (32. ábra). Mindhárom fajtában hasonló arányban szerepeltek az allélok (2. táblázat). 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 (1. melléklet, 124. oldal). A gyakoriságok hasonlóak voltak a TERMAN et al. (2005) által bemutatotthoz, akik azt tapasztalták, hogy a T allél gyakorisága 89%, a C allélé pedig 11% lengyel nagyfehér x lengyel lapály populációban.

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.

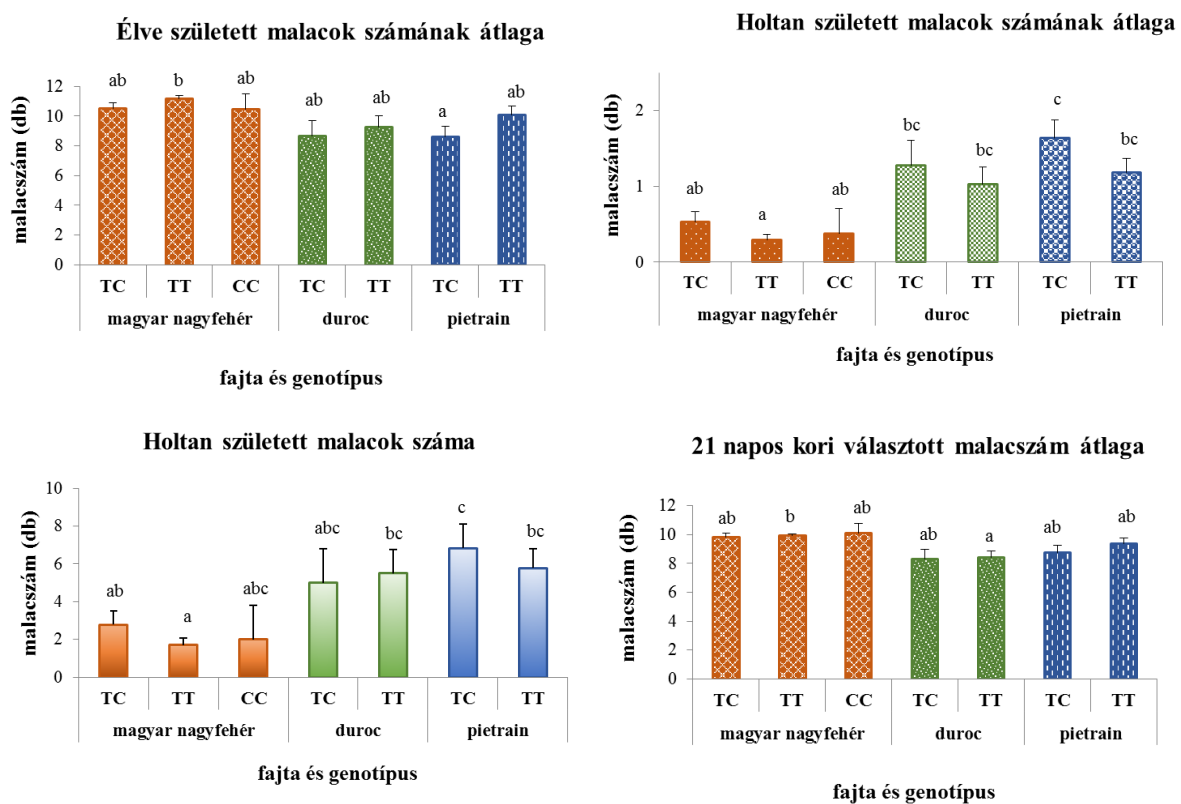
7. táblázat: Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a leptin gén esetében

Gén	Tulajdonság	Fajta	Korrigált átlag*	Átlag hibája
Leptin gén	Holtan született malacok száma	magyar nagyfehér	2,16 <i>a</i>	0,66
		duroc	5,25 <i>ab</i>	1,11
		pietrain	6,31 <i>b</i>	0,82
	Holtan született malacok átlaga	magyar nagyfehér	0,40 <i>a</i>	0,12
		duroc	1,15 <i>b</i>	0,20
		pietrain	1,41 <i>b</i>	0,15
	21 napos kori választott malacsám átlaga (db)	magyar nagyfehér	9,93 <i>b</i>	0,25
		duroc	8,35 <i>a</i>	0,42
		pietrain	9,06 <i>ab</i>	0,31

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A *LEP* gén polimorfizmusaira vonatkozó adatok elemzése azt mutatta (7. táblázat), hogy a magyar nagyfehér húsertés a többi vizsgált fajtánál kevesebb holt malacot hozott világra (7. és 9. melléklet, 130. és 134. oldal). 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 ($P < 0,001$) fiatal kevesebb holt malacot (7. melléklet, 130. oldal).

A magyar nagyfehér kocák választáskori malacszáma 1,59 malaccal ($P \leq 0,004$) volt több a pietrain, és 0,88 ivadékkal ($P \leq 0,087$) több a duroc fajtához viszonyítva.



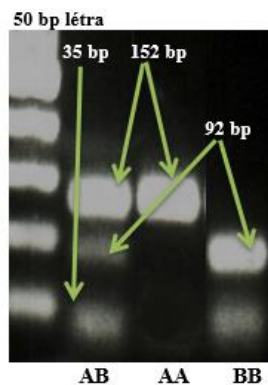
33. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *LEP* gén esetében

A magyar nagyfehér húsertés csoportban TC, TT és CC genotípusú kocákat detektáltam (7. és 9. melléklet, 130. és 134. oldal). 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 fiatalok 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 malacszámában is.

TERMAN et al. (2005) lengyel nagyfehér x lengyel lapály keresztezett állományban az összes született malacszámot (TNB), az élve született malacszámot (NBA), valamint a választott malacok számát (NW) mérték. A CT heterozigóta egyedek mutatták a legjobb eredményeket a vizsgált tulajdonságok tekintetében.

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



34. ábra: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az AluI enzimmel történő emésztést követően

A *PRLR* gén polimorfizmus vizsgálata során két allélt mutattam ki (34. ábra). 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 (1. melléklet, 124. oldal).

VINCENT et al. (1997) a következő allél gyakoriságokat mutattak ki: chester fehér A (0,25), B (0,75); duroc A (0,79), B (0,21); hampshire A (0,05), B (0,95); lapály A (0,72), B (0,28); yorkshire A (0,37), B (0,63); kínai meishan A (0,56), B (0,44); európai nagyfehér A (0,32), B (0,68). A duroc fajta A allél gyakorisága magasabb volt az általam tapasztaltaknál.

Pekingi fekete sertés kocákban XING-PING et al. (2008) és WANG et al. (2008) ugyancsak két különböző allélját azonosították a génnek A (0,25) és B (0,75) gyakorisággal. Ez megegyezik VINCENT et al. (1997) által chester fehér fajtában mért allélgyakorisággal. BARRERAS et al. (2009) vizsgálataikban az alábbi gyakoriságokat mutatták ki a különböző fajtákban: duroc A (0,42), B (0,58); lapály A (79), B (0,21); yorkshire A (0,76), B (0,24).

A magyar nagyfehér fajtában az AA genotípus 43%, a BB 40% és a heterozigóta egyedek 17%-ban jelentek meg (1. melléklet, 124. oldal). 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.

Nagyfehér x meishan F2 populációban VAN RENS et al. (2000) ugyancsak mindhárom genotípust azonosították. TEMPFLI et al. (2011) eredményei szerint mangalica állományban az AA genotípus volt a legkevésbé elterjedt (8,75%), míg az AB és a BB frekvenciáját 40% és 51,25% arányban tapasztalták.

8. táblázat: Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a prolaktin receptor gén esetében

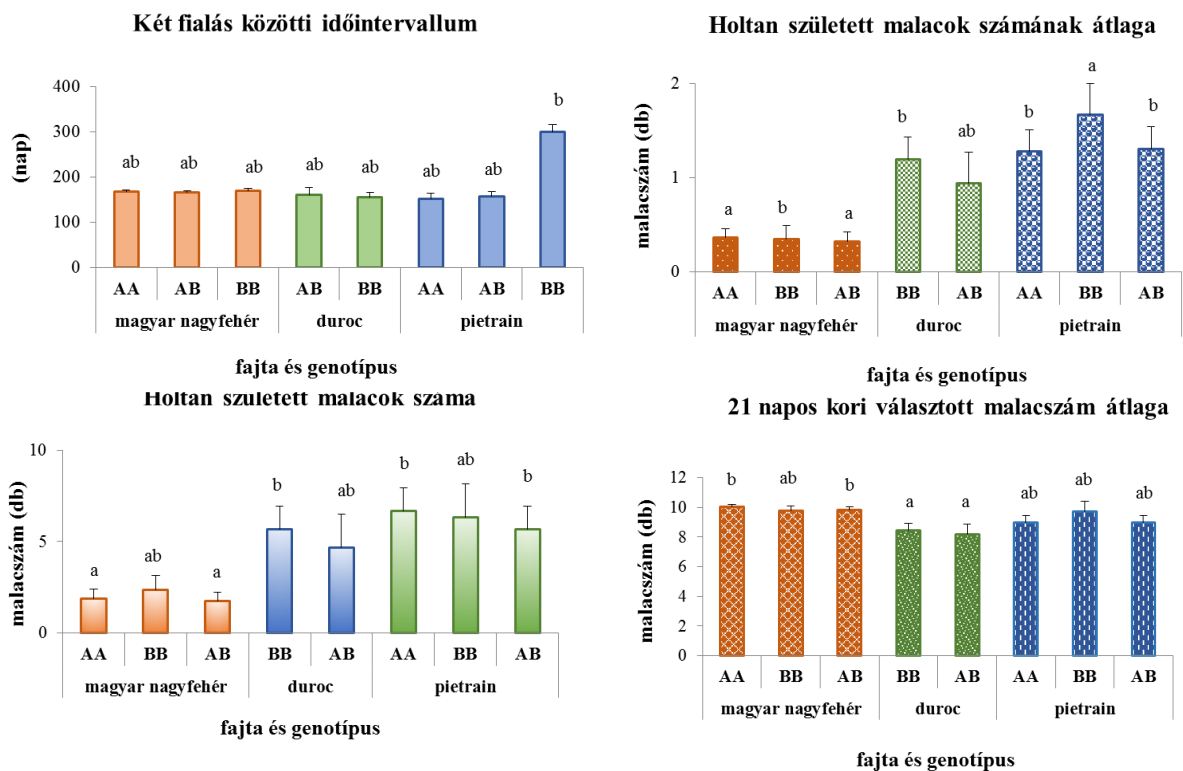
Gén	Tulajdonság	Fajta	Korrigált átlag*	Átlag hibája
Prolaktin receptor gén	Két fialás között eltelt időintercallum (nap)	magyar nagyfehér	166,93 <i>a</i>	3,10
		duroc	157,80 <i>a</i>	9,71
		pietrain	202,45 <i>b</i>	7,47
	Holtan született malacok száma (db)	magyar nagyfehér	2,00 <i>a</i>	0,36
		duroc	5,17 <i>b</i>	1,12
		pietrain	6,22 <i>b</i>	0,86
	Élve született malacok számának átlaga (db)	magyar nagyfehér	11,04 <i>b</i>	0,20
		duroc	9,02 <i>a</i>	0,64
		pietrain	9,50 <i>a</i>	0,49
	Holtan született malacok számának átlaga (db)	magyar nagyfehér	0,35 <i>a</i>	0,07
		duroc	1,07 <i>b</i>	0,20
		pietrain	1,42 <i>b</i>	0,16
	21 napos kori választott malacsám átlaga (db)	magyar nagyfehér	9,87 <i>b</i>	0,13
		duroc	8,32 <i>a</i>	0,42
		pietrain	9,22 <i>ab</i>	0,32

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A statisztikai elemzés azt mutatta, hogy a magyar nagyfehér fajtának rövidebb a két fialás közötti időintervalluma 35,52 nappal ($P < 0,001$) a pietrain fajtához viszonyítva (8. táblázat). A duroc kocák adatainál 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 ($P \leq 0,187$). 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 egyedeket produkáltak duroc és a pietrain fajtához viszonyítva.



35. ábra: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *PRLR* 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 (8. és 9. melléklet, 131. és 135. oldal). Malacnevelő képességben a duroc és a pietrain BB genotípusú kocák emelkedtek ki, magyar nagyfehér fajtában az AB kocák.

A többségében az AA genotípusú sertéseknél mért nagyobb alomméret a duroc esetében a BB genotípusú egyedeknél jelentkezett (ÁRNYASI, 2001; HAMANN et al., 2000; KMIEC et al., 2001; DROGEMÜLLER et al., 2001).

Német lapály fajtában ugyancsak az A allélnak volt pozitív hatása az alomméretre (DROGEMÜLLER et al., 2001). Nagyfehér x meishan keresztezett kocák esetében hasonló eredményt kapott VAN RENS et al. (2002) is, akik ugyancsak az A allél hatását találták kedvezőnek az alomméret növekedésével összefüggésben. Ezt az eredményt támasztották alá KMIEC et al., (2006), ROTSCILD et al., (1998), VINCENT et al., (1998), SOUTHWOOD et al., (1999) vizsgálatai is, valamint TERMAN (2005) lengyel nagyfehér x lengyel lapály vizsgálatakor. Nagyfehér húsertés, dán lapály és lapály x yorkshire x duroc keresztezéséből származó BB genotípusú kocák esetében tapasztalt azonban magasabb élve született malacsámot MIKHAĽOV et al. (2014).

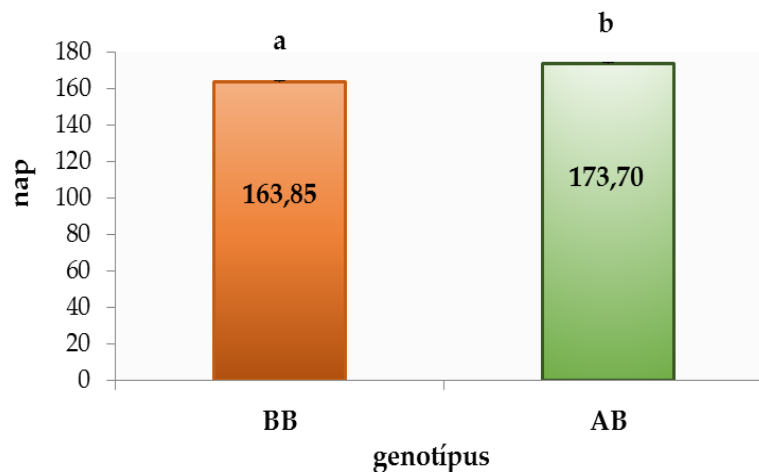
Yorkshire, lapály, duroc és a keresztezett yorkshire x lapály vizsgálata során a duroc fajta AA genotípusa érte el a legjobb teljesítményt a választott malacok számában. Az összes született malacszám legmagasabb értékét a BB genotípus mutatta (BARRERAS et al., 2009). WANG et al. (2008) eredményei azt igazolták, hogy a pekingi fekete AA genotípusú kocák alomszáma statisztikailag szignifikánsan ($P < 0,05$) magasabb volt, mint az AB és a BB genotípusú kocáké.

5.1.2. A magyar nagyfehér húsertés fajtára vonatkozó vizsgálatok eredményei

Ebben a részfejezetben csak a szignifikáns különbséget mutató gén-tulajdonság kapcsolat bemutatására szorítkozom (10. melléklet, 136-137. oldal).

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

A magyar nagyfehér húsertés 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 figyeltem meg. A magyar nagyfehér húsertés állomány 67%-a volt BB genotípusú és 33%-a volt AB.



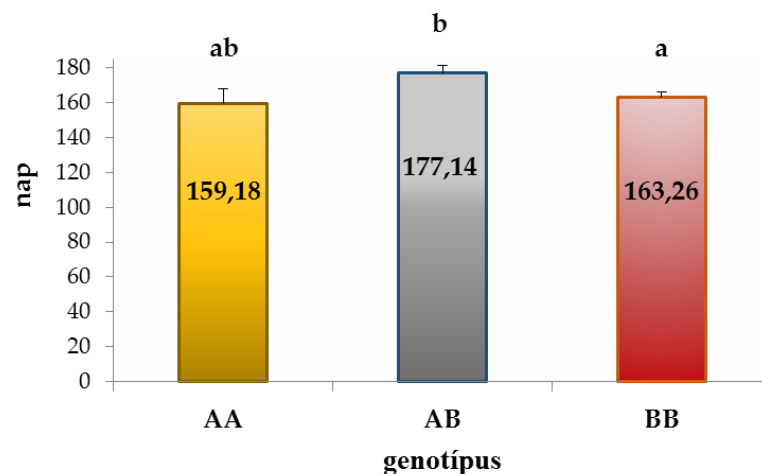
36. ábra: Két fialás közötti napok számának alakulása a magyar nagyfehér húsertés genotípusaiban a *BF* gén esetében

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 (36. ábra). A properdin génnél a többi vizsgált tulajdonság tekintetében nem találtam statisztikailag kimutatható eltérést.

5.1.2.2. 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 malacsám kapcsolata

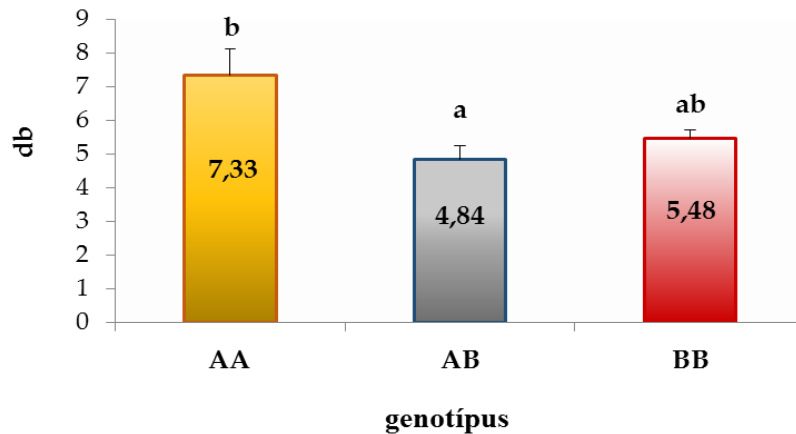
Az *EGF* génnek két allélja (A és B) volt kimutatható. A magyar nagyfehér fajtában az allélgyakoriságot tekintve az A 21%-ban, míg a B 79%-ban volt jelen. A magyar nagyfehér fajtában a homozigóták közül a BB típusúak voltak a legmagasabb arányban (66,5%), az AA típus csupán 6,5%. A heterozigóták 27%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



37. 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 (37. ábra).

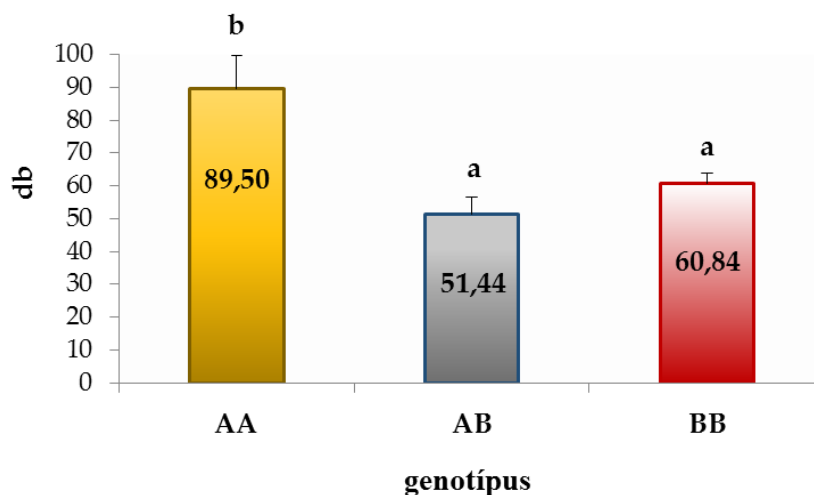
A magyar nagyfehér hússertés kocák közül az AA genotípusnál volt a legnagyobb 7,33 darab a fialások száma, ezt követte a BB (5,48), majd az AB 4,84 darabbal.



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

Az AA és az AB genotípusú állatok között szignifikáns volt az eltérés (különbség: 2,49 fialás), míg a BB genotípus korrigált átlaga nem különbözött a másik két genotípustól (38. 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.

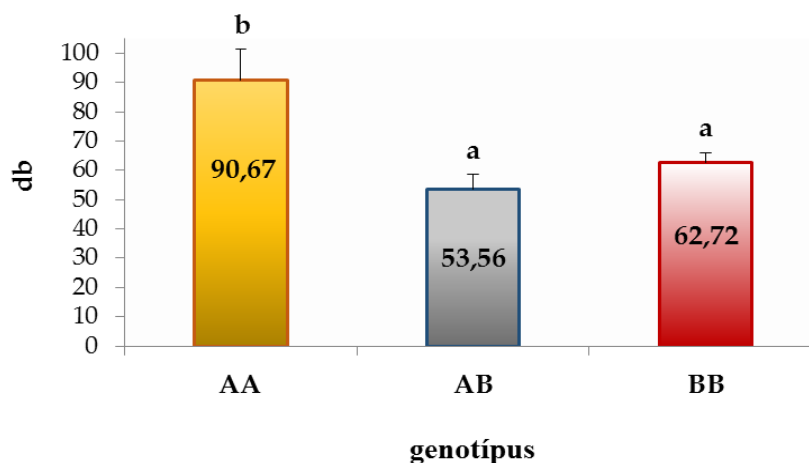


39. ábra: Élve született malacok számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében

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 (39. ábra).

A HOROGH et al. (2005) vizsgálatai során arra az eredményre jutottak, hogy az általam tapasztalt AA genotípussal szemben 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.



40. ábra: Összes született malacsám alakulása a magyar nagyfehér húsertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében

Az AA genotípusú kocák a termelésben töltött idejük alatt az összes született malacsám értékmérő tulajdonság esetében 37,11 malaccal többet fialtak, mint az AB genotípusú állatok (különbség: 37,11 malac). Az AA és a BB genotípusú állatok közötti különbség 27,95 nap. Az AB és a BB genotípusok korrigált átlaga nem különbözött egymástól szignifikánsan (40. ábra).

5.2. Túlélés analízis eredményei

A tenyészkocák adatait egyazon telepen tartott három különböző fajtáról gyűjtöttem be, így elvégeztem a fajták összehasonlító elemzését is. A vizsgálatba 295 db magyar nagyfehér, 76 db duroc és 91 db pietrain nőivarú tenyészállat került bevonásra. A vizsgálatban továbbra is a kocák élettartamára, illetve élettéljesítményére 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.

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

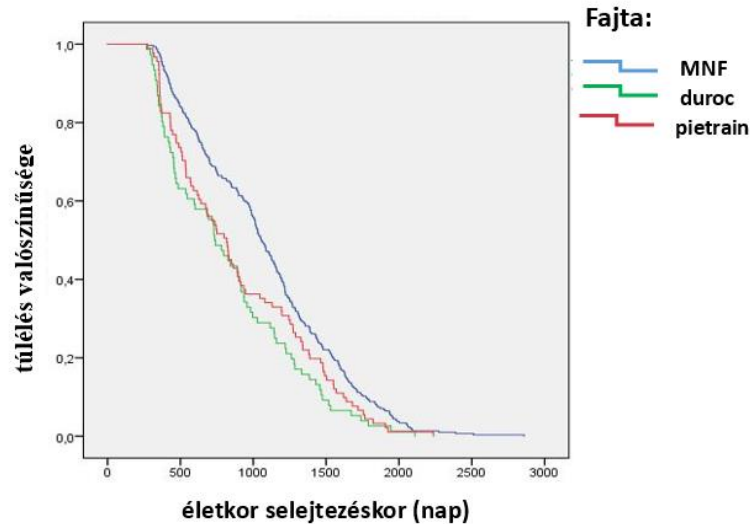
Vizsgált tényezők	Magyar nagyfehér hűsertés		Duroc sertés		Pietrain sertés	
	egyed-szám	átlag ± std. hiba*	egyed-szám	átlag ± std. hiba*	egyed-szám	átlag ± std. hiba*
Tenyésztésbe állításkori életkor (nap)	291	233,4 ± 2,62a	73	214,68 ± 5,15b	83	230,04 ± 4,67a
Életkor selejtezőkor (nap)	295	1080,4 ± 29,41a	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 (db)	252	4,7 ± 0,17a	54	4,09 ± 0,34a	67	4,34 ± 0,33a
Felnevelt malac (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 malacsém 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 százalék (%)	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.

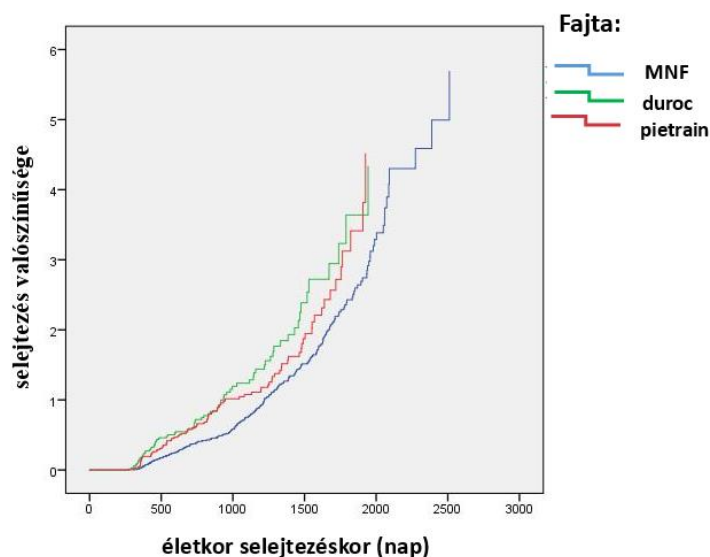
Az egytényezős varianciaanalízist elvégezve a 9. táblázat és a 11-13. mellékletek (138-144. oldal) alapján megállapítható, hogy az eltérő fajták termelési mutatói számos esetben különböztek egymástól. A tenyésztésbe állításkori életkor a duroc kocák esetében volt a legalacsonyabb, míg a másik két fajta átlaga szignifikánsan magasabb volt ettől. Ezzel szemben a selejtezőskori 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 hússertés fajtánál volt a legnagyobb, ennél 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 malacszámot, 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 (41., 42. 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 fajtától. A magyar nagyfehér állatok termelésben töltött ideje hosszabb, mint az ugyanolyan körülmények között tartott másik két fajtához tartozó kocáké.



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



42. 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 10. táblázatban a túlélés elemzés log-rank tesztjének eredményét közöltem. Ennek alapján megállapítható, hogy a teszt szignifikáns különbséget jelzett a három fajta között ($\chi^2=16,981$; $P<0,001$), amely szerint az egyes fajták túlélési hányada jelentősen különbözött egymástól.

10. táblázat: A túlélés elemzés log-rank tesztjének eredményei a három fajta esetében

Teszt	Érték	Khi-négyzet érték	Szabadságfok	P érték
Log Rank (Mantel-Cox) teszt		16,981	2	$P<0,001$

11. táblázat: Az egyes fajták kockázati rátájának eredményei a Cox-modell alapján számítva

Fajta	Érték	Regressziós koefficiens	Standard hiba	Wald-érték	Szabadságfok	P érték*	Kockázati hányados	95%-os konfidencia intervallum a kockázati hányadosokra	
								Alsó határ	Felső határ
magyar nagyfehér		-	-	16,717	2	$P<0,001$	-	-	-
duroc		0,477	0,129	13,573	1	$P<0,001$	1,611	1,250	2,077
pietrain		0,309	0,121	6,562	1	$P=0,010$	1,362	1,075	1,725

* statisztikailag szignifikáns $P\leq 0,001$ szinten a Wald féle khi-négyzet teszt alapján

A fajták kockázati rátája szignifikáns eltérést mutatott ($P<0,01$) a magyar nagyfehér fajta selejtezési kockázatához képest (11. táblázat). 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=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.

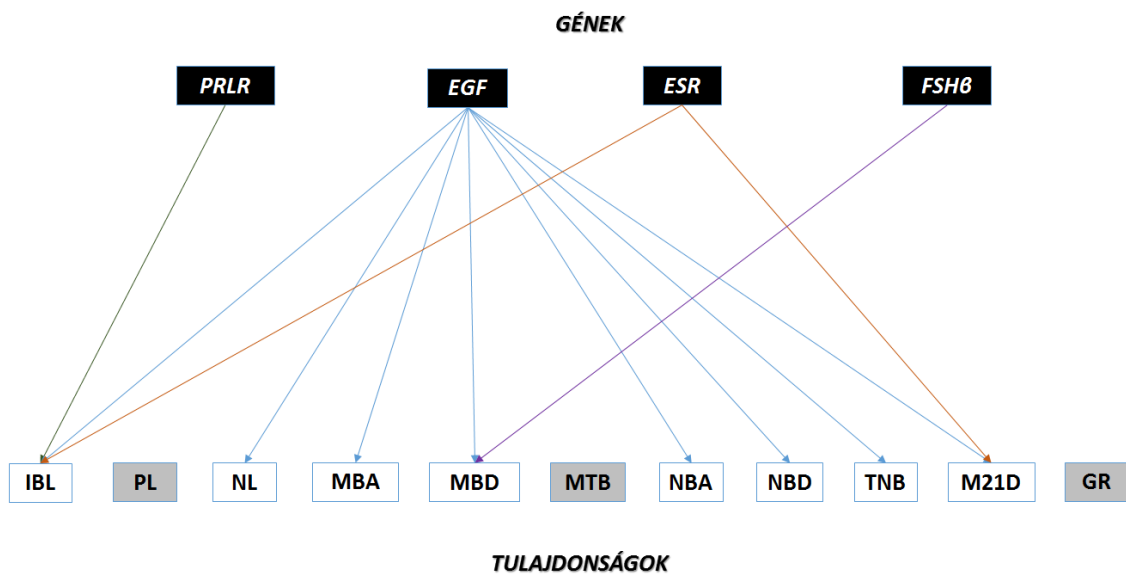
6. Következtetések és javaslatok

1. Tanulmányomban hét kandidáns gén polimorfizmus vizsgálatát végeztem el, és összefüggést kerestem a kapott genotípusok és a gazdaságos sertésenyésztésre nagy hatással levő tizenegy tulajdonság tekintetében. Számos korábbi tanulmány fókuszált ezen tulajdonságok némelyikére, azonban csak néhány összpontosított minden tulajdonságra együttesen. A gének pontmutációinak hatásvizsgálata genotípusok, fajták, és genotípus és fajta interakció szintjén valósult meg.

A magyar nagyfehér hússertés, a duroc és a pietrain fajták összehasonlításából levont következtetések:

A genotípusok analízisének konzekvenciái:

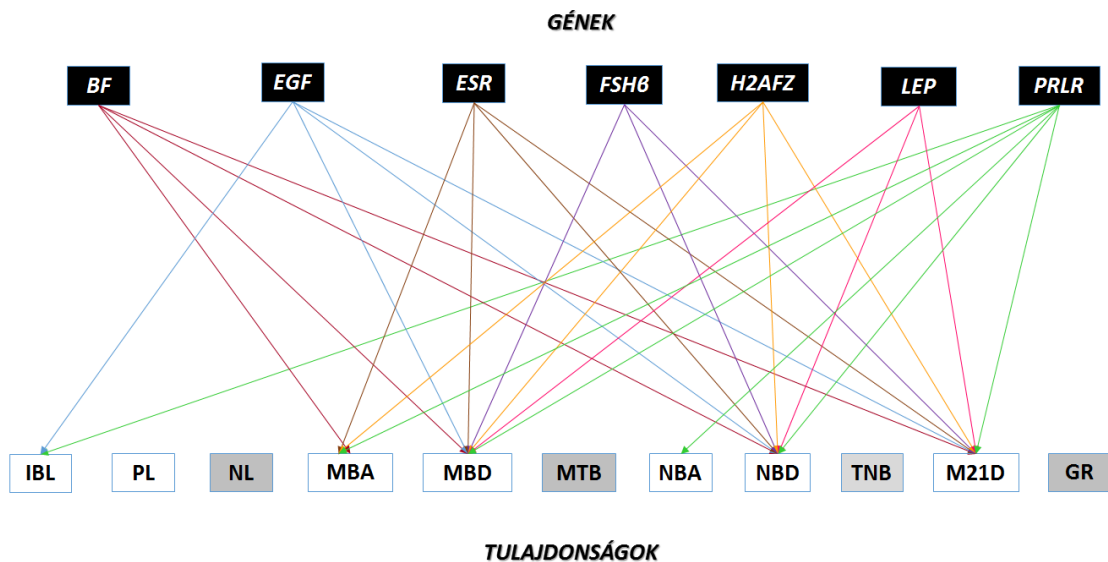
A genotípusok esetében négy gén (*PRLR*, *EGF*, *ESR*, *FSH β*) A és B alléljainak hatása igazolódott. Az *EGF* vizsgált alléljai tizenegy értékmérő tulajdonság közül nyolc vonásban szignifikáns különbséget eredményeztek az AA, az AB és a BB genotípusok között (IBL, NL, MBA, MBD, NBA, NBD, TNB, M21D). Az *ESR* gén adott ponton tapasztalt mutációjának hatása a két fialás közötti időtartamban és a holtan született malacok átlagszámában jelentek meg. Az *FSH β* gén és a *PRLR* gén 1-1 tulajdonságot befolyásolt, előbbi a holtan született malacok átlagát, utóbbi a két fialás közötti időtartamot (43. ábra).



43. ábra: A gének alléljainak hatása a reprodukzív tulajdonságokra a genotípusok vonatkozásában

Fajták analízisének összegzése:

A fajták analízise során beigazolódott, hogy mindegyik tanulmányozott gén összefüggésben állt a vizsgált nyolc tulajdonság közül héttel. A *PRLR* pontmutációjának hatása a magyar nagyfehér húsertés, a duroc és a pietrain sertésfajták között hat tulajdonságban jelent meg (IBL, MBA, MBD, NBA, NBD, M21D). A *BF* alléljai az MBA, MBD, NBD és az M21D értékmérőkre voltak hatással. Négy-négy jellemzőre vonatkozó értékeket befolyásolt az *EGF* (IBL, MBD, NBD, M21D), az *ESR* (MBA, MBD, NBD, M21D) és a *H2AFZ* (MBA, MBD, NBD, M21D). Az *FSH β* az MBD, NBA, NBD, a *LEP* T és C alléljai az MBD, NBA, M21D tulajdonságokat befolyásolták (44. ábra).

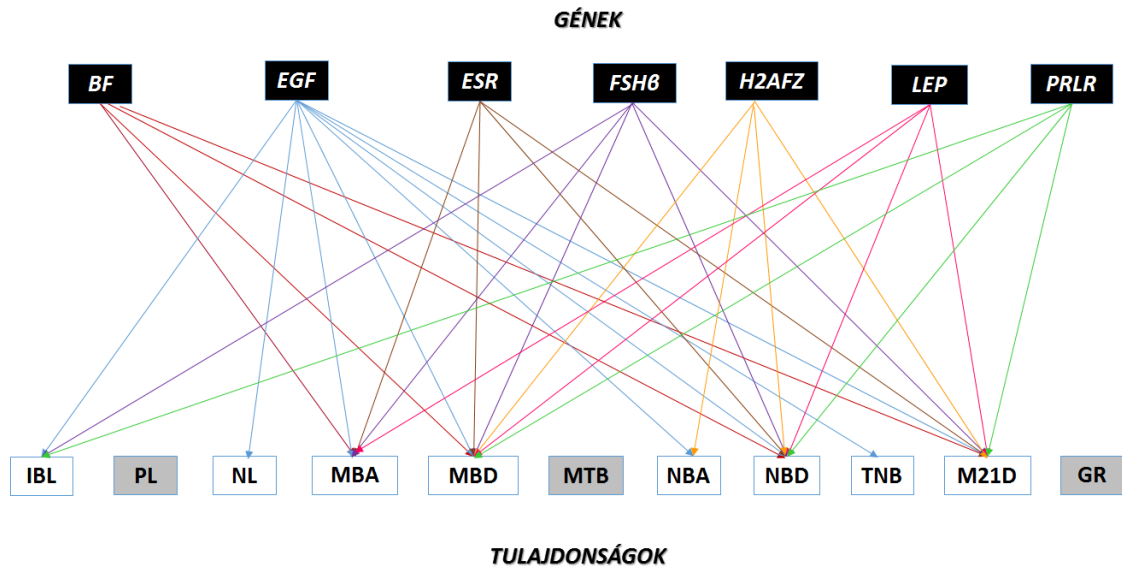


44. ábra: A gének alléljainak hatása a reprodukzív tulajdonságokra a fajták vonatkozásában

Genotípus és fajta interakció:

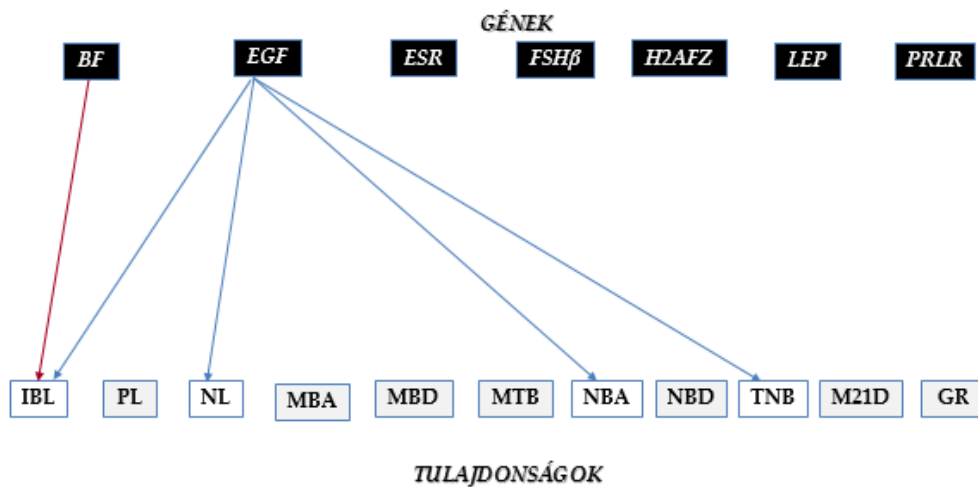
A tanulmányozott gének nyolc tulajdonsággal álltak kapcsolatban. A fialási százalék (PL), az összes született malac átlaga (MBT) és a felnevelési ráta (GR) voltak azok a jellemzők, melyekkel kapcsolatban összefüggést nem tudtam kimutatni.

Az *EGF* 8, az *FSH β* 6, az *ESR* 5, a *BF*, a *LEP* és a *PRLR* 4-4, a *H2AFZ* 3 szaporasággal összefüggő tulajdonságra voltak szignifikáns hatással (45. ábra).



45. ábra: A gének alléljainak hatása a reprodukzív tulajdonságokra a genotípusok és a fajták interakciójában

A magyar nagyfehér hússertés fajtára levont következtetések:



46. ábra: A gének alléljainak hatása a reprodukzív tulajdonságokra

Az epidermális növekedési faktor gén pontmutációja a magyar nagyfehér hússertés négy szaporasággal összefüggő tulajdonságára volt szignifikáns hatással (46. ábra). Az *EGF* gén AA genotípusú kocákra való szelektálása azt eredményezheti, hogy a telepen nő a fialások száma, az élve született malacsám és az összes született malacsám, csökkent a fialások közötti időtartam, így a szaporasági mutatók javulhatnak. A proprerdin gén AB genotípusú kocáinak kiválasztása és továbbtenyésztése a

szaporasággal összefüggő értékmérő tulajdonságok közül a két fialás közötti időtartam rövidüléséhez vezethet.

2. A sertésállomány túlélés analízisének eredményei felhasználhatóak az azonos körülmények között tartott fajták túlélésének összehasonlításra, valamint egy fajta élethosszának összehasonlítására különböző tartási viszonyok között. A módszerrel kiszűrhetőek azok a tényezők, amelyek a túlélést növelik és ezzel a sertéstenyésztés jövedelmezőségét javítják.

7. 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.

8. 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 húsertés kocákra történő szelekció a szaporasági mutatók javulását eredményezheti.

2. A Hód-Mezőgazda Zrt. sertéstelepen tartott magyar nagyfehér húsertés, duroc és pietrain fajta állományban beigazolódott, hogy a magyar nagyfehér húsertés 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.

9. Összefoglalás

Napjainkban a genom térképek lehetőséget nyújtanak, olyan gének azonosítására, melyekkel ellenőrizhetővé válnak a szaporasággal összefüggő értékmérő tulajdonságok. Ennek a sertésstenyésztésben is jelentős szerepe van. A marker alapú szelekció (MAS) tovább növeli a markerek és a szaporodásbiológiai tulajdonságok közötti kapcsolatokat feltárását.

Ebben a tanulmányban azonos telepen tartott magyar nagyfehér hússertés (n=93), duroc (n=9) és pietrain (n=15) fajta 11, alommérettel kapcsolatos tulajdonságot választottam ki. Vizsgáltam, hogy a két fialás között eltelt idő (IBL), a fialási százalék (PL), a fialások száma (NL), az élve született malacok átlaga (MBA), a holtan született malacok átlaga (MBD), az összes született malacsám átlaga (MBT), az élve született malacok száma (NBA), a holtan született malacok száma (NBD), az összes született malacsám (TNB), a választáskori malacsám átlaga (M21D) és a felnevelési ráta (GR) értékmérő tulajdonságokat milyen mértékben befolyásolják egyes gének pontmutációi. Hét, korábban már azonosított kandidáns gén (*BF*, *EGF*, *ESR*, *FSH β* , *H2AFZ*, *LEP*, *PRLR*) alléljainak hatását elemeztem a genotípusra, a fajtára és a genotípus és fajta interakcióra. A properdin gén mutációja az MBA, az MBD, az NBD és az M21D tulajdonságok változását eredményezte a fajta, valamint a genotípus és fajta együtthatásának analízise során. Detektáltam a *BF* gén AA genotípusának hiányát ebben a populációban, mindhárom fajtában.

Az epidermális növekedési faktor gén alléljai a genotípus, valamint a genotípus és fajta interakció vonatkozásában nyolc-nyolc tulajdonsággal álltak kapcsolatban. A két fialás között eltelt idő, a fialások száma, az élve született malacok átlaga, a holtan született malacok átlaga, az élve született malacok száma, a holtan született malacok száma, az összes született malacsám és a választáskori malacsám átlaga azok a jellemzők, melyekre a gén alléljai szignifikáns hatással voltak. A vizsgált gének közül a legnagyobb hatással bíró gén az *EGF*. Az adatok azt bizonyítják, hogy az AB allélú kocák esetében a leghosszabb a két fialás között eltelt idő. Az AA genotípusúak esetében legnagyobb az alomszám. Így az AA genotípust hordozó állatok előnyösek, mert szignifikánsan több a született malacsámuk és közepesen hosszú a két fialás közötti időtartamuk.

Az ösztrogén receptor gén A és B alléljai a genotípust vizsgálva két tulajdonsággal, a fajtát tekintve négy, és az együttes hatásukat tekintve öt fontos tulajdonsággal (MBD,

MBA, NBD, NBA, M21D) mutattak szignifikáns összefüggést. Meghatároztam az *ESR* gén AA genotípusát, BB genotípust nem találtam.

A folliculus-stimuláló hormon béta alegység gén pontmutációja a genotípusra és a fajtára vonatkoztatva csak néhány tulajdonság változását eredményezte. A fajta és genotípus interakció elemzése során azonban a szaporasággal összefüggő lényeges jellemzőkben (MBD, MBA, NBD, NBA, M21D) statisztikailag alátámasztható mértékű eltéréseket okozott.

A *H2A* hiszton család *Z* tagjának génje a genotípus és fajta együttes elemzése esetében bizonyította a legnagyobb hatását. A holtan született átlagos malacsám, a holtan született malacok száma, az élve született malacok száma és a választáskori átlagos malacsám értékmérők változására szignifikáns befolyással bírt.

A leptin gén *C* allélja magyar nagyfehérben 0,13 %, durocban 0,17%, pietrainben 0,20% gyakorisággal jelent meg. A homozigóta *CC* genotípusú egyedek a duroc és a pietrain sertéspopulációban hiányoztak. Ennek oka lehet a vizsgált kocák alacsony száma. A *LEP* gén különböző genotípusai csak néhány statisztikailag nem szignifikáns különbséget mutattak, azonban a fajta vonatkozásában három, a fajta és genotípus interakcióban négy tulajdonsággal (MBD, MBA, NBD, M21D) szignifikáns kapcsolat volt kimutatható.

A prolaktin receptor gén *A* és *B* alléljának a két fialás közötti időintervallumra történő hatása megmutatkozott a genotípusokban, a fajtákban és a kettő kölcsönhatásában is. A prolaktin receptor gén *AB* alléljával rendelkező sertések *IBL* tulajdonságánál az intervallum lényegesen rövidebb volt a többi genotípussal szemben. A két fialás között eltelt időt ritkán vizsgálják, így ez egy új eredmény, mely jelentősnek tekinthető a szaporodásbiológiai tulajdonságok analizálásánál. Az irodalmi adatok alapján azt az eredményt vártam, hogy a *PRLR* homozigóta *AA* genotípusát hordozó kocák malacsáma több lesz. A vizsgálataim adatai nem ezt mutatták. Feltehetően az eltérő fajtájú állatok és a kevés számú duroc sertés miatt nem tudtam az összefüggést reprezentálni.

Magyar nagyfehér hússertés genotípusai közötti elemzés azt mutatta, hogy a *BF* gén *AB* genotípusa a két fialás közötti időtartamra volt szignifikáns hatással. Az *EGF* gén esetén az *AA* homozigóta kocák a két fialás közötti idő, a fialások száma, az élve született malacsám és az összes született malacsám korrigált átlagaiban mutattak a gyakorlat számára kívánatos eredményeket.

Elvégeztem a három fajta, a magyar nagyfehér (n=295), a duroc (n=76) és a pietrain (n=91) kocák túlélés elemzését. Figyelembe vettem a kocák életkorát a tenyésztésbe vételkor; a selejtezés kori életkort; a termelésben töltött időt; a búgatások és a fialások számát; a fialási százalékot; a két fialás közötti napok számát, az élve és holtan született malacok számát, átlagait; a felnevelt alomszámot; a felnevelt malacszámot, átlagait, a felnevelt alomtömegeit, átlagait valamint a felnevelési százalékot. Eredményeim azt mutatták, hogy a magyar nagyfehér kocák 1056 ($\pm 33,52$) napot éltek, a duroc fajtánál 735 ($\pm 73,56$) nap, a pietrain esetében 818 ($\pm 71,98$) nap volt az átlagos selejtezési életkor. A túlélés elemzés log-rank tesztje szignifikáns különbséget jelzett a három vizsgált fajta között ($\chi^2=16,981$; $P<0,001$), ami azt jelenti, hogy az egyes fajták túlélési hányada jelentősen különbözött egymástól. 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 ($P<0,01$) esnek ki a tenyésztésből. Így eredményeim felhasználhatóak az azonos körülmények között tartott fajták túlélésének összevetésére, valamint egy fajta élethosszának összehasonlítására különböző tartási viszonyok között. A módszerrel kiszűrhetőek azok a tényezők, amelyek a túlélést növelik és ezzel a sertésenyésztés jövedelmezőséget javítják.

10. Summary

Today genomic maps enable us to identify genes that make proliferation traits controllable. This plays an important role in pig husbandry. Marker assisted selection (MAS) further increases the exploration of the correlation between markers and reproduction-biological traits.

In the present study 11 traits have been selected that are related to litter size of the Hungarian Large White (n=93), Duroc (n=9), and Pietrain (n=15), pigs raised on the same farm. I investigated the extent to which the interval between litters (IBL), litter percentage (LP), number of litters (NL), mean of piglets born alive (MBA), mean of piglets born dead (MBD), mean of the total number of piglets born (MBT), number of piglets born alive (NBA), number of piglets born dead (NBD), total number of born piglets (TNB), the mean of piglets at 21 days of age (M21D), growth rate (GR), figures are influenced by the point mutation of certain genes. I analyzed the impact of 7 seven previously identified candidate genes (*BF*, *EGF*, *ESR*, *FSH β* , *H2AFZ*, *LEP*, *PRLR*) on genotype, breed and the interaction of genotype and breed.

During the analysis of the breed and the interaction of genotype and breed I found that the mutation of properdin gene resulted in the change of MBA, MBD, NBD and M21D traits. I also detected the lack of the AA genotype of the *BF* gene in this population in all the three breeds. The alleles of the epidermal growth factor correlated with 8 - 8 traits regarding the genotype and the interaction between genotype and breed. The interval between litters, number of litters, mean of piglets born alive, mean of piglets born dead, number of piglets born, the number of piglets born dead, the mean of piglets at 21 days of age are the traits that were significantly influenced by the alleles of the gene. The gene that had the biggest impact on the traits among the studied genes was *EGF*. Data proved that the interval between litters is the longest in case of sows with allele AB. The highest number of litters was found in AA genotype sows. Animals carrying genotype AA are advantageous because they produced a significantly higher number of piglets and the interval between litters was of medium length.

A and B alleles of the estrogen receptor gene showed significant correlation with two traits in terms of genotype, with four traits in terms of breed and five traits considering the correlation between the two (MBD, MBA, NBD, NBA, M21D). I detected the AA genotype of *ESR* gene. Genotype BB haven't been found.

The point mutation of *FSH β* studied for genotype and breed supported the change in only a few traits significantly. The log rank test of survival analysis resulted in statistically supportable differences in important traits related to proliferation (MBD, MBA, NBD, NBA, M21D).

The linked analysis of genotype and breed revealed that the *H2AFZ* gene had the most significant impact on the mean of piglets born dead, the number of piglets born dead, the number of piglets born alive and the mean of piglets at selection.

The occurrence of allele C of the *LEP* gene was 0.13 % in the Hungarian Large White, 0.17 % in Duroc and 0.20 % in Pietrain. CC homozygous individuals were absent from the Duroc and Pietrain swine population. The reason for this can possibly be the low number of sows of the studied breed. The different genotypes of the *LEP* gene indicated only a few statistically not significant differences but there was a significant link to the three traits regarding breed and four traits regarding the interaction between breed and genotype (MBD, MBA, NBD and M21D).

The impact of alleles A and B of the prolactin receptor gene on the interval between litters was detected in terms of the genotype and breed and the correlation of the two. The interval was considerably shorter for pigs with AB allele of the prolactin receptor in contrast to the other genotypes. The interval between litters (IBL) is rarely studied, for this reason this new result can be considered relevant at the analysis of reproduction-biological traits. Based on the reference data it was expected that the number of sows carrying the homozygous AA genotype of the *PRLR* gene would be higher. Our data did not show this tendency. I could not present the correlation due to the different types of the animals and the small number of Duroc individuals.

The analysis of the genotypes of the Hungarian Large White showed that the AB genotype of the BF gene had a significant impact of the interval between litters. In case of the EGF gene, AA homozygote sows showed applicable results in the interval between litters, number of litters, the number of piglets born alive and the corrected mean of the total number of piglets born.

The survival analysis of the three breeds the Hungarian Large White (n=295), Duroc (n=76), Pietrain (91) have been performed. I considered the age of sows at the time of their inclusion into breeding, their age at the time of culling, time spent in production, number of mating and parities, parity percentage, intervals between litters, number and mean of piglets born alive and born dead, number of raised piglet litters, number and

mean of M21D, the weight and mean of raised litter and raise percentage. The results showed that the Hungarian Large White sows lived for 1056 days (± 33.52), the average age was 735 days for Duroc (± 73.56) and 818 days for Pietrain (± 71.98). The log-rank test of survival analysis showed significant differences between the three studied breeds ($\chi^2=16.981$; $P<0.001$), which means the survival rate of the specific breeds varied considerably. The culling risk rate of Duroc was 1.6 % higher ($P<0.001$) than the risk rate of the Hungarian Large White. Pietrain sows were 1.36 times ($P<0.01$) more likely to be culled than the Hungarian Large White. Thus our results can be used to compare the survival of the breeds raised under the same conditions and the lifespan of a breed raised under different conditions. Factors that increase the chance of survival and improve profitability can be detected by this method.

11. Irodalomjegyzék

1. ÁDÁM V. – DUX L. – FARAGÓ A. – FÉSÜS L. – MACHNOVICZ R. – MANDL J. – SÜMEGI B. (2001): Orvosi Biokémia. Medicina Könyvkiadó, Budapest. 648.
2. ÁRNYASI M. (2001): Molekuláris genetikai vizsgálatok a gazdasági állatfajok termelési eredményének javítása érdekében. Debreceni Egyetem Agrártudományi Közlemények. 1. 92-96.
3. BALATSKY V. N. – SAENKO A. M. – GRISHINA L. P. (2012): Polymorphism of the Estrogen Receptor 1 Locus in Populations of Pigs of Different Genotypes and Its Association with Reproductive Traits of Large White Sows. Cytology and Genetics, 2012, Vol. 46, No. 4, pp. 233–237.
4. BALOGH P. – ERTSEY I. – KOVÁCS S. (2006): A kocaselejtezés kockázatának vizsgálata egy nagyüzemi sertéstartó telepen. Acta Agraria Kaposváriensis. 10. 3. 263-268.
5. BALOGH P. – NOVOTNINÉ D. K. (2013): Versenyképes kocatartás és malacnevelés. Szaktudás Kiadó Ház Zrt., Budapest. 280.
6. BALOGH P. – KAPELAŃSKI W. – JANKOWIAK H. – NAGY L. – KOVACS S. – HUZSVAI L. – POPP J. – POSTA J. – SOLTÉSZ A. (2015): The productive lifetime of sows on two farms from the aspect of reasons for culling. Annals of Animal Science. 15. 3. 747-758.
7. BARRERAS SERRANO A. – HERRERA HARO J. G. – HORI-OSHIMA S. – GONZÁLEZ ARANGURÉ A. – SOTO AVILA J. G. (2009): Prolactin receptor (*PRLR*) gen polymorphism and associations with reproductive traits in pigs. Journal of Animal and Veterinary Advances. 8 (3) 469-475.
8. BECZE J. (1981): A nőivarú állatok szaporodásbiológiája. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest. 392.
9. BJERRE D. – MADSEN L. B. – MARK T. – JORGENSEN C. B. – FREDHOLM M. (2013): Potential role of the porcine superoxide dismutase 1 (*SOD1*) gene in pig reproduction. Animal Biotechnology. 24. 1. 1-9.
10. BODÓ I. – TAKÁCS E. (1996): Alkalmazott genetika (általános állattenyésztés). Egyetemi jegyzet. Állatorvos-tudományi Egyetem, Budapest.
11. BOKORI J. (2000): A leptin szerepe az élettani folyamatok szabályozásában és a takarmányozásban. Magyar Állatorvosok Lapja. 122. 436–441.

12. BOLE-FEJSOT C. – VINCENT G. – EDERY M. – BINART M. – KELLY P. A. (1998): Prolactin (*PRL*) and Its Receptor: Actions, Signal Transduction Pathways and Phenotypes Observed in *PRL* Receptor Knockout Mice. *Endocrine Reviews*. 19. 3. 225-268.
13. BUSKE B. – BRUNSCH C. – ZELLER K. – REINECKE P. – BROCKMANN G. (2005): Analysis of properdin (*BF*) genotypes associated with litter size in a commercial pig cross population. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122. 4. 259–263.
14. CHAO Z. – WANG F. – DENG C. Y. – WEI L. M. – SUN R. P. – LIU H. L. – LIU Q. W. – ZHENG X. L. (2012): Distribution and linkage disequilibrium analysis of polymorphisms of *MC4R*, *LEP*, *H-FABP* genes in the different populations of pigs, associated with economic traits in DIV2 line. *Molecular Biology Reports*. 39. 5. 6329-35.
15. CHEN L. H. – WANG L. X. – JI Y. G. – ZHANG L. C. – YAN H. (2009): Association of polymorphism for porcine *BF* gene with reproductive traits and placental efficiency in Large White. *Yi chuan = Hereditas / Zhongguo yi chuan xue hui bian ji*. 31. 6. 615-619.
16. CHEN M. – WANG A. – FU J. – LI, N. (2004): Different allele frequencies of *MC4R* gene variants in Chinese pig Breeds. *Archiv für Tierzucht*. 5. 463–468.
17. CLOP A. – ÓVILO C. – PEREZ-ENCISO M. – CERCOS A. – TOMAS A. – FERNANDEZ A. – COLL A. – FOLCH J. M. – BARRAGAN C. – DIAZ I. – OLIVER M. A. – VARONA L. – SILIO L. – SANCHEZ A. – NOGUERA J. L. (2003): Detection of QTL affecting fatty acid composition in the pig. *Mammalian Genome*. 14. 650–656.
18. COULSON J. C. – WOOLLER R. D. (1976): Differential survival rates among breeding kittiwake Gulls *Rissa tridactyla* (L.). *Journal of Animal Ecology*. 45. 205-213.
19. COX D. R. (1972): Regression models and life tables. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*. 34. 2. 187-220.
20. COX D. R. – OAKES, D. (1984): *Analysis of Survival Data*. Chapman and Hall, London. 220.
21. DECALUWÉ R. – MAES D. – WUYTS B. – COOLS A. – PIEPER, S. – JANSSENS G. P. J. (2014): Piglets' colostrum intake associates with daily weight gain and survival until weaning. *Livestock Science*. 162. 185–192.

22. 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.
23. DE OLIVEIRA PEIXOTO J. – GUIMARAES S. E. F. – LOPES P.S. – DE ALMEIDA TORRES R. – DE ALMEIDA E SILVA M. (2006): Associations of leptin gene polymorphisms with production traits in pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 123. 6. 378-383.
24. DINYA E. (2001): *Biometria az orvosi gyakorlatban*. Medicina Könyvkiadó Rt., Budapest. 483.
25. DONOSO A. O. – ZÁRATE M.B. (1981): Changes in prolactin release caused by GABA and endogenous GABA increase in rats. *Brain Res Bull*. 7(4):359-64.
26. DROGEMÜLLER C. – HAMANN H. – DISTL O. (2001): Candidate gene markers for litter size in different German pigs lines. *Journal of Animal Science*. 79. 2565–2570.
27. DUCROCQ V. P. (1987): An analysis of length of productive life in dairy cattle. Ph. D. dissertation. Cornell University, Ithaca, NY, USA.
28. DUCROCQ V. P. – SÖLKNER J. (1998): The Survival Kit-V3.0. A package for large analyses of survival data. In: *Proceedings*. Presented at 6. World congress on genetics applied to livestock production, Armidale, University of New England. 447-448.
29. EKERT KABALIN A. – STARČEVIĆ K. – MENČIK S. – MAURIĆ M. SUŠIĆ V. – ŠTOKOVIĆ I. (2013): Analysis of esr and rbp polymorphisms in black slavonian sows: preliminary results. *Acta agriculturae Slovenica*, Supplement 4 - 2013. 8th International Symposium on the Mediterranean Pig, Slovenia, Ljubljana, October 10th-12th, 2013.
30. 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.
31. ENYEDI GY. (1964): *Az állattenyésztés földrajza*. Gondolat Kiadó, Budapest. 172.
32. ÉBER E. (1961): *A magyar állattenyésztés fejlődése*. Közgazdasági és Jogi Könyvkiadó, Budapest, 1961. 519.

33. FANG M. X. – HUANG Y. S. – YE J. – LI Y. – NIE Q. H. (2014): Identification and characterization of *RFRP* gene in pigs and its association with reproductive traits. *Genetics and Molecular Research*. 13. 1661-1751.
34. FARMER C. – PALIN M. F. – GILANI G. S. – CHOUDHARY R. K. – CAPUCO A. V. (2010): Dietary genistein stimulates mammary hyperplasia in gilts. *Source of the Document Animal*. 4. 3. 454-465.
35. FERNANDEZ-RODRIGUEZ A. – MUNOZ M. – FERNANDEZ A. – PENA R. N. – TOMAS A. – NOGUERA J. L. – OVILO C. – FERNANDEZ A. I. (2011): Differential gene expression in ovaries of pregnant pigs with high and low prolificacy levels and identification of candidate genes for litter size. *Biology of Reproduction*. 84. 2. 299-307.
36. FOX J. (2002): Cox Proportional-Hazard Regression for Survival Data. Appendix to An R and S-PLUS Companion to Applied Regression. <http://cran.r-project.org/doc/contrib/Fox-Companion/appendix-cox-regression.pdf> (2014. 07. 17.).
37. GAJDÓCSI E. – PATAKI R. – TEMPFLI K. – BALI PAPP Á. (2008): A prolaktin receptor gén hatása a mangalicák alomméretére. *Animal Welthfare*. 4. 424.
38. GEORGESCU S. E. – MANEA M. A. – DINESCU S. – COSTACHE M. (2014): Comparative study of leptin and leptin receptor gene expression in different swine breeds. *Genetics and Molecular Research*. 13. 3. 7140-8.
39. GERGELY J. – ERDEI A. (2006): *Immunbiológia. Medicina Könyvkiadó Zrt. Budapest*. 444.
40. GOLIÁSOVÁ E. – WOLF J. (2004): Impact of the *ESR* gene on litter size and production traits in Czech Large White pigs. *International Society for Animal Genetics. Animal Genetics*. 35. 293-297.
41. GOLIÁSOVÁ E. – DVORÁK J. (2004): The oestrogen receptor gene (*ESR*) PVUII polymorphism genótipo and allele frequencies in czech large white and landrace. *Acta. Acta univ. agric. et silvic. Mendel. Brun.*, 2005, LIII, No. 2, pp. 33-38.
42. GONZALEZ-BULNES A. – TORRES-ROVIRA L. – OVILO C. – ASTIZ S. – GOMEZ-IQUIERDO E. – GONZALEZ-ANOVER P. – PALLARES P. – PEREZ-SOLANA M. R. – SANCHEZ R. (2012): Reproductive, endocrine and metabolic fetomaternal features and placental gene expression in a swine breed

- with obesity/leptin resistance. *General and Comparative Endocrinology*. 176. 94-101.
43. HAJTMAN B. – BODA K. – REICZIGEI J. – VARGHA P. – LANG ZS. – SINGER J. (2003): Magyar biostatistikai értelmező szótár. Klinikai Biostatistikai Társaság, Budapest.
<http://www.biostat.hu/biostat/indit1.asp?p=szotar1&szuro=1> (2014. 08. 01.)
44. HAMANN H. – DROGEMÜLLER C. – KRIETER J. – PRESUHN U. – WALLENBURG J. – DISTL O. (2000): Genetic markers for litter size in German pig breeds. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands.
45. HERBST-KRAUSZ Z. (2004): Régi zsidó ételek. Budapest, Corvina Kiadó, 2004. 80.
46. HIDAS A. (2008): Molekuláris genetikai módszerek a háziállatok szelekciójában. in: Tóth Sándor, Szalay István: A haszonállatfajok szelekciója. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 203-210.
47. HORN A. (1976): Állattenyésztés 1. Budapest, Mezőgazdasági Kiadó, 1976. 590
48. HORN P. (2000): Állattenyésztés 3. Sertés, nyúl prémes állatok, hal. Budapest, Mezőgazdaság Kiadó. 420.
49. 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.
50. HORVAINÉ SZABÓ M. (2004): A gazdasági állatok eredete, háziásítás. in: Szabó Ferenc (szerk): Általános állattenyésztés. Budapest, Mezőgazda Kiadó, 2004. 23-30.
51. HORVÁTH GY. (2008): Kisemlős populációk paramétereinek becslése és modellezése. PhD disszertáció, Környezettudományi Doktori Iskola, Szegedi Tudományegyetem. 168.
52. 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.
53. KALBFLEISCH J. D. – PRENTICE R. L. (1980): *The Statistical Analysis of Failure Time Data*. John Wiley and Sons, New York.
54. KAPLAN E. L. – MEIER P. (1958): Nonparametric Estimation from Incomplete Observations. *Journal of the American Statistical Association*. 53. 282. 457-481.

55. KIM K. S. – LARSEN N. – SHORT T. – PLASTOW G. – ROTHSCHILD M. F. (2000): A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (*MC4R*) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mammalian Genome*. 11. 131–135.
56. KLEINBAUM D. G. – KLEIN M. (2012): *Survival Analysis: Self-Learning Text*. Third Edition Statistics for Biology and Health.
57. KMIEĆ M. – DYBUS A. – TERMAN A. (2001): Prolactin receptor gene polymorphism and its association with litter size in Polish Landrace. *Arch Tierz Dummerstorf*. 44. 547–551.
58. KMIEĆ M. – KULIG H. – WIERZBICKI H. (2006): Polymorphismus im leptin-gen in verbindung mit ausgewählten reproduktions-leistungen von ebern [Polymorphism of the leptin gene and its association with some performance reproductive traits of boars]. *Source of the Document Tierärztliche Umschau*. 61. 2. 77-83.
59. KMIEĆ M. – TERMAN A. (2006): Assosiations between the prolactin receptor gene polymorphism and reproductive traits of boars. *Journal of Applied Genetics*. 47. 139–141.
60. KNAUS W. (2009): Dairy cows trapped between performance demands and adaptability. *Journal of the Science Food and Agricultural*. 89. 1107-1114.
61. KOMLÓSI I. – VERESS L. (2001): *Általános állattenyésztés*. Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum Mezőgazdaságtudományi Kar. Egyetemi jegyzet, Debrecen.
62. KORWIN-KOSSAKOWSKA A. – KAPELAŃSKI W. – BOCIAN M. – KAMYCZEK M. – SENDER G. (2005): Preliminary study of the *RBP4*, *EGF* and *PTGS2* genes polymorphism in pigs and its association with reproduction traits of sows. *Animal Science Papers and Reports*. 23. 2. 95-105.
63. KOVÁCS J. (2000a): A sertés biológiai sajátosságai. in: Horn Péter (szerk): *Állattenyésztés 3. Sertés, nyúl, prémes állatok, hal*. Mezőgazda Kiadó, Budapest 2004. 18.
64. KOVÁCS J. (2000b): Sertésfajták és hibridek. in: Horn Péter (szerk): *Állattenyésztés 3. Sertés, nyúl, prémes állatok, hal*. Mezőgazda Kiadó, Budapest 2004. 141-155.
65. SCHANDL J. – HORN A. – KERTÉSZ F. (1956): *Sertésenyésztés*. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest 1956. 247.

66. KOVÁCS S. (2006): Az eseménytörténet-analízis módszertana és alkalmazása a nyerstej minőségének vizsgálataiban. Agrártudományi Közlemények. 20. 74-79.
67. KOVÁCS S. (2009): A technológiai kockázat elemzésének módszerei az állattenyésztésben. Doktori (PhD) értekezés. Debrecen. 148.
68. KOVÁCS F. (1984): Sertésenyésztők kézikönyve. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest. 105.
69. LENTH R. (2016). Least-squares means: the r package lsmeans. Journal of Statistical Software, 69. 1. 1 - 33.
70. LEBRETON J. D. – BURNHAM K. P. – CLOBERT J. – ANDERSON D. R. (1992): Modeling survival and testing biological hypotheses using marked animals: case studies and recent advances. Ecological Monographs. 62. 67-118.
71. LI F. E. – MEI S. Q. – DENG C. Y. – JIANG S. W. – ZUO B. – ZHENG R. – LI J. L. – XU D. Q. – LEI M. G. – XIONG Y. Z. (2008): Association of a microsatellite flanking *FSHB* gene with reproductive traits and reproductive tract components in pigs. Czech Journal of Animal Science. 53. 4. 139-144.
72. 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.
73. LIU J. J. – RAN X. Q. – LI S. – FENG Y. – WANG J. F. (2000): Polymorphism in the first intron of follicle stimulating hormone beta gene in three Chinese pig breeds and two European pig breeds. Animal Reproduction Science. 369-375.
74. 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.
75. LUORENG Z. – WANG L. X. – SUN S. D. (2007): Genetic polymorphism of *FSH b* subunit gene and correlation with reproductive traits in Beijing Black. PigYi chuan = Hereditas /Zhongguo yi chuan xue hui bian ji. 29. 12. 1497-1503.
76. MARANTIDIS A. – PAPADOPOULOS A. I. – MICHAILIDIS G. – AVDI M. (2013): Association of *BF* gene polymorphism with litter size in a commercial pig cross population. Animal Reproduction Science. 141. 75–79.
77. MAS T. – GANDARA I. – GÓMEZ M.J. – ESTEVE J. – CUESTA P. (2011): Arab konyha lépésről lépésre. Ford: Forgács Attila. HVG Kiadó, Budapest. 120
78. MCGREADY J. (2005): When Time is of Interest: The Case for Survival Analysis. John Hopkins University. 109.

79. MENCIK S. – BALENOVIC T. – LULIC S. – MODRIC M. – OSTOVIC M. – SUSIC V. STOKOVIC I. – EKERT KABALIN A. – (2012): Analysis of Estrogen receptor polymorphism and litter size traits in primiparous sows: preliminary results. *Krmiva* 54, Zagreb 3: 75-80.
80. 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.
81. MÉSZÁROS G. – PÁLÓS J. – DUCROCQ V. – SÖLKNER V. (2010): Heritability of longevity in Large White and Landrace sows using continuous time and grouped data models. *Genetics Selection Evolution*. 42. 1-13.
82. MIKHAĽOV N. V. – USATOV A. V. – GETMANTSEVA L. V. – BAKOEV S. I. (2014): Associations of *PRLR/AluI* gene polymorphism with reproductive, growth and meat quality traits in pigs. *Tsitol Genetics*. 48. 5. 60-4.
83. MINDEKOVÁ S. – TRAKOVICKÁ A. – TRANDZIK J. – BULECA J. R. – MARÓTI J. – AGÓTS Á. – JAKABOVÁ D. – MASSÁNYI P. – ZÖLDÁG L. (2010a): A szülők *LEPR* és *H-FABP* genotípusának összefüggése az ivadékok hújának zsírtartalmával sertésben. *Magyar Állatorvosok Lapja*. 132. 14–21.
84. MINDEKOVÁ S. – TRANDZIK J. – FECKOVÁ M. – BULECA J. – MARÓTI J. – AGÓTS R. – MASSÁNYI P. – ZÖLDÁG L. (2010b): Az *IGF2* gén genetikai struktúrája és variabilitása a szlovák házisertés fajtákban és a vaddisznóban. *Magyar Állatorvosok Lapja*. 132. 81–84.
85. MORAVČÍKOVÁ N. – TRAKOVICKÁ A. (2015): Association of SNPs in Porcine Estrogen Receptor Gene with Carcass Traits. *Animal Science and Biotechnologies*, 2015, 48 (1).
86. MOSTYN A. – ATTIG L. – LARCHER T. – DOU S. – CHAVATTE-PALMER P. – BOUKTHIR M. – GERTLER A. – DJIANE J. E. – SYMONDS M. - ABDENNEBI-NAJAR L. (2014): *UCPI* is present in porcine adipose tissue and is responsive to postnatal leptin. *Journal of Endocrinology*. 223. 1. 31-8.
87. MUCHA A. – ROPKA-MOLIK K. – PIÓRKOWSKA K. – TYRA M. – OCZKOWICZ M. (2013): Effects of *EGF*, *AREG* and *LIF* genes polymorphismson reproductive traits in pigs. *Animal Reproduction Science*. 137. 88-92.

88. MURRAY D. L. – PATTERSON B. R. (2006): Wildlife survival estimation: recent advances and future direction. *Journal of Wildlife Management*. 70. 6. 1499-1503.
89. MUÑOZ G. – ALCÁZAR E. – FERNÁNDEZ A. – BARRAGÁN C. – CARRASCO A. – DE PEDRO E. – SILIÓ L. – SÁNCHEZ J. L. – RODRÍGUEZ M. C. (2011): Effects of porcine *MC4R* and *LEPR* polymorphisms, gender and Duroc sire line on economic traits in Duroc × Iberian crossbred pigs. *Meat Science*. 88. 1. 73-169.
90. NAGY I. – KUSZA SZ. (2015): Teljesítményvizsgálatok, tenyésztérbecslés és szelekció a sertésenyésztésben. in: Novotniné Dr. Dankó Gabriella (szerk): *Sertésenyésztés. Szaktudás Ház Kiadó, Budapest, 2015. 59-75.*
91. NAGY I. – CSATÓ L. – FARKAS J. – RADNÓCZI L. – VÍGH ZS. (2002): A magyar nagy fehér hússertés és magyar lapálysertés központi hízekonyságvizsgálatának (HVT) elemzése túlélés becslés (survival analysis) alkalmazásával. *Acta Agraria Debreceniensis*. 9. 37-40.
92. Net1: Erdélyi Múzeum 1892. 10. sz: Fogarasi történeti emlékek http://epa.oszk.hu/00900/00979/00048/pdf/EM_1892_09_10_607-639.pdf (letöltve: 2016.01.21.)
93. Net2: Dublec K. (2011): Állati termékek táplálkozás-élettani szerepe. Digitális tankönyv. Pannon Egyetem http://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop425/0059_allati_termekek_tapl_elletani_szerepe/adatok.html<http://stats.oecd.org/viewhtml.aspx?QueryId=58643&vh=0000&vf=0&l=&il=&lang=en> (letöltve: 2013.11.27.)
94. Net3: Húsfogyasztás várható alakulása <http://www.mangalicatenyesztok.hu/downloads/publikaciok/2013%20farmer%20expo/Szepe%20Ferenc%20%20Farmer%20Expo%2013-08-17.pdf> (letöltve: 2016.02.04.)
95. Net4: Szőke mangalica kép <http://www.mangalicatenyesztok.hu/fajtak.html> (letöltve: 2016.02.25.)
93. Net5: <http://mek.niif.hu/02100/02152/html/02/356.html> (letöltve: 2016.02.25.)
96. Net6: Magyar nagyfehér hússertés <http://www.mfse.eu/hu/fajtaismertetes/hu/%5B3%5DMagyar-nagyfeher-sertes> (letöltve. 2015.03.11.)
97. Net7: Pietrain sertés

- <http://hungapig.hu/a-hungahib-sertes> (letöltve. 2015.03.11.)
98. Net8: Duroc sertés (kép)
<https://iowaagliteracy.wordpress.com/tag/ag101/page/3/>(letöltve. 2015.03.11.)
99. Net9: Properdin hormon szerkezete <http://www.alphalabs.co.uk/research-reagents/antibodies-and-immunohistochemistry-reagents/primary-antibodies-m-to-z-list/properdin/hyb-039-06-02> (letöltve. 2015.08.10.)
100. Net10: Humán epidermális növekedési faktor hormon szerkezete
<http://www.rcsb.org/pdb/explore.do?structureId=1rw5> (letöltve. 2015.08.11.)
101. Net11: Ösztrogén hormon szerkezete
<http://blog.novahealththerapy.com/hormones-and-your-health/low-estrogen-common-causes-symptoms-and-treatment-options> (letöltve. 2015.08.11.)
102. Net12: Dr. Fésüs László, ÁTK Molekuláris Genetikai Laboratórium Az ösztrogén receptor gén (*ESR*) és hatása az alomnagyságra sertésekben
http://miau.gau.hu/osiris/content/docs/atk/fesus_jan.html (letöltve. 2015.03.11.)
103. NET13: Humán follikululus stimuláló hormon kémiai szerkezete
http://hu.123rf.com/photo_16083541_stock-photo.html (letöltve. 2015.08.11.)
104. Net14: Nukleoszóma szerkezete <https://it.wikipedia.org/wiki/Istone> (letöltve. 2015.08.11.)
105. Net15: Leptin hormon szerkezete http://hu.123rf.com/profile_elec (letöltve. 2015.08.11.)
106. Net16: Leptin hormon működésének mechanizmusa
http://www.nature.com/nm/journal/v16/n10/fig_tab/nm1010-1100_F3.html
(letöltve. 2015.07.01.)
107. Net17: Prolaktin hormon szerkezete
<http://www.rcsb.org/pdb/explore.do?structureId=1rw5> (letöltve. 2015.08.11.)
108. 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.
109. NOVOTNINÉ DANKÓ G. (2015): Sertésenyésztés. Szaktudás Kiadó Ház, Budapest. 238
110. ONTERU S. K. – FAN B. – DU Z. Q. – STALDER K. J. – ROTHSCILD M. F. (2012): A whole-genome association study for pig reproductive traits. *Animal Genetics*. 43. 1. 18-26.

111. ÓVILO C. – FERNÁNDEZ A. – NOGUERA J. L. – BARRAGAN C. – LETON R. – RODRIGUEZ C. – MERCADE A. – ALVES E. – FOLCH J. M. – VARONA L. – TORO M. (2005): Fine mapping of porcine chromosome 6 QTL and *LEPR* effects on body composition in multiple generations of an Iberian by Landrace intercross. *Genetics Research*. 85. 57–67.
112. PENG M. – PALIN M. F. – VÉRONNEAU S. – LEBEL D. – PELLETIER G. (1997): Ontogeny of epidermal growth factor, *EGF* receptor and basic fibroblast growth factor mRNA levels in pancreas, liver, kidney, and skeletal muscle of pig. *Domestic Animal Endocrinology*. 14. 5. 286-294.
113. PIÓRKOWSKA K. – TYRA M. – ROGOZ M. – ROPKA-MOLIK K. – CZKOWICZ O. M. – ROZYCK M. (2010): Association of the melanocortin-4 receptor (*MC4R*) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Science*. 85. 297–300.
114. POND W. G. – MANER J. H. (1984): *Animal Science Texbook Series Swine production and nutrition*. The Avi Publishing Company, INC., USA.
115. POPP J. (2014): Hatékonyság és foglalkoztatás a magyar mezőgazdaságban. *Gazdálkodás*. 58. 2. 73-184.
116. POPP J. – BALOGH P. (2015): A sertésenyésztés, sertéstartás világ és nemzetgazdasági jelentősége. in: Novotniné Dr. Dankó Gabriella (szerk): *Sertésenyésztés*. Szaktudás Ház Kiadó, Budapest, 2015. 13-18.
117. PÖTTER U. – Rohwer G. (2007): *Introduction to Event History Analysis*. <http://www.stat.ruhr-uni-bochum.de/pub/eha/eha082.pdf> (letöltve: 2015. 04.01.)
118. ROTHSCHILD M. – JACOBSON C. – VASKE D. – TUGGLE C. – WANG L. – SHORT T. – ECKARDT G. – SASAKI S. – VINCENT A. – MCLAREN D. – SOUTHWOOD O. – STEEN H. – MILEHAM A. – PLASTOW G. (1996): The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 93. 201-205.
119. ROTHSCHILD M. F. – VINCENT A. L. – TUGGLE C. K. – EVANS G. – SHORT T. H. SOUTHWOOD O. I. (1998): A mutation in the prolactin receptor gene is associated with increased litter size in pigs. *Animal Genetics*. 29. 60–74.
120. SANTOS V. S. – MARTINS FILHO S. – RESENDE M. D. V. – AZEVEDO C. F. – LOPES P. S. – GUIMARÃES S. E. F. – GLÓRIA L. S. – SILVA F. F.

- (2015): Genomic selection for slaughter age in pigs using the Cox frailty model. *Genetics and Molecular Research*. 14. 4. 12616-12627.
121. SCHNEIDER J. F. – NONNEMAN D. J. – WIEDMANN R. T. – VALLET J. L. – ROHRER G. A. (2014): Genomewide association and identification of candidate genes for ovulation rate in swine. *Journal Animal Science*. 92. 9. 3792-803.
122. SHORT 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.
123. SIRONEN A. I. – UIMARI P. – SERENIUS T. – ROTHSCCHILD M. – VILKKI J. (2010): Effect of polymorphisms in candidate genes on reproduction traits in finnish pig populations. *Journal of Animal Science*. 88. 3. 821-827.
124. SOUTHWOOD O. I. – SHORT T. H. – PLASTOW G. S. – ROTHSCCHILD M. F. (1999): A genetic marker for litter size in Landracebased pig lines. *EAAP Zurich*. August 5. 1. 22–26.
125. SOLTÉSZ A. (2015): Kockázatelemzési módszerek alkalmazása kocák élettartamának és élettéljesítményének vizsgálata során. Doktori (PhD) értekezés. Debrecen. 118.
126. SZABÓ F. (2004): Általános állattenyésztés. Budapest, Mezőgazda Kiadó, 2004. 396.
127. SZŐKE SZ. (2005): A variancia és a beltenyésztettség vizsgálata számítógépes szimulációval. Doktori (PhD) értekezés. Debrecen. 122.
128. SZYNDLER-NĘDZA M. – TYRA M. – ROPKA-MOLIK K. – PIÓRKOWSKA K. – MUCHA A. – RÓŻYCKI M. – KOSKA M. – SZULC K. (2013): Association between *LEPR* and *MC4R* genes polymorphisms and composition of milk from sows of dam line. *Molecular Biology Reports*. 40. 7. 4339-47.
129. TAO Y. X. (2010): The Melanocortin-4 Receptor: Physiology, pharmacology, and pathophysiology. *Endocrine Reviews*. 31. 506–543.
130. TEMPFLI K. – SIMON ZS. – FARKAS G. – BALI PAPP Á. (2011): Effect of prolactin receptor genotype on the litter size of mangalica. *Acta Veterinaria Hungarica*. 59. 269-277.

131. TERMAN A. – KMIEĆ M. – POLASIK D. – HEUVEN H. C. M. (2008): Punktuelle mutation am Leptin-Gen (*LEP*) und reproduktionsmerkmale bei sauen (Point mutation of the Leptin-Gene and reproduction characteristics in sows). Source of the Document Tierärztliche Umschau. 63. 10. 554-556.
132. TERMAN A. (2005): Effect of the polymorphism of prolactin receptor (*PRLR*) and leptin (*LEP*) genes on litter size in Polish pigs. Original Article. 0931-2668.
133. THUY N. T. D – THUY N. T. – CUONG N. V. (2006): Genetic polymorphism of Prolactin receptor gene in Mong Cai pig. Proceeding of international workshop on biotechnology in agriculture. Nong Lam University Ho Chi Minh city, October 20-21, 2006, 1-3.
134. TRAKOVICKÁ A. – MILUCHOVA M. – GÁBOR M. (2006): Analysis of polymorphism of *ESR* (PVUII) gene of pig by method PCR-RFLP. Acta fytotechnica et zootechnica – Mimoriadneč íslo Nitra, Slovaca Universitas Agriculturae Nitriae, 18. 18-19.
135. UIMARI P. – SIRONEN A. – SEVÓN-AIMONEN M. L. (2011): Whole-genome SNP association analysis of reproduction traits in the Finnish Landrace pig breed. Genetics Selection Evolution. 43-42.
136. 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.
137. VAN DER LENDE T. – PASM T. F. W. – VEERKAMP R. F. – LIEFERS S. C. (2005): Leptin gene polymorphisms and their phenotypic associations. Vitamins and Hormones. 71. 373–404.
138. VAN RENS B. T. – VAN DER LENDE T. (2002): Litter size and piglet traits of gilts with different prolactin receptor genotypes. Theriogenology. 57. 883-893.
139. VAN RENS B. T. – HAZELEGER W. – VAN DER LENDE T. (2000): Perioovulatory hormone profiles and components of litter size in gilts with different estrogen receptor (*ESR*) genotypes. Theriogenology. 53. 1357–1387.
140. VILLALBA D. – TOR M. – VIDAL O. – BOSCH L. – REIXACH J. – AMILLS M. – SANCHEZ A. – ESTANY J. (2009): An age-dependent association between a leptin C3469T single nucleotide polymorphism and intramuscular fat content in pigs. Livestock Science. 121. 335–338.

141. VINCENT A. L. – WANG L. – TUGGLE C. K. – ROBIC A. – ROTHSCHILD M. F. (1997): Prolactin receptor maps to pig Chromosome 16. *Mammalian Genome*. 8. 793-794.
142. VINCENT A. L. – EVANS G. – SHORT T. H. – SOUTHWOOD O. I. – PLASTOW G. S. – TUGGLE C. K. – ROTHSCHILD M. F. (1998): The prolactin receptor gene is associated with increased litter size in pigs. *Proc. 6th World Cong. Genet. App. Livest. Prod.* 27. 15–18.
143. WANG X. – WANG L. – LUO RENG Z. – SUN S. (2008): Analysis of *PRLR* and *BF* Genotypes Associated with Litter Size in Beijing Black Pig Population. *Agricultural Sciences in China*. 7(11): 1374-1378.
144. WU Z. F. – LIU D. W. – WANG Q. L. – CHEN Y. S. – ZHANG H. (2006): Study on the Association Between Estrogen Receptor Gene (*ESR*) and Reproduction Traits in Landrace Pigs. *Acta Genetica Sinica*. 33. 8. 711-716.
145. XING-PING W. – LI-XIAN W. – ZHUO-MA L. R. – SHI-DUO S. (2008): Analysis of *PRLR* and *BF* Genotypes Associated with Litter Size in Beijing Black Pig Population. *Agricultural Sciences in China*. 7. 11. 1374-1378.
146. YE L. Z. – NIU B. Y. – LUO L. F. – SHAO G. C. – MEI S. Q. – DENG C. Y. – JIANG S. W. – XIONG Y. Z. – LI F. E. (2009): Simultaneous identification and combined genotype effects analysis of pre-implantation protein 3 (*prei3*) and estrogen receptor (*ESR*) gene in pigs. *Livestock Science*. 125. 80-83.
147. 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.
148. ZÖLDÁG L. (2008): A szaporaság genetikai alapjai emlős háziállatokban. *Animal Welfare, Etológia és Tartástechnológia*. 4. 2. 474-482.
149. ZÖLDÁG L. (2012): Állatorvosi genetika és állattenyésztés. Szent István Egyetem Állatorvostudományi Kar, Budapest. 431.
150. ZELKO I. N. – MARIANI T. J. – FOLZ R. J. (2002): Superoxide dismutase multigene family: a comparison of the CuZn-SOD (*SOD1*), Mn-SOD (*SOD2*), and EC-SOD (*SOD3*) gene structures, evolution, and expression. *Free Radical Biology and Medicine*. 33. 3. 337–349.
151. ZOMBORSZKYNÉ KOVÁCS M. (2000): A sertés szaporasáabiológiája. in: Horn Péter (szerk), *Állattenyésztés* 3. Sertés, nyúl, prémes állatok, hal. Budapest, Mezőgazda Kiadó, 2000. 30-40.

152. 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.

12. 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 vizsgálatainak 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 brojlerok 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 pecsenyecsírkék 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.



13. Nyilatkozatok

NYILATKOZAT

Ezen értekezést a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola keretében készítettem, a Debreceni Egyetem doktori (Ph.D.) fokozatának elnyerése céljából.

Debrecen, 20.....

.....
a jelölt aláírása

NYILATKOZAT

Tanúsítom, hogy Baginé Hunyadi Ágnes doktorjelölt 2014-2016 között a fent megnevezett Doktori Iskola keretében irányításunkkal végezte munkáját. Az értekezésben foglalt eredményekhez a jelölt önálló alkotó tevékenységével meghatározóan hozzájárult, az értekezés a jelölt önálló munkája. Az értekezés elfogadását javasoljuk.

Debrecen, 20.....

.....
a témavezető aláírása

.....
a témavezető aláírása

14. Mellékletek

Rövidítések jegyzéke

AREG: amphiregulin

BF: properdin gén

bFGF: a fibroblaszt növekedési faktort

CFB: Complement Factor B

EGF: epidermális növekedési faktor gén

EGFR: epidermális növekedési faktor receptor

ESR: ösztrogén receptor gén

FSH β : follikulus-stimuláló hormon béta algsység

FR: Farrowing Rate (fialási ráta)

GAS: Gene Assistant Selection (gének segítette szelekció) és a GS

GS: Gene Selection (genomikus tenyésztésre alapozott szelekció)

GR: Grow Rate (felnevelési ráta)

H2A.Z: H2A hiszton család Z tagja

H2AFZ: H2A hiszton család Z tagjának génje

IBL: Intervall Born Litter (két fialás között eltelt idő)

IUGR: intrauterine growth retardation (méhen belüli növekedési retardációt)

LEP: leptin gén

LIF: Leukemia Inhibitory Factor

M21D: Mean 21 Days (21 napos kori választott darabszám átlaga)

MAS: Marker Assisted Selection (marker alapú szelekció)

MBA: Number Born Alive (élve született átlag)

MBD: Mean Born Dead (holtan született átlag)

MBT: Mean Born Total (összes született átlag)

N21D: Number 21 Days (21 napos kori választott malacsám)

NBA: Number Born Alive (élve született szám)

NBD: Number Born Dead (holtan született szám)

NL: Number Litters (alomszám)

PCR: Polymerase Chain Reaction (polimeráz láncreakció)

PCR-RFLP: Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism

PL: Percentage Litter (fialási százalék)

PRLR: prolaktin receptor gén

RR: Raising Rate (felnevelési százalék)

QTL: Quantitative Trait Locus (kvantitatív jelleget meghatározó lókus)

RFamide-Related Peptide (*RFRP*) gén: *RF* amidhoz kapcsolódó peptid (*RFRP*) gén

RFLP: restrikciós fragment hossz polimorfizmus

SOD1 gén: szuperoxid dizmutáz 1 gén

Taq polimeráz: *Thermophilus aquaticus* polimeráz

TNB: Total Number Born (összes született malacsám)

Ábrák jegyzéke

1. *ábra*: A világ sertéshústermelésének várható alakulása
2. *ábra*: Magyarország sertéshústermelésének várható alakulása
3. *ábra*: A húsfogyasztás alakulása Magyarországon
4. *ábra*: A húsfogyasztás összetétele Magyarországon
5. *ábra*: Szőke mangalica
6. *ábra*: Magyar nagyfehér hússertés
7. *ábra*: Pietrain sertés
8. *ábra*: Duroc sertés
9. *ábra*: Női nemi hormonok közötti interakciók
10. *ábra*: Properdin hormon szerkezete
11. *ábra*: Humán epidermális növekedési faktor szerkezete
12. *ábra*: Ösztrogén hormon szerkezete
13. *ábra*: Humán follikulus stimuláló hormon szerkezete
14. *ábra*: Nukleoszóma szerkezete
15. *ábra*: Leptin hormon szerkezete
16. *ábra*: Leptin hormon működésének mechanizmusa
17. *ábra*: Prolaktin hormon szerkezete
18. *ábra*: Prolaktin hormon működése
19. *ábra*: Túlélési függvény általános alakja
20. *ábra*: Kockázati függvény általános alakja
21. *ábra*: Kaplan-Meier túlélési görbék két csoport esetén
22. *ábra*: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az SmaI enzimmel történő emésztést követően (*BF* gén)
23. *ábra*: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *BF* gén esetében
24. *ábra*: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe (*BF* gén)
25. *ábra*: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban az *EGF* gén esetében
26. *ábra*: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az PvuII enzimmel történő emésztést követően (*ESR* gén)
27. *ábra*: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban az *ESR* gén esetében
28. *ábra*: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az α TaqI enzimmel történő emésztést követően (*FSH β* gén)
29. *ábra*: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban az *FSH β* gén esetében

30. *ábra*: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az Bsu151 enzimmel történő emésztést követően (*H2AFZ* gén)
31. *ábra*: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *H2AFZ* gén esetében
32. *ábra*: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az HinfI enzimmel történő emésztést követően (*LEP* gén)
33. *ábra*: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *LEP* gén esetében
34. *ábra*: A PCR termék agaróz gélelektroforézis képe az AluI enzimmel történő emésztést követően (*PRLR* gén)
35. *ábra*: A szignifikáns különbséget mutató tulajdonságok alakulása a fajták genotípusaiban a *PRLR* gén esetében
36. *ábra*: Két fialás közötti napok számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban a *BF* gén esetében
37. *ábra*: Két fialás közötti napok számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében
38. *ábra*: Fialások számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében
39. *ábra*: Élve született malacok számának alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében
40. *ábra*: Összes született malacsám alakulása a magyar nagyfehér hússertés genotípusaiban az *EGF* gén esetében
41. *ábra*: Tenyészkocák túlélési függvényei fajtánként
42. *ábra*: Tenyészkocák kockázati függvényei fajtánként
43. *ábra*: A gének alléljainak hatása a tulajdonságokra a genotípusok vonatkozásában
44. *ábra*: A gének alléljainak hatása a tulajdonságokra a fajták vonatkozásában
45. *ábra*: A gének alléljainak hatása a tulajdonságokra a genotípusok és a fajták interakciójában
46. *ábra*: Gének pontmutációinak hatása a tulajdonságokra

Táblázatok jegyzéke

- 1. táblázat:* A polimorfizmus vizsgálatok jellemzői
- 2. táblázat:* Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a properdin gén esetében
- 3. táblázat:* Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei az epidermális növekedési faktor gén esetében
- 4. táblázat:* Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei az ösztrogén receptor gén gén esetében
- 5. táblázat:* Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a folliculus stimuláló hormon béta alegység gén esetében
- 6. táblázat:* Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a *H2A* hiszton család *Z* tagja gén esetében
- 7. táblázat:* Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a leptin gén esetében
- 8. táblázat:* Az egyes termelési paraméterek fajták szerinti szignifikáns különbségei a prolaktin receptor gén esetében
- 9. táblázat:* A három fajta termelési paramétereinek bemutatása és a szignifikáns eltérések jelölése
- 10. táblázat:* A túlélés elemzés log-rank tesztjének eredményei a három fajta esetében
- 11. táblázat:* Az egyes fajták kockázati rátájának eredményei a Cox-modell alapján számítva

Mellékletek jegyzéke

1. melléklet: A vizsgált gének és allél gyakoriságok megoszlása a különböző fajták esetében
2. melléklet: A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása a *BF* gén esetében
3. melléklet: A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása az *EGF* gén esetében
4. melléklet: A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása az *ESR* gén esetében
5. melléklet: A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása az *FSH β* gén esetében
6. melléklet: A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása a *H2AFZ* gén esetében
7. melléklet: A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása a *LEP* gén esetében
8. melléklet: A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása a *PRLR* gén esetében
9. melléklet: A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *BF* gén esetében
A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *EGF* gén esetében
A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei az *ESR* gén esetében
A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei az *FSH β* gén esetében
A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *H2AFZ* gén esetében
A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *LEP* gén esetén
A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *PRLR* gén esetében
10. melléklet: Magyar nagyfehér hússertés eltérő genotípusainak szaporasági tulajdonságok szerinti eredményei
11. melléklet: A vizsgált termelési tulajdonságok leíró statisztikai eredményei a három fajta esetében
12. melléklet: A vizsgált termelési tulajdonságok ANOVA táblázatainak eredményei a három fajta esetében
13. melléklet: A termelési paraméterek alakulása a vizsgált három fajta esetében I.
A termelési paraméterek alakulása a vizsgált három fajta esetében II.
A termelési paraméterek alakulása a vizsgált három fajta esetében III.
A termelési paraméterek alakulása a vizsgált három fajta esetében IV.

A vizsgált gének és allél gyakoriságok megoszlása a különböző fajták esetében

Gén	magyar nagyfehér húsertés					duroc					pietrain					
	AA*	BB**	AB***	χ^2 d.f. = 1	P	AA*	BB**	AB***	χ^2 d.f. = 1	P	AA*	BB**	AB***	χ^2 d.f. = 1	P	
BF	n _o	-	67	26	2,46	0,117	-	6	3	0,36	0,549	-	12	3	0,19	0,667
	n _e	1,82	68,82	22,37			0,25	6,25	2,5			0,15	12,15	2,7		
	an	A 0,14	B 0,86				A 0,17	B 0,83				A 0,10	B 0,90			
EGF	n _o	6	62	25	2,28	0,131	-	7	2	0,14	0,708	-	14	1	0,02	0,894
	n _e	3,68	59,68	29,64			0,11	7,11	1,78			0,02	14,02	0,97		
	an	A 0,21	B 0,79				A 0,11	B 0,89				A 0,03	B 0,97			
ESR	n _o	23	-	70	33,87	0,000	9	-	-	-	-	12	-	3	0,19	0,667
	n _e	36,17	13,17	43,66								12,15	0,15	2,7		
	an	A 0,62	B 0,38				A 1	B -				A 0,90	B 0,10			
FSHβ	n _o	3	37	53	9,26	0,002	-	9	-	-	-	-	9	6	0,94	0,333
	n _e	9,36	43,36	40,28								0,6	9,6	4,8		
	an	A 0,32	B 0,68				A -	B 1				A 0,20	B 0,80			
H2AFZ	n _o	69	4	20	2,36	0,125	2	3	4	0,09	0,764	11	-	4	0,36	0,551
	n _e	67,11	2,11	23,78			1,78	2,78	4,44			11,27	0,27	3,47		
	an	A 0,85	B 0,15				A 0,44	B 0,56				A 0,87	B 0,13			
LEP	n _o	72	3	18	1,79	0,180	6	-	3	0,36	0,549	9	-	6	0,94	0,333
	n _e	70,55	1,55	20,90			6,25	0,25	2,5			9,6	0,6	4,8		
	an	T 0,87	C 0,13				T 0,83	C 0,17				T 0,80	C 0,20			
PRLR	n _o	40	16	37	2,02	0,155	-	6	3	0,36	0,549	6	3	6	0,42	0,519
	n _e	36,8	12,8	43,4			0,25	6,25	2,5			5,4	2,4	7,2		
	an	A 0,63	B 0,37				A 0,17	B 0,83				A 0,59	B 0,41			

n: genotípusok száma

* *LEP* esetében TT

an: allél frekvenciák

** *LEP* esetében CC*** *LEP* esetében TC

no: tapasztalt allélgyakoriság

ne: várt allélgyakoriság

A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása a *BF* gén esetében*

tényező tulajdonság		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 malacok számának átlaga (MBT)		
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba	
AA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AB		160,77	9,49	a	79,55	3,66	a	4,93	0,57	a	9,70	0,50	a	0,81	0,16	a	10,51	0,53	a
BB		170,42	5,82	a	79,98	2,24	a	5,01	0,35	a	9,85	0,31	a	1,00	0,10	a	10,85	0,32	a
fajta																			
duroc		157,15	11,98	a	81,98	4,62	a	4,83	0,72	a	9,18	0,63	a	1,06	0,20	b	10,25	0,66	a
MNF		168,77	3,92	a	76,55	1,51	a	5,32	0,23	a	11,08	0,21	b	0,30	0,07	a	11,38	0,22	a
pietrain		170,86	10,94	a	80,75	4,22	a	4,75	0,66	a	9,05	0,57	a	1,35	0,18	b	10,40	0,61	a
genotípus fajta																			
AA	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AB	duroc	158,06	19,57	a	82,22	7,55	a	4,67	1,17	a	9,50	1,03	ab	0,90	0,33	abc	10,40	1,08	a
BB	duroc	156,25	13,84	a	81,75	5,34	a	5,00	0,83	a	8,87	0,73	a	1,22	0,23	c	10,10	0,77	a
AA	MNF	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AB	MNF	173,70	6,65	a	74,48	2,56	a	5,12	0,40	a	11,26	0,35	b	0,20	0,11	a	11,46	0,37	a
BB	MNF	163,85	4,14	a	78,62	1,60	a	5,52	0,25	a	10,91	0,22	ab	0,40	0,07	ab	11,31	0,23	a
AA	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AB	pietrain	150,56	19,57	a	81,94	7,55	a	5,00	1,17	a	8,33	1,03	ab	1,33	0,33	bc	9,67	1,08	a
BB	pietrain	191,16	9,78	a	79,56	3,77	a	4,50	0,59	a	9,77	0,51	ab	1,38	0,16	c	11,14	0,54	a
tényező tulajdonság		Élve született malacok száma (NBA)			Holtan született malacok száma (NBD)			Összes született malacszám (TNB)			21 napos választott malacszám átlaga (M21D)			Felnevelési ráta (GR)					
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba				
AA		48,50	7,11	a	3,91	0,87	a	NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AB		49,87	4,36	a	4,77	0,53	a	52,41	7,36	a	8,81	0,33	a	91,60	4,32	a			
BB		NA	NA		NA	NA		54,65	4,51	a	9,22	0,20	a	91,08	2,65	a			
fajta																			
duroc		44,75	8,98	a	5,00	1,09	b	49,75	9,30	a	8,35	0,41	a	90,17	5,46	a			
MNF		59,52	2,93	a	1,66	0,36	a	61,18	3,04	a	9,93	0,13	b	89,39	1,79	a			
pietrain		43,29	8,19	a	6,38	1,00	b	49,67	8,49	a	8,76	0,38	a	94,46	4,99	a			
genotípus fajta																			
AA	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AB	duroc	44,33	14,66	a	4,00	1,79	abc	48,33	15,18	a	8,30	0,67	ab	88,33	8,92	a			
BB	duroc	45,17	10,36	a	6,00	1,26	bc	51,17	10,74	a	8,40	0,47	a	92,00	6,31	a			
AA	MNF	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AB	MNF	58,50	4,98	a	1,08	0,61	a	59,58	5,16	a	10,00	0,23	b	88,46	3,03	a			
BB	MNF	60,54	3,10	a	2,24	0,38	ab	62,78	3,21	a	9,87	0,14	b	90,31	1,89	a			
AA	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AB	pietrain	42,67	14,66	a	6,67	1,79	bc	49,33	15,18	a	8,13	0,67	ab	98,00	8,92	a			
BB	pietrain	43,92	7,33	a	6,08	0,89	c	50,00	7,59	a	9,38	0,34	ab	90,92	4,46	a			

NA: nincs adat,

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása az *EGF* gén esetében*

tényező \ tulajdonság		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 malac szám átlaga (MBT)		
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba	
AA		159,19	12,90	a	71,68	5,25	a	7,33	0,81	b	12,10	0,73	b	0,21	0,23	a	12,32	0,77	a
AB		218,66	13,07	b	85,80	5,32	a	4,11	0,82	a	9,84	0,74	ab	1,21	0,24	b	11,05	0,78	a
BB		164,34	5,06	a	79,65	2,06	a	5,06	0,32	a	9,78	0,28	a	0,93	0,09	b	10,72	0,30	a
fajta																			
duroc		157,20	12,67	a	81,82	5,16	a	4,75	0,79	a	9,48	0,71	a	1,04	0,23	b	10,52	0,75	a
MNF		166,53	4,98	a	75,26	2,03	a	5,88	0,31	a	11,26	0,28	a	0,31	0,09	a	11,57	0,30	a
pietrain		247,09	16,36	b	89,31	6,66	a	3,86	1,02	a	9,10	0,92	a	1,82	0,29	b	10,92	0,97	a
genotípus \ fajta																			
AA	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AB	duroc	157,83	22,35	a	81,50	9,11	a	4,50	1,40	ab	10,20	1,26	ab	0,95	0,40	ab	11,15	1,33	a
BB	duroc	156,57	11,95	a	81,86	4,87	a	5,00	0,75	ab	8,76	0,67	a	1,16	0,22	b	9,93	0,71	a
AA	MNF	159,18	12,90	a	71,83	5,26	a	7,33	0,81	b	12,10	0,73	b	0,22	0,23	a	12,32	0,77	a
AB	MNF	177,14	6,32	a	75,80	2,58	a	4,84	0,40	a	10,63	0,36	ab	0,38	0,11	a	11,01	0,38	a
BB	MNF	163,26	4,05	a	78,44	1,65	a	5,48	0,25	ab	11,06	0,23	b	0,34	0,07	a	11,39	0,24	a
AA	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AB	pietrain	321,00	31,61	b	100,00	12,88	a	3,00	1,98	ab	8,70	1,78	ab	2,30	0,57	b	11,00	1,88	a
BB	pietrain	173,19	8,45	a	78,57	3,44	a	4,71	0,53	ab	9,54	0,48	a	1,30	0,15	b	10,84	0,50	a
tényező \ tulajdonság		Élve született malacok száma (NBA)			Holtan született malacok száma (NBD)			Összes született malacszám (TNB)			21 napos választott malacszám átlaga (M21D)			Felnevelési ráta (GR)					
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba				
AA		89,50	9,88	b	1,17	1,29	a	90,67	10,32	b	10,30	0,48	b	85,03	6,31	a			
AB		41,31	10,01	a	4,37	1,31	ab	45,69	10,46	a	9,63	0,49	ab	86,14	6,38	a			
BB		50,06	3,88	a	4,58	0,51	b	54,65	4,05	a	9,04	0,19	a	91,40	2,47	a			
fajta																			
duroc		45,46	9,71	a	4,86	1,27	ab	50,32	10,14	a	8,59	0,47	a	90,33	6,19	a			
MNF		67,26	3,81	a	1,72	0,50	a	68,98	3,98	a	10,01	0,18	b	88,87	2,43	a			
pietrain		35,46	12,53	a	6,57	1,63	b	42,04	13,08	a	9,53	0,61	ab	85,20	7,99	a			
genotípus \ fajta																			
AA	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AB	duroc	46,50	17,12	ab	4,00	2,23	abc	50,50	17,88	ab	9,00	0,83	ab	89,50	10,91	a			
BB	duroc	44,43	9,15	a	5,71	1,19	bc	50,14	9,56	a	8,19	0,44	a	91,14	5,83	a			
AA	MNF	89,50	9,88	b	1,17	1,29	ab	90,67	10,32	b	10,32	0,48	b	85,17	6,30	a			
AB	MNF	51,44	4,84	a	2,12	0,63	ab	53,56	5,06	a	9,90	0,24	b	91,92	3,09	a			
BB	MNF	60,84	3,10	a	1,89	0,40	a	62,72	3,24	a	9,85	0,15	b	89,64	1,98	a			
AA	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AB	pietrain	26,00	24,21	ab	7,00	3,16	abc	33,00	25,28	a	10,00	1,18	ab	77,00	15,43	a			
BB	pietrain	44,93	6,47	a	6,14	0,84	c	51,07	6,76	ab	9,07	0,31	ab	93,43	4,12	a			

NA: nincs adat

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása az ESR gén esetében*

tényező \ tulajdonság		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 malacszám átlaga (MBT)		
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba	
AA		164,53	5,54	a	79,22	2,11	a	5,12	0,33	a	9,97	0,29	a	0,85	0,09	a	10,81	0,30	a
AB		188,72	10,02	b	83,74	3,83	a	5,11	0,59	a	10,26	0,53	a	1,13	0,16	a	11,39	0,55	a
BB		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
fajta																			
duroc		156,85	11,33	a	81,91	4,33	a	4,89	0,67	a	9,07	0,59	a	1,11	0,19	b	10,18	0,62	a
MNF		164,28	4,08	a	77,73	1,56	a	5,59	0,24	a	11,13	0,21	b	0,29	0,07	a	11,42	0,22	a
pietrain		192,61	10,97	a	83,88	4,19	a	4,75	0,65	a	9,54	0,57	a	1,56	0,18	b	11,10	0,60	a
genotípus	fajta																		
AA	duroc	156,85	11,33	a	81,90	4,33	a	4,89	0,67	a	9,08	0,60	a	1,11	0,19	b	10,20	0,63	a
AB	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
BB	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AA	MNF	159,67	7,09	a	78,26	2,71	a	5,96	0,42	a	11,30	0,37	b	0,19	0,12	a	11,58	0,39	a
AB	MNF	168,88	4,06	a	77,20	1,55	a	5,26	0,24	a	10,88	0,22	b	0,39	0,07	a	11,26	0,23	a
BB	MNF	NA	NA		NA	NA		3,00	2,01	a	NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AA	pietrain	176,75	9,84	a	77,48	3,75	a	4,50	0,58	a	9,43	0,52	ab	1,24	0,16	b	10,68	0,54	a
AB	pietrain	208,67	19,68	a	90,28	7,50	a	5,00	1,16	a	9,67	1,03	ab	1,87	0,32	b	11,50	1,09	a
BB	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
tényező \ tulajdonság		Élve született malacok száma (NBA)			Holtan született malacok száma (NBD)			Összes született malacszám (TNB)			21 napos választott malacszám átlaga (M21D)			Felnevelési ráta (GR)					
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba				
AA		51,67	4,06	a	4,04	0,50	a	55,71	4,22	a	9,04	0,19	a	89,63	2,47	a			
AB		52,90	7,36	a	5,41	0,91	a	58,30	7,64	a	9,82	0,34	b	89,72	4,48	a			
BB		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
fajta																			
duroc		44,89	8,32	a	5,33	1,03	b	50,22	8,64	a	8,36	0,39	a	90,80	5,06	a			
MNF		62,53	3,00	a	1,68	0,37	a	64,21	3,12	a	9,86	0,14	b	88,05	1,83	a			
pietrain		45,42	8,05	a	7,13	0,99	b	52,54	8,37	a	9,33	0,38	ab	90,71	4,90	a			
genotípus	fajta																		
AA	duroc	44,89	8,32	ab	5,33	1,03	b	50,22	8,65	a	8,37	0,39	a	90,78	5,07	a			
AB	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
BB	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AA	MNF	67,61	5,21	b	1,22	0,64	a	68,83	5,41	a	9,77	0,24	b	84,70	3,17	a			
AB	MNF	57,46	2,98	ab	2,13	0,37	a	59,93	3,12	a	9,92	0,14	b	91,30	1,83	a			
BB	MNF	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AA	pietrain	42,50	7,21	a	5,58	0,89	b	48,08	7,49	a	8,99	0,33	ab	93,42	4,39	a			
AB	pietrain	48,33	14,41	ab	8,67	1,78	b	57,00	14,99	a	9,70	0,67	ab	88,00	8,79	a			
BB	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				

NA: nincs adat

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása az *FSHβ* gén esetében*

tényező \ tulajdonság		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 malacszám átlaga (MBT)		
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba	
AA		165,23	19,46	a	72,09	7,53	a	4,67	1,15	a	10,32	1,03	a	0,06	0,33	a	10,38	1,08	a
AB		161,82	7,26	a	78,23	2,81	a	5,68	0,43	a	10,17	0,39	a	0,78	0,12	ab	10,96	0,40	a
BB		174,48	5,61	a	80,53	2,17	a	4,70	0,33	a	9,86	0,30	a	0,99	0,09	b	10,85	0,31	a
fajta																			
duroc		156,85	11,24	a	76,02	2,68	a	4,89	0,66	a	9,07	0,60	a	1,11	0,19	b	10,18	0,63	a
MNF		166,09	6,92	a	81,91	4,35	a	5,19	0,41	a	10,77	0,37	a	0,26	0,12	a	11,03	0,38	a
pietrain		178,59	8,88	a	80,10	3,44	a	4,83	0,53	a	9,43	0,47	a	1,35	0,15	b	10,78	0,49	a
genotípus \ fajta																			
AA	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AB	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
BB	duroc	156,85	11,24	ab	81,78	4,35	a	4,89	0,66	a	9,08	0,60	a	1,11	0,19	bc	10,20	0,63	a
AA	MNF	165,33	19,44	ab	72,33	7,54	a	4,67	1,15	a	10,33	1,03	ab	0,07	0,33	ab	10,37	1,08	a
AB	MNF	167,36	4,62	a	76,15	1,79	a	5,36	0,27	a	11,16	0,25	b	0,30	0,08	a	11,46	0,26	a
BB	MNF	165,89	5,53	a	79,95	2,15	a	5,54	0,33	a	10,84	0,29	ab	0,43	0,09	a	11,27	0,31	a
AA	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
AB	pietrain	156,33	13,74	ab	80,33	5,33	a	6,00	0,81	a	9,18	0,73	ab	1,27	0,23	bc	10,45	0,77	a
BB	pietrain	201,00	11,22	b	79,78	4,35	a	3,67	0,66	a	9,68	0,60	ab	1,43	0,19	c	11,11	0,63	a
tényező \ tulajdonság																			
		Élve született malacok száma (NBA)			Holtan született malacok száma (NBD)			Összes született malacszám (TNB)			21 napos választott malacszám átlaga (M21D)			Felnevelési ráta (GR)					
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba				
AA		47,67	14,48	a	0,33	1,79	a	48,00	14,99	a	8,87	0,67	a	88,17	8,90	a			
AB		57,68	5,40	a	4,42	0,67	a	62,10	5,59	a	9,46	0,25	a	92,63	3,32	a			
BB		47,18	4,17	a	4,42	0,52	a	51,60	4,32	a	9,16	0,19	a	90,63	2,56	a			
fajta																			
duroc		44,89	8,36	a	5,33	1,03	b	50,22	8,65	a	8,36	0,39	b	90,80	5,14	a			
MNF		56,17	5,15	a	1,46	0,64	a	57,63	5,33	a	9,58	0,24	a	89,46	3,16	a			
pietrain		45,58	6,61	a	6,36	0,82	b	51,94	6,84	a	9,09	0,31	ab	93,08	4,06	a			
genotípus \ fajta																			
AA	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AB	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
BB	duroc	44,89	8,36	ab	5,33	1,03	bc	50,22	8,65	a	8,37	0,39	a	90,78	5,13	a			
AA	MNF	47,67	14,48	ab	0,33	1,79	abc	48,00	14,99	a	8,87	0,67	ab	88,00	8,89	a			
AB	MNF	60,19	3,45	b	1,68	0,43	a	61,87	3,57	a	9,96	0,16	b	88,66	2,12	a			
BB	MNF	60,65	4,12	ab	2,38	0,51	ab	63,03	4,27	a	9,92	0,19	b	91,57	2,53	a			
AA	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
AB	pietrain	55,17	10,24	ab	7,17	1,27	c	62,33	10,60	a	8,98	0,48	ab	96,67	6,29	a			
BB	pietrain	36,00	8,36	a	5,56	1,03	bc	41,56	8,65	a	9,23	0,39	ab	89,44	5,13	a			

NA: nincs adat

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása a H2AFZ gén esetében*

tényező \ tulajdonság		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 malacszám átlaga (MBT)		
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba	
AA		173,77	8,88	a	77,76	3,42	a	5,42	0,53	a	9,69	0,47	a	0,80	0,15	a	10,49	0,49	a
AB		160,48	8,46	a	79,77	3,26	a	4,77	0,51	a	10,23	0,45	a	0,96	0,14	a	11,19	0,47	a
BB		155,07	13,09	a	83,72	5,03	a	4,63	0,78	a	9,75	0,69	a	0,60	0,22	a	10,34	0,72	a
fajta																			
duroc		157,36	11,89	a	81,52	4,57	a	5,00	0,71	a	8,94	0,63	b	1,04	0,20	b	9,98	0,65	a
MNF		164,13	6,41	a	77,67	2,46	a	5,33	0,38	a	11,11	0,34	a	0,20	0,11	a	11,31	0,35	a
pietrain		174,01	10,01	a	81,22	3,85	a	4,41	0,60	a	9,54	0,53	b	1,38	0,17	b	10,92	0,55	a
genotípus \ fajta																			
AA	duroc	161,50	24,21	a	76,50	9,33	a	6,00	1,45	a	8,70	1,27	a	0,65	0,40	abc	9,35	1,34	a
AB	duroc	156,50	17,12	a	80,00	6,60	a	5,00	1,02	a	9,90	0,90	a	1,28	0,28	bc	11,18	0,95	a
BB	duroc	154,67	19,76	a	87,67	7,62	a	4,00	1,18	a	8,23	1,04	a	1,20	0,33	abc	9,47	1,09	a
AA	MNF	166,26	4,12	a	78,01	1,59	a	5,45	0,25	a	10,96	0,22	a	0,41	0,07	ab	11,37	0,23	a
AB	MNF	170,45	7,65	a	75,50	2,95	a	5,30	0,46	a	11,12	0,40	a	0,21	0,13	a	11,32	0,42	a
BB	MNF	155,75	17,12	a	79,50	6,60	a	5,25	1,02	a	11,25	0,90	a	0,01	0,28	a	11,25	0,95	a
AA	pietrain	193,55	10,32	a	78,64	3,98	a	4,82	0,62	a	9,41	0,54	a	1,35	0,17	c	10,76	0,57	a
AB	pietrain	154,50	17,12	a	83,75	6,60	a	4,00	1,02	a	9,68	0,90	a	1,40	0,28	c	11,08	0,95	a
BB	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
tényező \ tulajdonság		Élve született malacok száma (NBA)			Holtan született malacok száma (NBD)			Összes született malacszám (TNB)			21 napos választott malacszám átlaga (M21D)			Felnevelési ráta (GR)					
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba				
AA		52,97	6,61	a	4,22	0,80	a	57,20	6,85	a	9,08	0,30	a	92,71	3,92	a			
AB		48,72	6,30	a	4,40	0,76	a	53,12	6,52	a	9,21	0,29	a	87,38	3,74	a			
BB		47,67	9,73	a	2,33	1,18	a	50,00	10,08	a	8,54	0,45	a	86,51	5,78	a			
fajta																			
duroc		45,28	8,84	a	5,06	1,07	b	50,33	9,16	a	8,31	0,40	a	92,08	5,25	a			
MNF		60,18	4,76	a	1,08	0,58	a	61,26	4,93	a	9,56	0,22	b	84,45	2,83	a			
pietrain		42,02	7,44	a	6,06	0,90	b	48,08	7,71	a	9,14	0,34	ab	91,84	4,42	a			
genotípus \ fajta																			
AA	duroc	53,00	18,02	a	4,00	2,19	abc	57,00	18,66	a	8,15	0,83	ab	94,00	10,70	a			
AB	duroc	49,50	12,74	a	6,50	1,55	bc	56,00	13,20	a	8,58	0,58	ab	82,25	7,56	a			
BB	duroc	33,33	14,71	a	4,67	1,79	abc	38,00	15,24	a	8,23	0,67	a	100,00	8,73	a			
AA	MNF	60,38	3,07	a	2,30	0,37	ab	62,68	3,18	a	9,99	0,14	b	90,94	1,82	a			
AB	MNF	58,15	5,70	a	0,95	0,69	a	59,10	5,90	a	9,84	0,26	ab	89,15	3,38	a			
BB	MNF	62,00	12,74	a	0,01	1,55	ab	62,00	13,20	a	8,85	0,58	ab	73,25	7,56	a			
AA	pietrain	45,55	7,68	a	6,36	0,93	c	51,91	7,96	a	9,10	0,35	ab	92,91	4,56	a			
AB	pietrain	38,50	12,74	a	5,75	1,55	abc	44,25	13,20	a	9,23	0,58	ab	90,75	7,56	a			
BB	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				

NA: nincs adat

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása a *LEP* gén esetében*

tényező \ tulajdonság		Két fiálás közötti időintervallum (IBL)			Fialási százalék (PL)			Fialások száma (NL)			Élve született malacok számának átlaga (MBA)			Holtan született malacok számának átlaga (MBD)			Összes született malacszám átlaga (MBT)		
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba	
CC		177,90	20,07	a	83,33	7,60	a	4,67	1,18	a	10,46	1,02	a	0,38	0,33	a	10,83	1,08	a
TC		168,02	8,63	a	81,60	3,27	a	4,52	0,51	a	9,25	0,44	a	1,15	0,14	a	10,40	0,47	a
TT		169,21	6,25	a	78,91	2,37	a	5,22	0,37	a	10,17	0,32	a	0,84	0,10	a	11,01	0,34	a
fajta																			
duroc		156,68	12,29	a	82,38	4,65	a	4,67	0,72	a	8,97	0,63	a	1,15	0,20	b	10,12	0,66	a
MNF		169,91	7,35	a	79,85	2,78	a	5,17	0,43	a	10,70	0,37	a	0,40	0,12	a	11,10	0,40	a
pietrain		182,88	9,16	a	80,28	3,47	a	4,53	0,54	a	9,33	0,47	a	1,41	0,15	b	10,74	0,49	a
genotípus \ fajta																			
CC	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
TC	duroc	156,33	20,05	a	83,67	7,60	a	4,00	1,18	a	8,67	1,02	ab	1,27	0,33	bc	9,97	1,09	a
TT	duroc	157,33	14,17	a	80,83	5,38	a	5,33	0,83	a	9,28	0,72	ab	1,03	0,23	bc	10,32	0,77	a
CC	MNF	178,00	20,05	a	83,33	7,60	a	4,67	1,18	a	10,47	1,02	ab	0,37	0,33	ab	10,83	1,09	a
TC	MNF	165,56	8,18	a	79,61	3,10	a	5,39	0,48	a	10,49	0,42	ab	0,54	0,13	ab	11,02	0,44	a
TT	MNF	166,53	4,09	a	76,78	1,55	a	5,44	0,24	a	11,16	0,21	b	0,30	0,07	a	11,45	0,22	a
CC	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA	
TC	pietrain	182,17	14,17	a	81,50	5,38	a	4,17	0,83	a	8,58	0,72	a	1,63	0,23	c	10,22	0,77	a
TT	pietrain	183,78	11,57	a	79,00	4,39	a	4,89	0,68	a	10,08	0,59	ab	1,19	0,19	bc	11,27	0,63	a
tényező \ tulajdonság		Élve született malacok száma (NBA)			Holtan született malacok száma (NBD)			Összes született malacszám (TNB)			21 napos választott malacszám átlaga (M21D)			Felnevelési ráta (GR)					
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba		korrigált átlag	std. hiba				
CC		47,33	14,55	a	2,00	1,81	a	49,33	15,12	a	10,08	0,68	a	90,15	8,93	a			
TC		42,78	6,26	a	4,87	0,78	a	47,65	6,50	a	8,97	0,29	a	93,09	3,84	a			
TT		53,27	4,54	a	4,32	0,56	a	57,60	4,71	a	9,23	0,21	a	90,03	2,79	a			
fajta																			
duroc		42,50	8,91	a	5,25	1,11	ab	47,75	9,26	a	8,35	0,42	a	90,63	5,47	a			
MNF		55,27	5,33	a	2,16	0,66	a	57,43	5,54	a	9,94	0,25	b	90,73	3,27	a			
pietrain		42,33	6,64	a	6,31	0,82	b	48,64	6,90	a	9,06	0,31	ab	92,95	4,08	a			
genotípus \ fajta																			
CC	duroc	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
TC	duroc	35,33	14,55	a	5,00	1,81	abc	40,33	15,12	a	8,33	0,68	ab	90,33	8,93	a			
TT	duroc	49,67	10,29	a	5,50	1,28	bc	55,17	10,69	a	8,38	0,48	a	91,00	6,31	a			
CC	MNF	47,33	14,55	a	2,00	1,81	abc	49,33	15,12	a	10,10	0,68	ab	90,00	8,93	a			
TC	MNF	57,33	5,94	a	2,78	0,74	ab	60,11	6,17	a	9,81	0,28	ab	93,28	3,64	a			
TT	MNF	61,15	2,97	a	1,69	0,37	a	62,85	3,09	a	9,92	0,14	b	88,92	1,82	a			
CC	pietrain	NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA		NA	NA				
TC	pietrain	35,67	10,29	a	6,83	1,28	c	42,50	10,69	a	8,77	0,48	ab	96,00	6,31	a			
TT	pietrain	49,00	8,40	a	5,78	1,04	bc	54,78	8,73	a	9,38	0,39	ab	89,89	5,15	a			

NA: nincs adat

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A genotípus és fajta interakció átlagainak bemutatása a *PRLR* gén esetében*

tényező \ tulajdonság		Két fiálás közötti időintervallum (IBL)		Fialási százalék (PL)		Fialások száma (NL)		Élve született malacok számának átlaga (MBA)		Holtan született malacok számának átlaga (MBD)		Összes született malacszám átlaga (MBT)	
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba
AA		159,50	6,01 a	81,22	2,89 a	5,58	0,44 a	10,18	0,40 a	0,86	0,14 a	11,00	0,42 a
AB		160,64	6,65 a	77,02	3,19 a	4,82	0,49 a	9,78	0,44 a	0,85	0,14 a	10,63	0,46 a
BB		207,62	6,87 b	80,02	3,30 a	4,74	0,50 a	9,99	0,45 a	1,07	0,14 a	11,06	0,47 a
fajta													
duroc		157,80	9,71 a	80,87	4,66 a	5,00	0,71 a	9,02	0,64 a	1,07	0,20 b	10,09	0,67 a
MNF		166,93	3,10 a	77,60	1,49 a	5,49	0,23 a	11,04	0,20 b	0,35	0,07 a	11,39	0,21 a
pietrain		202,45	7,47 b	79,66	3,59 a	4,44	0,55 a	9,50	0,49 a	1,42	0,16 b	10,91	0,52 a
genotípus	fajta												
AA	duroc	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
AB	duroc	161,00	15,82 a	77,67	7,62 a	5,33	1,16 a	8,90	1,05 a	0,93	0,33 ab	9,83	1,10 a
BB	duroc	155,00	11,19 a	83,83	5,39 a	4,67	0,82 a	9,17	0,74 a	1,20	0,24 b	10,38	0,78 a
AA	MNF	167,18	4,33 a	78,15	2,09 a	5,65	0,32 a	10,99	0,29 a	0,36	0,09 a	11,35	0,30 a
AB	MNF	165,43	4,51 a	76,54	2,17 a	4,95	0,33 a	10,94	0,30 a	0,33	0,10 a	11,26	0,31 a
BB	MNF	168,50	6,85 a	78,31	3,30 a	5,88	0,50 a	11,23	0,45 a	0,35	0,14 b	11,57	0,48 a
AA	pietrain	152,00	11,19 a	84,33	5,39 a	5,50	0,82 a	9,38	0,74 a	1,28	0,24 b	10,67	0,78 a
AB	pietrain	156,00	11,19 a	76,83	5,39 a	4,17	0,82 a	9,52	0,74 a	1,30	0,24 b	10,83	0,78 a
BB	pietrain	299,67	15,82 b	77,67	7,62 a	3,67	1,16 a	9,60	1,05 a	1,67	0,33 a	11,23	1,10 a
tényező \ tulajdonság		Élve született malacok száma (NBA)		Holtan született malacok száma (NBD)		Összes született malacszám (TNB)		21 napos választott malacszám átlaga (M21D)		Felnevelési ráta (GR)			
genotípus	fajta	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba		
AA		57,38	5,49 a	4,28	0,69 a	61,66	5,69 a	9,49	0,26 a	91,32	3,41 a		
AB		46,95	6,07 a	4,02	0,76 a	50,97	6,29 a	8,99	0,28 a	92,42	3,77 a		
BB		48,72	6,27 a	4,79	0,79 a	53,51	6,50 a	9,32	0,29 a	88,46	3,89 a		
fajta													
duroc		45,58	8,87 ab	5,17	1,12 b	50,75	9,19 a	8,32	0,42 a	91,24	5,51 a		
MNF		61,09	2,83 b	2,00	0,36 a	63,09	2,93 a	9,87	0,13 b	89,10	1,76 a		
pietrain		42,44	6,83 a	6,22	0,86 b	48,67	7,08 a	9,22	0,32 ab	91,83	4,24 a		
genotípus	fajta												
AA	duroc	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA		
AB	duroc	47,67	14,48 a	4,67	1,82 ab	52,33	15,02 a	8,20	0,68 a	92,33	8,98 a		
BB	duroc	43,50	10,24 a	5,67	1,29 b	49,17	10,62 a	8,45	0,48 a	90,00	6,35 a		
AA	MNF	62,93	3,97 a	1,90	0,50 a	64,83	4,11 a	10,02	0,19 b	90,85	2,46 a		
AB	MNF	54,03	4,12 a	1,73	0,52 a	55,76	4,28 a	9,84	0,19 b	90,14	2,56 a		
BB	MNF	66,31	6,27 a	2,38	0,79 ab	68,69	6,50 a	9,78	0,30 ab	86,38	3,89 a		
AA	pietrain	51,83	10,24 a	6,67	1,29 b	58,50	10,62 a	8,98	0,48 ab	91,67	6,35 a		
AB	pietrain	39,17	10,24 a	5,67	1,29 b	44,83	10,62 a	8,98	0,48 ab	94,67	6,35 a		
BB	pietrain	36,33	14,48 a	6,33	1,82 ab	42,67	15,02 a	9,73	0,68 ab	89,00	8,98 a		

NA: nincs adat

*: az eltérő betűk a szignifikánsan eltérő csoportokat jelölik

A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *BF* gén esetében

hatás \ tulajdonság	Élve született malacok számának átlaga (db)		Holtan született malacok száma (db)		Holtan született malacok számának átlaga (db)		21 napos választott malacsám átlaga (db)	
	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.
Fajta	8,8	<0,001	12,9	<0,001	19,4	<0,001	10,2	<0,001
<i>BF</i> gén	0,1	0,796	0,7	0,400	1,0	0,321	1,2	0,278
Fajta* <i>BF</i> gén	1,2	0,319	0,4	0,645	0,1	0,866	1,5	0,219

A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei az *EGF* gén esetében

hatás \ tulajdonság	Fialások száma (db)		Két fialás között eltelt időintervallum (nap)		Élve született malacok száma (db)		Holtan született malacok száma (db)		Holtan született malacok számának átlaga (db)		21 napos választott malacsám átlaga (db)		Összes született malacsám (db)	
	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.
Fajta	0,9	0,430	11,3	<0,001	1,7	0,179	5,7	0,004	14,9	<0,001	3,5	0,033	0,9	0,394
<i>EGF</i> gén	3,9	0,024	7,8	<0,001	5,5	0,005	0,2	0,813	0,8	0,461	1,1	0,352	4,8	0,010
Fajta* <i>EGF</i> gén	0,1	0,871	8,2	<0,001	0,2	0,784	0,3	0,742	1,6	0,209	0,5	0,579	0,2	0,847

A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei az *ESR* gén esetében

hatás \ tulajdonság	Holtan született malacok száma (db)		Élve született malacok számának átlaga (db)		Holtan született malacok számának átlaga (db)		21 napos választott malacsám átlaga (db)	
	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.
Fajta	15,3	<0,001	5,8	0,004	24,3	<0,001	3,8	0,026
<i>ESR</i> gén	3,6	0,061	0,1	0,804	4,7	0,033	1,2	0,274
Fajta * <i>ESR</i> gén	1,0	0,311	0,3	0,566	1,2	0,268	0,5	0,504

A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei az *FSHβ* gén esetében

hatás \ tulajdonság	Két fialás közötti időintervallum (nap)		Élve született malacok számának átlaga (db)		Holtan született malacok száma (db)		Holtan született malacok számának átlaga (db)		21 napos választott malacsám átlaga (db)	
	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.
Fajta	2,5	0,087	7,5	<0,001	14,3	<0,001	20,5	<0,001	8,6	<0,001
<i>FSHβ</i> gén	2,5	0,086	0,2	0,805	0,6	0,566	0,9	0,424	1,3	0,288
Fajta * <i>FSHβ</i> gén	5,8	0,018	0,6	0,425	1,7	0,194	0,0	0,900	0,2	0,659

A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *H2FAZ* gén esetében

hatás \ tulajdonság	Élve született malacok számának átlaga (db)		Holtan született malacok száma (db)		Holtan született malacok számának átlaga (db)		21 napos választott malacszám átlaga (db)	
	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.
Fajta	7,3	<0,001	12,9	<0,001	22,1	<0,001	4,3	0,016
<i>H2AZ</i> gén	0,5	0,586	0,4	0,701	0,3	0,740	0,7	0,478
<i>Fajta</i> * <i>H2AZ</i> gén	0,4	0,756	0,7	0,574	1,2	0,306	0,4	0,789

A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *LEP* gén esetében

hatás \ tulajdonság	Holtan született malacok száma (db)		Holtan született malacok számának átlaga (db)		21 napos választott malacszám átlaga (db)	
	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.
Fajta	11,5	<0,001	21,3	<0,001	7,5	<0,001
<i>LEP</i> gén	0,2	0,846	1,6	0,199	0,3	0,719
<i>Fajta</i> * <i>LEP</i> gén	0,2	0,796	0,2	0,797	0,3	0,761

A fajta és genotípus interakció varianciaanalízisének szignifikáns eredményei a *PRLR* gén esetében

hatás \ tulajdonság	Két fialás között eltelt idő (nap)		Élve született malacok száma (db)		Élve született malacokszámának átlaga (db)		Holtan született malacok száma (db)		Holtan született malacok számának átlaga (db)		21 napos választott malacszám átlaga (db)	
	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.	F	Sig.
Fajta	12,5	<0,001	3,8	0,025	7,9	<0,001	12,9	<0,001	23,3	<0,001	7,4	<0,001
<i>PRLP</i> gén	19,9	<0,001	0,7	0,478	0,1	0,926	0,3	0,722	0,6	0,535	0,3	0,731
Fajta* <i>PRLP</i> gén	19,2	<0,001	0,5	0,674	0,0	0,998	0,1	0,972	0,4	0,785	0,4	0,718

Magyar nagyfehér húsertés eltérő genotípusainak szaporasági tulajdonságok szerinti eredményei

tényező \ tulajdonság		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 malacszám átlaga (MBT)	
		korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba
gén	genotípus												
BF	AA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
	AB	173,70	4,13 b	74,48	2,57 a	5,12	0,40 a	11,27	0,37 a	0,20	0,10 a	11,46	0,39 a
	BB	163,85	2,57 a	78,62	1,60 a	5,52	0,25 a	10,90	0,23 a	0,40	0,07 a	11,30	0,24 a
EGF	AA	159,18	8,46 ab	71,68	5,32 a	7,33	0,80 b	12,10	0,77 a	0,21	0,22 a	12,31	0,81 a
	AB	177,14	4,14 b	75,72	2,61 a	4,84	0,39 a	10,62	0,38 a	0,38	0,11 a	11,01	0,40 a
	BB	163,26	2,65 a	78,37	1,67 a	5,48	0,25 ab	11,05	0,24 a	0,34	0,07 a	11,39	0,25 a
ESR	AA	159,67	4,41 a	78,26	2,76 a	5,96	0,42 a	11,38	0,39 a	0,19	0,11 a	11,58	0,41 a
	AB	168,88	2,53 a	77,20	1,58 a	5,23	0,24 a	10,88	0,23 a	0,40	0,06 a	11,27	0,24 a
	BB	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
FSHB	AA	165,23	12,50 a	72,09	7,59 a	4,67	1,17 a	10,32	1,10 a	0,06	0,31 a	10,38	1,15 a
	AB	167,28	2,97 a	76,08	1,81 a	5,36	0,28 a	11,16	0,26 a	0,30	0,07 a	11,46	0,27 a
	BB	165,75	3,56 a	79,88	2,16 a	5,54	0,33 a	10,83	0,31 a	0,43	0,09 a	11,27	0,33 a
H2AFZ	AA	166,12	2,58 a	77,92	1,60 a	5,45	0,25 a	10,96	0,23 a	0,41	0,06 a	11,36	0,24 a
	AB	170,41	4,80 a	75,44	2,97 a	5,30	0,46 a	11,11	0,43 a	0,20	0,12 a	11,31	0,45 a
	BB	155,84	10,73 a	79,66	6,64 a	5,25	1,02 a	11,25	0,95 a	0,12	0,27 a	11,25	1,00 a
LEP	TT	166,43	2,54 a	76,71	1,56 a	5,44	0,24 a	11,15	0,22 a	0,30	0,06 a	11,45	0,24 a
	TC	165,41	5,08 a	79,50	3,12 a	5,39	0,48 a	10,49	0,44 a	0,53	0,13 a	11,02	0,47 a
	CC	177,90	12,44 a	83,33	7,64 a	4,67	1,17 a	10,46	1,09 a	0,38	0,31 a	10,83	1,15 a
PRLR	AA	167,04	3,42 a	78,04	2,10 a	5,65	0,32 a	10,98	0,30 a	0,36	0,09 a	11,34	0,32 a
	AB	165,35	3,56 a	76,48	2,19 a	4,95	0,33 a	10,93	0,31 a	0,33	0,09 a	11,26	0,33 a
	BB	168,41	5,41 a	78,30	3,32 a	5,88	0,50 a	11,22	0,48 a	0,35	0,14 a	11,57	0,50 a

tényező	tulajdonság	Élve született malacok száma (NBA)		Holtan született malacok száma (NBD)		Összes született malacszám (TNB)		21 napos választott malacszám átlaga (M21D)		Felvevelési ráta (GR)	
		korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba	korrigált átlag	std. hiba
<i>BF</i>	AA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
	AB	58,50	5,13 a	1,08	0,60 a	59,58	5,29 a	9,99	0,24 a	88,34	3,23 a
	BB	60,54	3,20 a	2,24	0,37 a	62,78	3,30 a	9,86	0,15 a	90,34	2,01 a
<i>EGF</i>	AA	89,50	10,15 b	1,17	1,27 a	90,67	10,55 b	10,30	0,50 a	85,03	6,74 a
	AB	51,44	4,97 a	2,12	0,62 a	53,56	5,17 a	9,89	0,25 a	91,95	3,30 a
	BB	60,84	3,18 a	1,89	0,40 a	62,72	3,31 a	9,85	0,16 a	89,62	2,11 a
<i>ESR</i>	AA	67,61	5,38 a	1,22	0,64 a	68,83	5,57 a	9,77	0,25 a	84,61	3,38 a
	AB	57,46	3,09 a	2,14	0,36 a	59,60	3,19 a	9,94	0,15 a	91,49	1,94 a
	BB	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
<i>FSHB</i>	AA	47,67	15,15 a	0,33	1,77 a	48,00	15,61 a	8,87	0,70 a	88,17	9,54 a
	AB	60,19	3,60 a	1,68	0,42 a	61,87	3,71 a	9,95	0,17 a	88,62	2,27 a
	BB	60,65	4,31 a	2,38	0,50 a	63,03	4,44 a	9,91	0,20 a	91,58	2,72 a
<i>H2AFZ</i>	AA	60,38	3,17 a	2,30	0,36 a	62,68	3,27 a	9,98	0,15 a	90,93	1,95 a
	AB	58,15	5,88 a	0,95	0,67 a	59,10	6,06 a	9,83	0,27 a	89,18	3,62 a
	BB	62,00	13,16 a	1,35	1,51 a	62,00	13,56 a	8,86	0,60 a	73,10	8,09 a
<i>LEP</i>	TT	61,15	3,09 a	1,69	0,36 a	62,85	3,19 a	9,92	0,14 a	88,89	1,94 a
	TC	57,33	6,17 a	2,78	0,72 a	60,11	6,37 a	9,80	0,29 a	93,31	3,89 a
	CC	47,33	15,12 a	2,00	1,77 a	49,33	15,61 a	10,08	0,71 a	88,89	1,94 a
<i>PRLR</i>	AA	62,93	4,09 a	1,90	0,49 a	64,83	4,21 a	10,01	0,19 a	90,88	2,61 a
	AB	54,03	4,25 a	1,73	0,51 a	55,76	4,38 a	9,84	0,20 a	90,11	2,71 a
	BB	66,31	6,46 a	2,38	0,77 a	68,69	6,66 a	9,77	0,31 a	86,30	4,13 a

NA: nincs adat

A vizsgált termelési tulajdonságok leíró statisztikai eredményei a három fajta esetében

Értékmérő tulajdonság	Fajta	N (db)	Átlag	Szórás
Tenyésztésbe állításkori életkor (nap)	MNF	291	233,42	44,64
	Duroc	73	214,68	43,98
	Pietrain	83	230,04	42,56
	Total	447	229,73	44,58
Életkor selejtezéskor (nap)	MNF	295	1080,38	505,08
	Duroc	76	832,20	462,18
	Pietrain	91	906,07	492,98
	Total	462	1005,22	505,35
Termelésben töltött idő (nap)	MNF	291	845,02	499,99
	Duroc	73	613,99	461,24
	Pietrain	83	650,22	494,84
	Total	447	771,12	502,23
Termékenyítés (db)	MNF	295	5,57	3,51
	Duroc	76	3,96	3,03
	Pietrain	91	4,67	3,29
	Total	462	5,13	3,44
Fialások száma (db)	MNF	254	4,71	2,79
	Duroc	57	4,19	2,60
	Pietrain	68	4,43	2,85
	Total	379	4,58	2,77
Fialási százalék (%)	MNF	254	75,27	21,66
	Duroc	57	87,98	14,59
	Pietrain	68	72,62	20,66
	Total	379	76,71	21,09

Két fialás közötti idő (nap)	MNF	254	117,37	61,29
	Duroc	57	100,23	53,51
	Pietrain	68	102,79	53,22
	Total	379	112,18	59,12
Élve született malacok száma (db)	MNF	254	52,59	32,54
	Duroc	57	36,95	23,64
	Pietrain	68	38,34	27,44
	Total	379	47,68	31,21
Holtan született malacok száma (db)	MNF	203	5,85	4,85
	Duroc	45	5,71	4,18
	Pietrain	59	7,10	6,45
	Total	307	6,07	5,12
Élve született malacok számának átlaga (db)	MNF	254	10,93	1,46
	Duroc	57	8,71	1,58
	Pietrain	68	8,29	1,69
	Total	379	10,12	1,91
Holtan született malacok számának átlaga (db)	MNF	254	0,89	0,76
	Duroc	57	0,99	0,83
	Pietrain	68	1,38	1,35
	Total	379	0,99	0,92
Felnevelt alom (db)	MNF	252	4,66	2,76
	Duroc	54	4,09	2,50
	Pietrain	67	4,34	2,70
	Total	373	4,52	2,71
Felnevelt malac (db)	MNF	254	48,47	29,76
	Duroc	57	30,96	20,70
	Pietrain	68	35,75	24,36
	Total	379	43,55	28,51

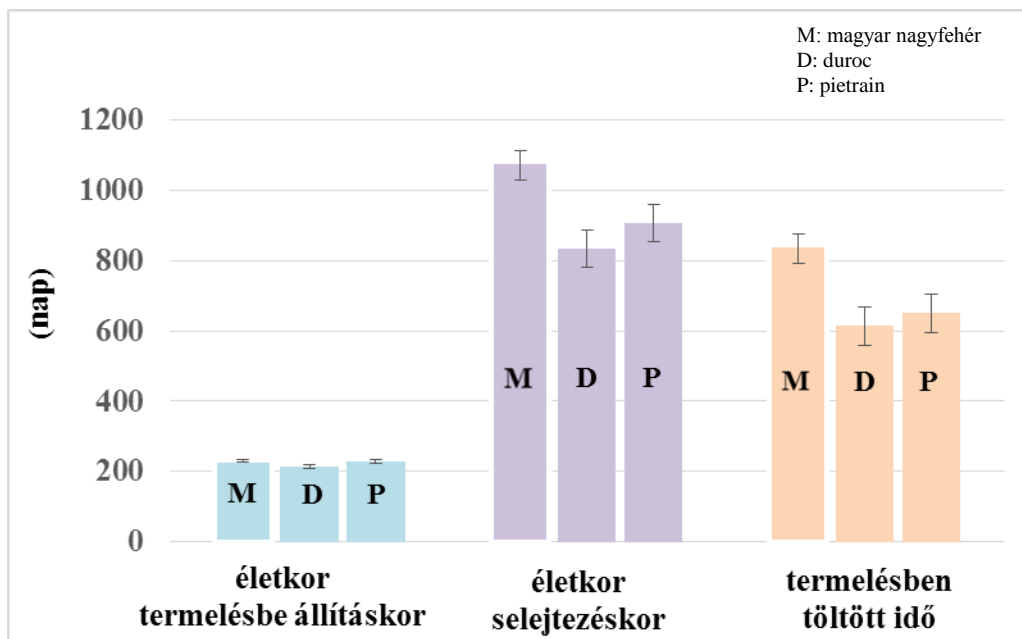
Felnevelt alomtömeg (kg)	MNF	252	308,28	187,25
	Duroc	54	198,31	130,67
	Pietrain	67	236,57	158,94
	Total	373	279,48	180,06
Felnevelt malacok átlaga (db)	MNF	254	10,29	1,45
	Duroc	57	7,62	2,13
	Pietrain	68	8,05	1,65
	Total	379	9,48	1,97
Felnevelt malacok alomtömegének átlaga (kg)	MNF	254	64,84	9,85
	Duroc	57	44,41	14,23
	Pietrain	68	51,94	11,27
	Total	379	59,45	13,46
Felnevelési százalék (%)	MNF	254	92,97	12,98
	Duroc	57	81,22	24,15
	Pietrain	68	96,99	20,99
	Total	379	91,92	17,32

A vizsgált termelési tulajdonságok ANOVA táblázatainak eredményei a három fajta esetében

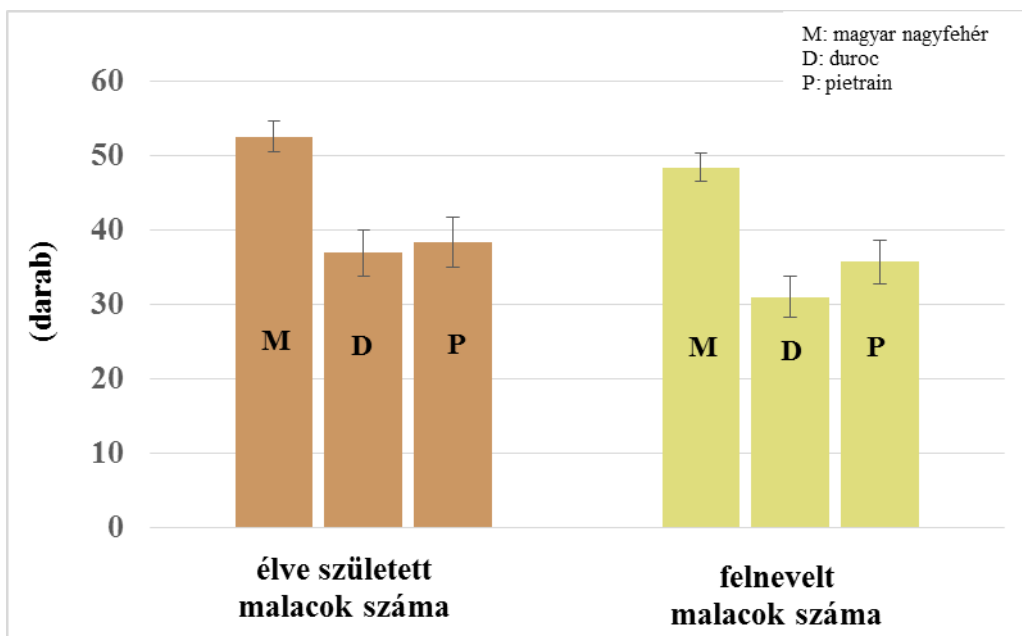
Vizsgált tulajdonságok		négyzetösszeg (Σx^2)	szabadságfok (df)	négyzetes középérték	csoport átlagok varianciája (F)	Sig.
Tenyésztésbe állításkori életkor (nap)	csoportok között	20 485	2	10242	5,253	,006
	csoportokon kívül	865 721	444	1950		
	összesen	886 206	446			
Életkor selejtezéskor (nap)	csoportok között	4 836 316	2	2418158	9,832	,000
	csoportokon kívül	112 894 703	459	245958		
	összesen	117 731 019	461			
Termelésben töltött idő (nap)	csoportok között	4 604 792	2	2302396	9,475	,000
	csoportokon kívül	107 893 362	444	243003		
	összesen	112 498 154	446			
Termékenyítés (db)	csoportok között	179	2	90	7,799	,000
	csoportokon kívül	5 275	459	11		
	összesen	5 455	461			
Fialások száma (db)	csoportok között	15	2	7	,949	,388
	csoportokon kívül	2 892	376	8		
	összesen	2 906	378			
Fialási százalék (%)	csoportok között	8 901	2	4451	10,506	,000
	csoportokon kívül	159 278	376	424		
	összesen	168 179	378			
Két fialás közötti idő (nap)	csoportok között	20 986	2	10493	3,034	,049
	csoportokon kívül	1 300 396	376	3459		
	összesen	1 321 382	378			
Élve született malacok száma (db)	csoportok között	18 625	2	9312	10,017	,000
	csoportokon kívül	349 567	376	930		
	összesen	368 192	378			
Holtan született malacok száma (db)	csoportok között	78	2	39	1,497	,225
	csoportokon kívül	7 942	304	26		
	összesen	8 020	306			

Élve született malacok számának átlaga (db)	csoporthoz között	509	2	254	109,383	,000
	csoporthoz kívül	875	376	2		
	összesen	1 384	378			
Holtan született malacok számának átlaga (db)	csoporthoz között	13	2	7	8,070	,000
	csoporthoz kívül	306	376	1		
	összesen	319	378			
Felnevelt alom (db)	csoporthoz között	17	2	8	1,144	,320
	csoporthoz kívül	2 718	370	7		
	összesen	2 735	372			
Felnevelt malac (db)	csoporthoz között	19 310	2	9655	12,609	,000
	csoporthoz kívül	287 902	376	766		
	összesen	307 212	378			
Felnevelt alomtömeg (kg)	csoporthoz között	688 166	2	344083	11,194	,000
	csoporthoz kívül	11 372 783	370	30737		
	összesen	12 060 949	372			
Felnevelt malacok átlaga (db)	csoporthoz között	503	2	251	97,389	,000
	csoporthoz kívül	970	376	3		
	összesen	1 473	378			
Felnevelt malacok alomtömegének átlaga (kg)	csoporthoz között	24 121	2	12061	102,144	,000
	csoporthoz kívül	44 396	376	118		
	összesen	68 517	378			
Felnevelési százalék (%)	csoporthoz között	8 560	2	4280	15,359	,000
	csoporthoz kívül	104 775	376	279		
	összesen	113 334	378			

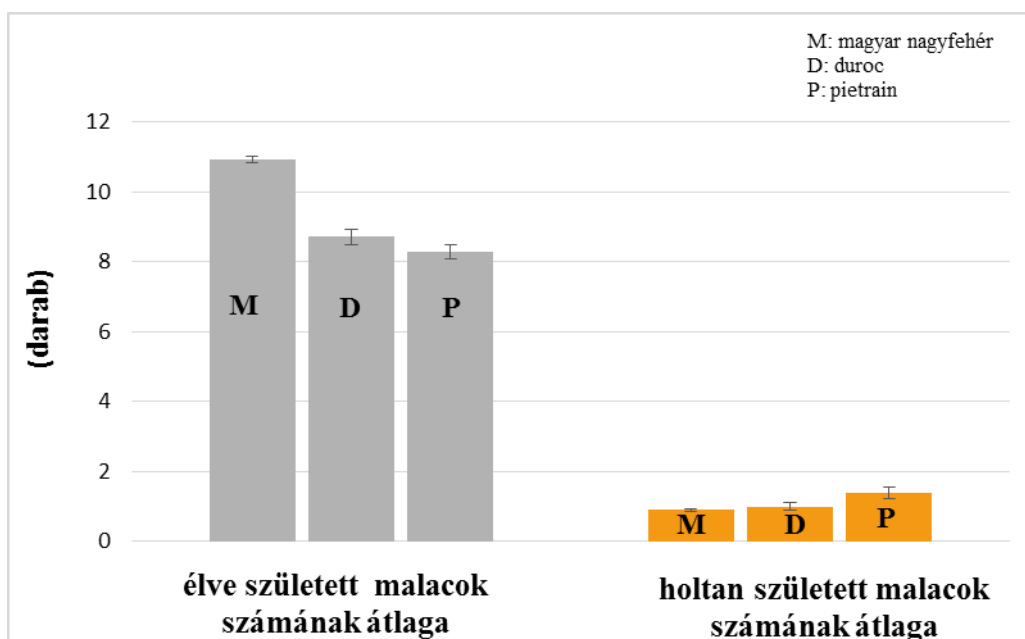
A termelési paraméterek alakulása a vizsgált három fajta esetében I.



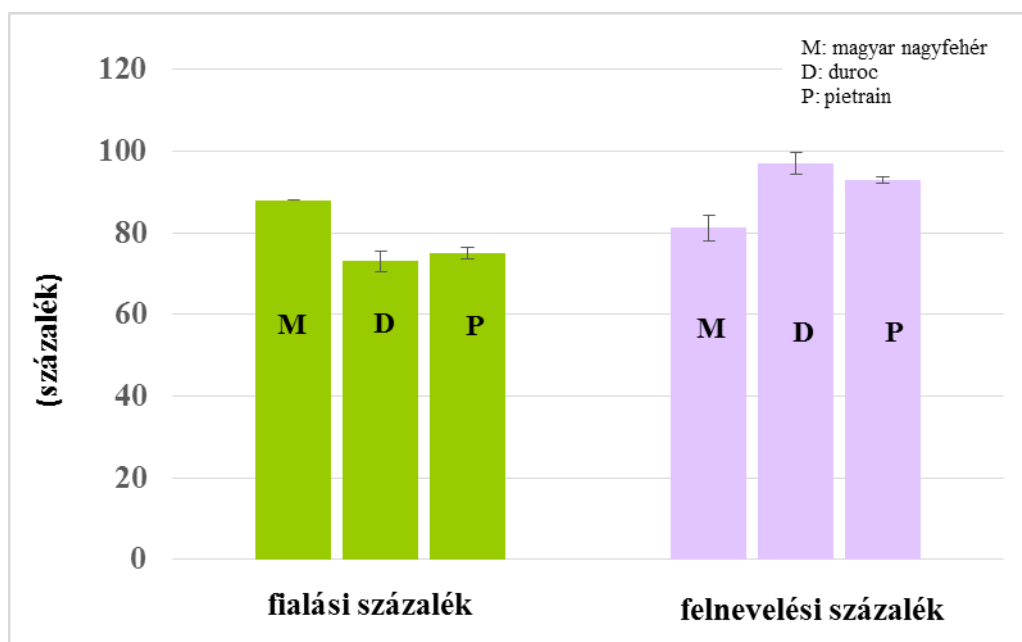
A termelési paraméterek alakulása a vizsgált három fajta esetében II.



A termelési paraméterek alakulása a vizsgált három fajta esetében III.



A termelési paraméterek alakulása a vizsgált három fajta esetében IV.



Köszönetnyilvánítás

Köszönetemet fejezem ki témavezetőimnek, **Dr. Kusza Szilviának** és **Dr. Balogh Péternek** kiváló szakmai irányításukért, lelkiismeretes témavezetői munkájukért, önzetlen segítségükért és támogatásukért.

Köszönöm a hódmezővásárhelyi **Hód-Mezőgazda Zrt.** vezetőinek és munkatársainak szakmai támogatását, a mintavételben nyújtott segítségüket és türelmüket. Hálával tartozom **Dr. Szabó Péter** tanár úrnak, aki a tenyésztési adatok összeállításában segítségemre volt.

Hálás vagyok **Dr. Jávor András** professzor úrnak a vizsgálatokhoz szükséges feltételek biztosításáért, bátorításáért és **Dr. Komlósi István** professzor úrnak hasznos és iránymutató tanácsaiért.

Köszönettel tartozom **Dr. Mihók Sándor** professzor úrnak, aki évekkal ezelőtt ezen az úton elindított, akitől a szakmai alapokat elsajátítottam, és aki nélkül publikációim egy része nem készülhetett volna el.

Köszönöm **Dr. Csipkés Margitnak** önzetlen segítő munkáját, amely hozzásegített a statisztikai értékelések elemzéséhez.

Köszönöm munkatársaimnak **Véghné Tóth Biankának** és **Szepesi Juditnak**, hogy észrevételeikkel, biztatásukkal segítették a munkámat.

Köszönöm a családomnak, hogy végig bíztattak és mellettem álltak.