

LITHUANIAN VETERINARY ACADEMY

Sigita Kerzienė

GENETIC ANALYSIS OF REPRODUCTIVE PERFORMANCE OF PIGS AND ITS CORRELATIONS WITH PRODUCTIVITY TRAITS

Summary of doctoral thesis

Biomedical sciences, zootechny (13B)

Kaunas, 2005

The work was carried out at the Lithuanian Veterinary Academy in 2001–2005.

Research supervisor –

Assoc. prof. dr. Vida Juozaitienė (Lithuanian Veterinary Academy, biomedical sciences, zootechny – 13B).

Chairman of Zootechny science council –

Prof. at Incumbent, dr. Antanas Sederevičius (Lithuanian Veterinary Academy, biomedical sciences, veterinary medicine – 12B).

Members:

Prof. habil. dr. Romas Gružas (Lithuanian Veterinary Academy, biomedical sciences, zootechny – 13B);

Prof. habil. dr. Česlovas Jukna (Lithuanian Veterinary Academy, biomedical sciences, zootechny – 13B);

Dr. Violeta Juškienė (LVA Institute of Animal Sciences, biomedical sciences, zootechny – 13B);

Prof. habil. dr. Ramutis Klimas (Šiauliai University, biomedical sciences, zootechny – 13B).

Opponents:

Prof. habil. dr. Algimantas Mikelėnas (Lithuanian Veterinary Academy, biomedical sciences, zootechny – 13B);

Habil. dr. Vidmantas Pileckas (LVA Institute of Animal Sciences, biomedical sciences, zootechny – 13B).

Public defence of doctoral thesis in Zootechny science council will take place at the Lithuanian Veterinary Academy I auditorium 2 pm LT on 9th November of 2005.

Address: Tižės 18, LT- 47118 Kaunas, Lithuania.

The abstract of doctoral thesis has been send on 9th of October 2005 according to confirmed address list.

The doctoral thesis is available at the library of the Lithuanian Veterinary Academy.

LIETUVOS VETERINARIJOS AKADEMIJA

Sigita Kerzienne

KIAULIŲ REPRODUKČINIŲ SAVYBIŲ GENETINĖ ANALIZĖ IR RYŠYS SU PRODUKTYVUMO POŽYMAIS

Daktaro disertacijos santrauka

Biomedicinos mokslai, zootechnika (13B)

Kaunas, 2005

Darbas atliktas 2001-2005 metais Lietuvos veterinarijos akademijoje.

Mokslinio darbo vadovas –

doc. dr. Vida Juozaitienė (Lietuvos veterinarijos akademija, biomedicinos mokslai, zootechnika – 13B).

Pirmininkas –

e. prof. p. dr. Antanas Sederevičius (Lietuvos veterinarijos akademija, biomedicinos mokslai, veterinarinė medicina – 12B).

Nariai:

prof. habil. dr. Romas Gružas (Lietuvos veterinarijos akademija, biomedicinos mokslai, zootechnika – 13B);

prof. habil. dr. Česlovas Jukna (Lietuvos veterinarijos akademija, biomedicinos mokslai, zootechnika – 13B);

dr. Violeta Juškienė (LVA Gyvulininkystės institutas, biomedicinos mokslai, zootechnika – 13B);

prof. habil. dr. Ramutis Klimas (Šiaulių universitetas, biomedicinos mokslai, zootechnika – 13B).

Oponentai:

prof. habil. dr. Algimantas Mikelėnas (Lietuvos veterinarijos akademija, biomedicinos mokslai, zootechnika – 13B);

habil. dr. Vidmantas Pileckas (LVA Gyvulininkystės institutas, biomedicinos mokslai, zootechnika – 13B).

Disertacija bus ginama viešame Zootechnikos mokslo krypties tarybos posėdyje, kuris įvyks 2005 m. lapkričio mėn. 9d. 14 val. Lietuvos veterinarijos akademijos I auditorijoje.

Adresas: Tižės 18, LT- 47118, Kaunas, Lietuva.

Disertacijos santrauka išsiųsta 2005 m. spalio mėn. 9 d. pagal patvirtintą adresų sąrašą.

Disertaciją galima peržiūrėti Lietuvos veterinarijos akademijos bibliotekoje.

Introduction

Good reproductive, fattening characteristics of pigs, and high meat quality are the main requirements in modern pig husbandry. The objective of each animal-breeding program is to change animals genetically, so that quality of products will be obtained with lower costs. The importance of production costs' reduction increases, with increasing competitive ability of pig breeding industry. One of the most important economic traits in pig husbandry is a number of piglets weaned per sow. Piglets' production costs increase, when females are anoestrus, when they fail to conceive, and when they fail in raising offspring. Therefore, low production costs per unit can be obtained by better employment of genetically determined sow productivity.

It is very important for Lithuanian pig breeding not only to reduce disparity between Lithuanian and Western genetic values of economic traits, but not to lose advantages of our still preserved pigs as well, with regard to certain functional traits (Razmaite V., 2000).

One of the most efficient measures for genetic improvement of animals, consequently including pigs, is their evaluation using the Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) method. The method, used in animal breeding, offers a possibility to evaluate reasonably and to select the most serviceable animals for breeding in their early ages, and to use effectively genetic potential for improvement of pigs' efficiency and productivity also. This method is used for pigs evaluation in many EU Member and other countries.

BLUP method of pigs' breeding evaluation has been implemented in Lithuania since early in the year 2004 (Groeneveld E. *et al.*, 2002; Method of Pig Genetic Evaluation According to Productivity Traits, 2003; Method of Pig Genetic Evaluation According to Reproduction Traits, 2003). Breeding value of productive characteristics is estimated by multivariate model (5 traits). Breeding value of reproductive characteristics is estimated, using uni-variate model for a single trait - a number of piglets born alive. Genetic evaluation of the trait is not included in a calculation method of bio-economical index.

To analyse pig production, carcass and meat quality, and reproduction traits that are included into breeding programs, multivariate analysis is used in EU. The analysis enables estimation of the traits' genetic value and evaluation of relations between them all. It is also important for Lithuanian pig breeding, to carry out scientific-statistical researches and to examine possibilities to merge evaluations of both productive and reproductive traits into one multivariate model.

Objective of the research

To evaluate, using up-to-date statistical-genetic methods, the reproductive characteristics of pig breeds bred in Lithuania, to determine correlation of the characteristics with productivity traits, and to develop an optimised system of pigs genetic evaluation by BLUP method.

Tasks of the research

1. To determine influence of genetic and non-genetic factors in pigs reproductive characteristics, to evaluate the additive-genetic heritability

parameters, and co-response of reproduction traits.

2. To evaluate influence of reproductive characteristics on productivity traits; phenotype and genetic co-response.

3. To develop an optimised pigs genetic evaluation system employing BLUP method, estimating pigs reproductive and productive characteristics, using the integrated multivariate model.

4. To evaluate tendencies of pigs genetic improvement.

Novelty of the research

Using the method of unifactor and multifactor dispersion analysis, leverage of genetic and non-genetic factors on reproductive characteristics of pigs, bred in Lithuania, was determined.

Heritability parameters of reproductive characteristics were determined, using modern software.

Genetic and phenotype co-response of the reproductive characteristics was estimated.

Genetic correlation between reproductive characteristics and productivity traits was evaluated, using statistical-genetic methods, for the first time in Lithuania.

Optimised multivariate model for determination of reproductive and productive traits' breeding value by BLUP method for pigs, bred in Lithuania, was developed.

Practical meaning of the work

Selective-genetic parameters of reproductive and productivity characteristics were determined for Lithuanian White, Yorkshire, Large White and Landrace breeds, and the multivariate model for breeding value estimation was worked out.

Materials and methods

This scientific research was carried out in 2001-2005 at the department of Animal Breeding and Genetics, Lithuanian Veterinary Academy, at laboratory of Animal Breeding Value Researches and Selection, and at the State Pig Breeding Station. For the research purposes, purebred Lithuanian White, Yorkshire, Large White and Landrace pigs' productivity and origin data was picked out from the State Pig Breeding Station's database. Reproduction data of sows, farrowed in 2000-2005 at Lithuanian pig breeding enterprises, check-up fattening and slaughter data, recorded in 1996-2004, and pig measurements' with "Piglog" data from breeding-grounds from the period 1998-2005, were included into investigative array. Extent of Large White breed's data array did not influence reliability of test results; therefore Large White sows data was merged with group data of genetically kindred Yorkshire breed. Three data arrays were formed, according to sow breeds' groups: the group of Lithuanian White breed (LB), collective Yorkshire and Large White group (JDB), Landrace breed group (L). Three data sets were merged and then used to estimate genetic parameters: fattening and meat quality traits from test station (LB – 5463; JDB – 2953; L – 1616); production traits from field test (LB –

12374; JDB – 10584; L – 13881); reproduction traits from farms (LB – 9671; JDB – 9270; L – 7342).

The reproduction traits studied were divided into five trait groups: litter size, piglet survival, piglet growth, time intervals, longevity. The litter size traits were total number of piglets born (PSK), number of piglets born alive (NBA), number of piglets at 21 day in litter (P21SK), number of piglets weaned (PNUJSK). Number of stillborn piglets (PNSK), percent of stillborn piglets (PN%), piglet mortality between birth and 21 day (PN21SK), percent of piglets lost during 21 day (PN21%), piglet mortality between birth and weaning (PNUJNSK), percent of piglets lost during suckling period (PNUJN%) were the piglet survival traits. The piglet growth traits were total weight litter at 21 day in kg (SV21), daily gain of piglet at 21 day. The traits measuring time intervals were gestation length (EP), age at first farrowing (A1AP) and farrowing interval (IAP). Lifetime prolificacy (PRVSK) and length productive life of sow in months (GI) were the longevity traits.

The 1 – 7 parities records were analysed. Records were excluded when the analysing traits was missing. Farms with less than 20 litters per year were excluded from the data. A record was also excluded when age of sow not satisfying these conditions (1th – 260 – 500 days; 2th – 420 – 700 days; 3th – 580 – 950 days; 4th – 750 – 1050 days; 5th – 850 – 1250 days; 6th – 1050 – 1450 days; 7th – 1100 – 1650 days).

The following production traits from the station and field were analysed: daily gain (at station), feed consumption ratio (at station), back-fat thickness (at station), daily gain (at farm) and lean meat percentage (at farm). These traits were used for genetic evaluation in Lithuanian pig breeding programme.

The pedigrees were traced back to the third generation.

Arithmetic means ($\bar{X}$), standard errors of arithmetic averages (se), coefficients of variation (C_v) and phenotypic correlations between traits were estimated using "R" statistic package. The effect of various factors (%) on the analysed parameters was studied by the one-way and multi-way analysis of variance (ANOVA) using "R" statistic package too. The covariance components, genetic correlations and heritabilities were analysed with restricted maximum likelihood method (REML) by the PEST and VCE packages (Groeneveld E., 1998). Full covariance matrices between traits were assumed for all random factors except the residual effect. "Full" means that the matrices were of the dimension of the number of traits, which the given factor was defined for. Non-zero residual co-variances were allowed for only between station-test traits and between field-test traits, for all remaining combinations of two traits zero residual co-variances were assumed. The package VCE determines a reliability of results. All calculations finished with status 1, that means there were no problems with convergence. Correlations that differed more than 1.96xSE from zero were considered significantly different from zero.

The following animal models were used to estimate the co-variance matrices and heritabilities:

1) The genetic evaluation too-traits model for reproduction traits of first parities was presented as:

$$Y_{ijklmn} = \mu + AT_i + H_j + KV_k + \bar{U}MS_l + ANIMAL_m + e_{ijklmn}$$

2) The genetic evaluation too-traits model for reproduction traits of 1 – 7 parities was presented as:

$$Y_{ijklmnor} = \mu + AT_i + H_j + KV_k + \bar{U}MS_l + VNR_m + PE_n + ANIMAL_o + e_{ijklmnor}$$

3) Genetics correlations between lean meat, thickness of back-fat, age at 100 kilograms and reproductions traits of first parity were calculated. Estimates were obtained from multivariate analyses in which both reproduction and production traits were included. The genetic evaluation model for reproduction traits was presented in point 1.

For lean meat, thickness of back-fat and age at 100 kilograms the following statistic model was used:

$$Y_{ijkl} = \mu + SV_{reg}(fat) + \bar{U}MS_l + Vada_j + ANIMAL_k + e_{ijkl}$$

4) A six-trait animal model was used to estimate the covariance matrices and genetic correlations between production and reproduction traits.

The genetic evaluation model for reproduction traits was presented as:

$$Y_{ijklmnor} = \mu + AT_i + H_j + KV_k + \bar{U}MS_l + VNR_m + PE_n + ANIMAL_o + e_{ijklmnor}$$

The genetic evaluation model for traits measured at station (daily gain and feed consumption ratio) was presented as:

$$Y_{ijklmn} = \mu + SMS_i + \bar{U}_j + L_k + Vada_l + ANIMAL_m + e_{ijklmn}$$

For back-fat thickness the model were supplemented with slaughter weight regression:

$$Y_{ijklmn} = \mu + SV_{reg}(fat) + SMS_i + \bar{U}_j + L_k + Vada_l + ANIMAL_m + e_{ijklmn}$$

The genetic evaluation model for traits measured at farm (daily gain and lean meat percentage) was presented as:

$$Y_{ijklmn} = \mu + B_i + MS_j + L_k + Vada_l + ANIMAL_m + e_{ijklmn}$$

AT – mating type, fixed factor;

H – hybridisation litter, fixed factor (purebred or cross);

KV – breed of service boar, fixed factor;

$\bar{U}MS$ – herd_year_season, random factor. Seasons were formed as three-month intervals (March – May, June – August, September – November, December – February of the following year) on the base of date farrowing;

VNR – parity, fixed factor;

PE – permanent effect of sow, random factor;

$SV_{reg}(fat)$ – slaughter weight, co-variable (for back-fat thickness);

Vada – litter, random factor (animal's_dam_number + animal's_birth date);

SMS – station_year_season, random factor. Seasons were formed as three-month intervals (March – May, June – August, September – November, December – February of the following year) on the base of date slaughter.

$\bar{U}$ – herd, random factor;

L – sex, fixed factor (females, males and castrates);

B – herd, fixed factor;

MS – year_season, fixed factor. Seasons were formed as three-month intervals (March – May, June – August, September – November, December – February of the following year) on the base of date farrowing.

ANIMAL – additive genetic effect of animal, random factor with covariance matrix.

e – random error.

Results and Discussion

For animal evaluation using BLUP method, mixed linear equation models are applied, that can eliminate the influence of investigated factors on traits' mean value. Therefore, one of the most important tasks was to clear out genetic and non-genetic factors that had the strongest impact on variation of the investigated traits. It was determined that farm conditions had big influence on all sows' reproductive characteristics, and these conditions were clearly described by combined factors: a farm_year_season and a farm_year_month (from 10% to 60%). The influence of other non-genetic and genetic factors was far less (year 0.1% to 8.8%; season 0.1% to 1.3%; month 0.2% to 1.3%; litter 0.1% to 4.9%; mating type 0.2% to 13.4%; hybridisation 0.3% to 8%, boar breed 0.4% to 10.3%, boar line 1.3% to 7.6%, sow family 0.5% to 2%).

Currently, in most national pig breeding programs genetic pig evaluation is carried out separately according to productive or reproductive traits, whereas a litter size is evaluated using multiple model (with a permanent animals environment effect) (Wolfova and Wolf, 1999). Currently reproductive characteristics of purebred pigs are evaluated in Lithuania in the same way.

Bi-variate model (two reproductive traits were evaluated simultaneously) was applied to determine heritabilities of reproductive characteristics and genetic correlations. For the all three breeds, heritability indices of 1 – 7 litter size traits did not differ much and ranged from 0.028 to 0.085. Heritabilities of a litter size traits, presented in literature sources, ranged from 0.09 to 0.2; mean value was 0.13 on an average (Leukkunen, 1984; Estany and Sorensen, 1995; Roehe and Kennedy, 1995; Adamec and Johnson, 1997; Rothschild and Bidanel, 1998; Hanenberg *et al.*, 2001; Zhang *et al.*, 2000; Rydhmer, 2000). Determined heritabilities were less than those mentioned in the literature sources. Traits' heritability of first litter size ranged from 0.032 to 0.101, and the value was the most similar to those reported in literature. Heritabilities for number of piglets weaned were obtained far less than for number of piglets born, thus matching literature data (Southwood and Kennedy, 1990; Adamec and Johnson, 1997).

Heritabilities of different breeds' piglet survival traits showed big differences and were less than the indices of a litter size traits (LB 0.005 to 0.011; JDB 0.013 to 0.022; L 0.018 to 0.035). There was significant variation in heritabilities of a number of stillborn piglets in first litter (LB – 0.053; JDB – 0.001; L – 0.112). Difference between the trait's heritabilities, estimated for all litters, was less (LB – 0.011; JDB – 0.019; L – 0.035). Very different evaluations of heritability of these traits are published in the literature sources.

Hanenberg *et al.* (2001) determined low heritability value for a number of stillborn piglets (0.02 – 0.05). The trait heritability, determined by Arendonk *et al.* (1996), Grandinson *et al.* (2002), ranged approximately to 0.1.

The highest values of heritability index were determined for age at first farrowing. For L and JDB heritability of the trait was 0.219 and 0.117 respectively. For LB breed, age at first farrowing is heritable solely by index 0.073. Medium heritability index values for this trait are reported in the literature sources (Rydhmer, 2000; Hanenberg *et al.*, 2001; Serenius *et al.*, 2003).

Determined heritability for the farrowing interval of these three breeds (LB – 1 litter $h^2=0.061$, for subsequent litters $h^2=0.016$; JDB – 1 litter $h^2=0.085$, for subsequent litters $h^2=0.016$; L – 1 litter $h^2=0.149$ and for subsequent litters $h^2=0.019$), complied with Tholen's *et al.* (1996) and Rydhmer's *et al.* (1995) proposition that the farrowing interval's heritability for the first litter ranged around 0.1; whereas for subsequent litters – the index vanished.

Determined heritabilities for sow longevity traits (JDB nearly 0.3; for LB and L nearly 0.2) were slightly higher than mentioned in literature (Tholen *et al.*, 1996; López-Serrano *et al.*, 2000; Heusing, 2003).

All estimated statistically reliable genetic correlations for the first litter traits, as well as for all litters' traits were favourable inside groups of investigated traits, and unfavourable between groups of traits. Similarly all statistically reliable correlations between the traits, determined for first litter, didn't conflict with respective correlations, determined between traits of all litters.

The litter size traits of all tested breeds were linked with strong, statistically significant genetic (0.810 – 0.996) and phenotypic (0.454 – 0.934) correlations.

All statistically significant genetic correlations, determined between litter size and piglet survival traits, were unfavourable. Between total number of piglets born and number of stillborn piglets, middle and high values of genetic correlation index were determined (0.34 to 0.85). It corresponds with data, published in literature sources (Hanenberg *et al.*, 2001; Knol, 2001). Number of piglets born alive - the trait for which selection is undertaken in Lithuania, shows unfavourable correlation with piglet survival traits in all tested breeds. Genetic correlation between this trait and number of stillborn piglets for Landrace sows is statistically reliable (0.31). For all breeds correlation with piglet mortality between birth and weaning is far threatening (LB – 0.678; JDB – 0.522; L – 0.586). Keeping animal selection solely for a number of piglets born alive, we will have higher losses till weaning.

Genetic correlations between total weight of a litter at 21st day and total number of piglets born alive were strong and statistically significant (LB – 0.954; JDB – 0.612; L – 0.841). Possibly, it was a result of long-term selection for these two traits.

Between age at first farrowing and daily gain of a piglet at 21st day in litter, negative statistically significant genetic correlation indices were determined for all tested breeds (LB $r_g=-0.443$; JDB $r_g=-0.358$; L $r_g=-0.224$). This can be

explained that piglets can inherit high growth rate from their mother.

Medium, statistically reliable genetic correlation indices (nearly 0.4) were estimated for all breeds, between gestation length and a farrowing interval. However, this correlation can hardly possess some practical value. Range of gestation length's variation is very low, and selection for this trait will not shorten a farrowing interval.

Very much requested, statistically significant correlation was determined for Landrace between age at first farrowing and a farrowing interval (0.536), that corresponded to literature data (Serenius, 2004).

The results of various tests point out that traits of different farrows are not controlled by absolutely the same genes. Based on genetic correlations between distinct farrows, several authors propose combined models, when the first farrowing is designated as a separate trait, and other farrows – as the second multiple trait (Bösch *et al.*, 1999; Fischer *et al.*, 1999; Hermes *et al.*, 2000).

For pig populations in different countries, determined genetic correlation between 2 and 3 farrowing was high and approximated to 1, whereas correlation between 1 and 2; 1 and 3 farrowing was lower (Wolf *et al.*, 1999; Peškovičová *et al.*, 1999; Tholen *et al.* 1996; Bösch *et al.*, 1999; Hanenberg *et al.*, 1999; Hermes *et al.*, 2000; Täubert and Brandt, 2000). Consequently, reproductive traits for first litter, and for second to the other litters, should be treated separately. It would be the compromise between multitrait model, used for most pig populations, applied for all litters, and a proposition to separate all litters as different traits (Roehe and Kennedy, 1994).

In this study the combinative model was used for calculations of heritabilities and genetic correlations, wherein the first and subsequent farrowings were treated as separate traits.

Heritabilities of 2 to 7 litters fractionally differed from heritabilities, estimated for all litters. Statistically reliable very strong genetic correlations were found between litter size traits of first and subsequent farrowings, and a farrowing interval for all breeds ((PRSK 0.799 – 0.975; PRGSK 0.697 – 0.833; PR21SK 0.6 – 0.742; PRNUJSK 0.563 – 0.693; IAP 0.701 – 0.941). As it was reported in literature sources, 1 litter's heritability for a number of piglets born should be higher than for subsequent litters (Roehe and Kennedy, 1995; Tholen *et al.*, 1996; Hanenberg *et al.*, 2001). For Lithuanian White, Yorkshire and Large White breeds we obtained the inverse result.

LB genetic correlation index for a number of stillborn piglets between 1 litter and subsequent ones was not reliable and low, whereas for JDB and L the correlations were statistically significant and strong (0.834 and 0.741).

The results obtained, point out that reproductive characteristics of first litter and those of subsequent litters should be evaluated as separate traits. Their heredity indices have different values; therefore animal-breeding value can be determined more precisely. However, examining reproductive parameters of first litter as separate traits, it raises some difficulties in forming classes, depending on investigated factors.

A bi-variate animal model was used to estimate the covariance matrices

and heritabilities only for reproduction traits. For reproductive and productive traits was using six-trait animal model. Heritability of reproductive characteristics, estimated using six-trait model and using bi-variate animal model, were low and differed fractionally. Their value was close to those published in literature (Leukkunen, 1984; Estany and Sorensen, 1995; Roehe and Kennedy, 1995; Adamec and Johnson, 1997; Rothschild and Bidanel, 1998; Hanenberg *et al.*, 2001; Zhang *et al.*, 2000; Rydhmer, 2000).

Results of calculations using different source data, published in literature sources, pointed out that values of correlation indices between reproductive and productive traits were low, and sometimes contradictory. Crump and others (1997b) reported that genetic correlations were reliably approaching zero. Kerr and Cameron (1996) determined positive reliable genetic correlations between rate of growth and a nest size. Hermes *et al.* (2000) determined unreliable correlations between the same traits. Rydhmer (2000) estimated that genetic correlations between traits depended on environment factors. She had recommended combined evaluation of productive and reproductive traits.

For all breeds, genetic correlation indices among productivity traits and among litter size traits were low and didn't exceed 0.25 (tables 1, 2, 3).

For Lithuanian Whites, number of piglets born alive statistically reliably and favourably correlated with daily gain of a piglet (at a Station), with feed consumption per 1 kg of weight gain and with daily gain of piglet (at breeding enterprise). Whereas for Landraces, number of piglets born alive correlated only with feed consumption per 1 kg. For Yorkshire and Large White breeds, statistically significant correlation indices were not determined between number of piglets born alive and productivity traits. Results, obtained for that breed, demonstrated the best conformity with literature data, wherein correlations between prolificacy and productivity traits were approximately zero and unfavourable (Rydhmer *et al.*, 1995; Estany *et al.*, 2002a; Noguera *et al.*, 2002; Chen *et al.*, 2003).

Unfavourable, medium size, statistically significant genetic correlation was determined, between weight of fat and total weight of litter at 21st day for all examined breeds. Correlations were reliable and favourable between a farrowing interval and piglet daily gain for Landrace, Yorkshire and Large White breeds. Unfavourable genetic correlation indices were determined between number of stillborn piglets and muscle weight for all breeds (LB $r_g=0.218$; JDB $r_g=0.159$; L $r_g=0.364$). Among piglet mortality between birth and 21st day, and production traits, all obtained statistically reliable correlations were unfavourable. Therefore, it can be stated that unfavourable genetic correlations showed up, between piglet survival traits and productivity traits.

More attention should be drawn on the piglet survival traits at animal selection. It would be complicated enough and not efficient, to incorporate piglet survival traits into genetic evaluation, due to low heritabilities (for number of stillborn piglets – LB and JDB approximately 0.01 and L – 0.04; for piglet mortality between birth and 21st day in litter – LB 0.007; JDB 0.03; L 0.04).

Table 1. Heritabilities $h^2(\text{se})$ and genetic correlations $r_g(\text{se})$ between reproduction and production traits for Lithuanian White pigs
1 lentelė. Lietuvos baltųjų veislės kiaulių produktyviųjų ir reprodukcinių savybių paveldimumo koeficientai $h^2(\text{se})$ ir genetinės koreliacijos $r_g(\text{se})$.

Traits	Production traits from station			Production traits from farm		Reproduction traits							
	Daily gain, g	Feed consumption, kg	Backfat thickness, mm	Daily gain, g	Percent of lean meat, %	Total number of piglets born	Number of piglets born alive	Total litter weight at 21 d., kg	Farrowing interval, d.	Number of stillborn piglets	Percent of stillborn piglets, %	Piglet mortality between birth and 21 d.	Piglet mortality percent, %
$h^2(\text{se})$	0,570 (0,031)	0,304 (0,025)	0,217 (0,017)	0,258 (0,014)	0,384 (0,014)	0,095 (0,007)	0,075 (0,007)	0,009 (0,002)	0,020 (0,005)	0,012 (0,004)	0,012 (0,004)	0,007 (0,002)	0,005 (0,003)
$r_g(\text{se})$													
Daily gain, g (station)		-0,747 ^{***} (0,023)	0,040 (0,043)	0,375 ^{***} (0,070)	0,045 (0,044)	0,220 ^{***} (0,031)	0,203 ^{***} (0,060)	-0,543 ^{***} (0,111)	0,201 (0,112)	0,031 (0,130)	-0,026 (0,134)	0,735 ^{***} (0,117)	0,697 ^{***} (0,170)
Feed consumption, kg (station)			0,226 ^{***} (0,045)	-0,337 ^{***} (0,072)	-0,254 ^{***} (0,035)	-0,240 ^{***} (0,047)	-0,253 ^{***} (0,041)	0,094 (0,113)	-0,352 [’] (0,148)	-0,069 (0,098)	0,043 (0,113)	-0,551 ^{***} (0,129)	-0,571 ^{***} (0,182)
Backfat thickness, mm(station)				-0,081 [’] (0,034)	-0,971 ^{***} (0,033)	0,021 (0,083)	0,040 (0,101)	0,331 [’] (0,142)	0,177 (0,153)	-0,149 (0,175)	-0,114 (0,154)	-0,192 (0,165)	-0,149 (0,195)
Daily gain, g (farm)					0,154 ^{***} (0,039)	-0,144 ^{***} (0,032)	-0,159 ^{***} (0,055)	-0,429 ^{***} (0,113)	-0,030 (0,111)	0,066 (0,105)	0,117 (0,105)	0,291 [’] (0,148)	0,329 [’] (0,169)
Percent of lean meat, % (farm)						0,118 [’] (0,052)	0,077 (0,060)	-0,473 ^{***} (0,110)	0,044 (0,116)	0,218 [’] (0,111)	0,202 (0,108)	0,403 ^{’’} (0,146)	0,380 [’] (0,167)

p ^{***} – 0,001; ^{’’} – 0,01; [’] – 0,05

Table 2. Heritabilities $h^2(\text{se})$ and genetic correlations $r_g(\text{se})$ between reproduction and production traits for Yorkshire and Large White pigs

2 lentelė. Jorkšyrų ir didžiųjų baltųjų veislių kiaulių produktyviųjų ir reprodukcinių savybių paveldimumo koeficientai $h^2(\text{se})$ ir genetinės koreliacijos $r_g(\text{se})$.

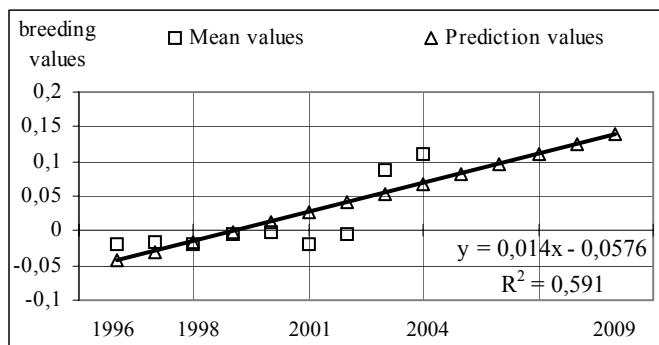
Traits	Production traits from station			Production traits from farm		Reproduction traits							
	Daily gain, g	Feed consumption, kg	Backfat thickness, mm	Daily gain, g	Percent of lean meat, %	Total number of piglets born	Number of piglets born alive	Total litter weight at 21 d., kg	Farrowing interval, d.	Number of stillborn piglets	Percent of stillborn piglets, %	Piglet mortality between birth and 21 d.	Piglet mortality percent, %
$h^2(\text{se})$	0,197 (0,029)	0,225 (0,025)	0,226 (0,028)	0,167 (0,012)	0,412 (0,016)	0,091 (0,010)	0,090 (0,009)	0,065 (0,009)	0,018 (0,006)	0,014 (0,005)	0,020 (0,005)	0,029 (0,007)	0,027 (0,006)
$r_g(\text{se})$													
Daily gain, g (station)		-0,601 ^{***} (0,043)	-0,141 [’] (0,062)	0,422 ^{***} (0,086)	0,046 (0,063)	-0,330 (0,196)	-0,041 (0,170)	0,176 (0,177)	-0,439 [’] (0,184)	-0,769 ^{***} (0,121)	-0,792 ^{***} (0,092)	0,089 (0,252)	-0,077 (0,230)
Feed consumption, kg (station)			0,730 ^{***} (0,058)	-0,014 (0,093)	-0,409 ^{***} (0,065)	0,102 (0,124)	-0,029 (0,139)	-0,132 (0,134)	0,736 ^{***} (0,082)	0,301 (0,176)	0,325 (0,212)	-0,480 (0,220)	-0,153 (0,260)
Backfat thickness, mm(station)				0,082 (0,081)	-0,784 ^{***} (0,054)	0,220 (0,115)	0,213 (0,123)	0,415 ^{***} (0,103)	0,219 (0,146)	-0,092 (0,136)	-0,088 (0,184)	-0,668 ^{***} (0,090)	-0,619 ^{***} (0,129)
Daily gain, g (farm)					0,116 ^{’’} (0,045)	0,027 (0,059)	0,024 (0,060)	0,004 (0,270)	0,270 (0,177)	0,066 (0,092)	0,067 (0,108)	0,027 (0,089)	0,010 (0,089)
Percent of lean meat, % (farm)						-0,056 (0,054)	-0,099 (0,056)	-0,134 [’] (0,054)	0,270 [’] (0,119)	0,135 (0,083)	0,159 (0,100)	0,004 (0,050)	0,050 (0,083)

p ^{***} – 0,001; ^{’’} – 0,01; [’] – 0,05

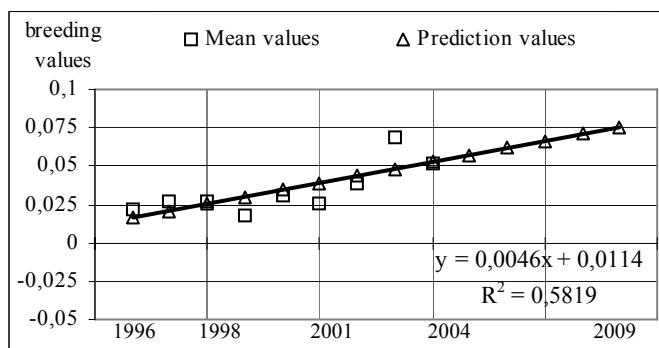
Table 3. Heritabilities $h^2(\text{se})$ and genetic correlations $r_g(\text{se})$ between reproduction and production traits for Landrace pigs**3 lentelė.** Landrasų veislės kiaulių produktyviųjų ir reprodukcinių savybių paveldimumo koeficientai $h^2(\text{se})$ ir genetinės koreliacijos $r_g(\text{se})$.

Traits	Production traits from station			Production traits from farm		Reproduction traits							
	Daily gain, g	Feed consumption, kg	Backfat thickness, mm	Daily gain, g	Percent of lean meat, %	Total number of piglets born	Number of piglets born alive	Total litter weight at 21 d., kg	Farro-wing interval, d.	Number of stillborn piglets	Percent of stillborn piglets, %	Piglet mortality between birth and 21 d.	Piglet mortality percent, %
$h^2(\text{se})$	0,421 (0,057)	0,173 (0,045)	0,264 (0,043)	0,320 (0,014)	0,319 (0,014)	0,072 (0,008)	0,073 (0,008)	0,022 (0,004)	0,023 (0,006)	0,042 (0,007)	0,042 (0,006)	0,041 (0,006)	0,036 (0,006)
$r_g(\text{se})$													
Daily gain, g (station)		-0,723 ^{***} (0,046)	0,247 ^{**} (0,086)	0,291 ^{***} (0,081)	0,149 [*] (0,062)	-0,134 [*] (0,066)	0,039 (0,094)	-0,145 (0,150)	-0,345 [*] (0,137)	-0,228 [*] (0,107)	-0,225 (0,117)	-0,199 (0,121)	-0,284 [*] (0,122)
Feed consumption, kg (station)			0,119 (0,108)	-0,375 ^{***} (0,096)	-0,157 (0,087)	-0,221 ^{**} (0,076)	-0,244 ^{**} (0,088)	0,722 ^{***} (0,097)	-0,038 (0,109)	-0,218 (0,123)	-0,222 [*] (0,105)	-0,503 ^{***} (0,105)	-0,436 ^{***} (0,118)
Backfat thickness, mm(station)				-0,091 (0,072)	-0,629 ^{***} (0,036)	-0,186 ^{**} (0,071)	-0,091 (0,052)	0,307 [*] (0,138)	0,276 [*] (0,136)	-0,303 [*] (0,124)	-0,215 (0,120)	-0,406 ^{***} (0,107)	-0,440 ^{***} (0,108)
Daily gain, g (farm)					-0,094 (0,036)	-0,110 [*] (0,053)	-0,088 (0,055)	-0,232 ^{**} (0,075)	0,040 (0,107)	-0,096 (0,060)	-0,081 (0,062)	-0,062 (0,065)	-0,017 (0,065)
Percent of lean meat, % (farm)						0,239 ^{***} (0,055)	0,090 ^{***} (0,008)	-0,012 (0,077)	-0,063 (0,104)	0,364 ^{***} (0,064)	0,313 ^{***} (0,065)	0,267 ^{***} (0,067)	0,261 ^{***} (0,069)

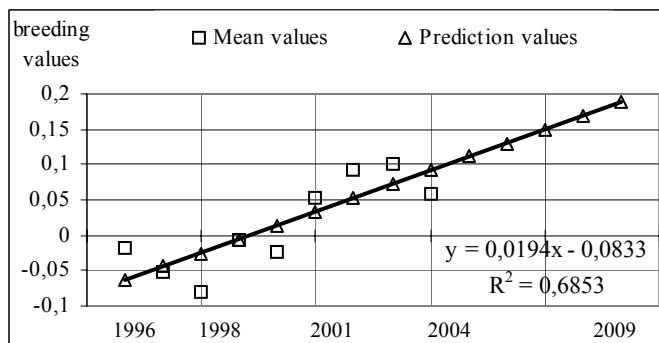
p ^{***} – 0,001; ^{**} – 0,01; ^{*} – 0,05



a. Lithuanian White sows



b. Yorkshire and Large White sows



c. Landrace sows

Figure 1. Genetic trend of the mean of estimated breeding values for number of piglets born alive to the 2009 year (a. Lithuanian White sows; b. Yorkshire and Large White sows; c. Landrace sows)

1 paveikslas. Lietuvos baltųjų (a.), jorkšyrų ir didžiųjų baltųjų (b.) ir landrasų (c.) veislių paršavedžių vislumo vidutinės veislinės vertės pokyčiai metų bėgyje.

It is very difficult to improve pigs' prolificacy, because the trait's heritabilities are low. We applied linear regression predictive method for evaluation of selection's efficiency, according to obtained heritability parameters of a population. Average animal breeding value of all breeds has been improved during last few years (Figure 1).

It can be forecasted that in 2004 to 2009, prolificacy breeding value of Lithuanian White sows and boars will increase by 0.08 piglet, for Yorkshire and Large White – by 0.03 piglet and for Landraces – by 0.09 piglet on average.

Conclusions

1. Variation analysis of data, stored in Lithuanian Pig Breeding Records Information System, showed that farm conditions had the strongest, statistically reliable impact on sows' reproductive characteristics. These farm conditions can be described in the best way by the aggregated factors: Farm_year_season and farm_year_month (from 10% to 60%). Influence of the other non-genetic and genetic factors was far less (year 0.1% – 8.8%; season 0.1% – 1.3%; month 0.2% – 1.3%; litter 0.1% – 4.9%; mating type 0.2% – 13.4%; hybridisation 0.3% – 8%, boar's breed 0.4% – 10.3%, boar's line 1.3% – 7.6%, sow's family 0.5% – 2%).

2. Determined heritabilities of reproductive characteristics were low and similar to already published indices. Heritabilities determined for litter size traits, ranged from 0.09 to 0.2. Piglet survival traits' heritabilities, estimated for different breeds, had the highest variation - LB 0.005 to 0.011; JDB 0.013 to 0.022; L 0.018 to 0.035. The highest heritabilities were determined for age at first farrowing (from 0.073 to 0.219), and for sow longevity traits (from 0.2 to 0.3).

3. All determined statistically reliable genetic correlations for traits of first litter, as well as for traits of all litters, were favourable inside groups of examined traits, and unfavourable between groups of traits. All statistically significant genetic correlations, obtained between litter size and piglet survival traits, were unfavourable. Medium and high values of genetic correlation indices were determined between total number of piglets born and a number of stillborn piglets (0.34 to 0.85).

4. For all examined breeds, genetic correlation indices among litter size traits and among productivity traits were low and didn't exceed 0.25. Between piglet survival traits and productivity traits, unfavourable genetic correlations were determined.

5. It was determined that multivariate multiple model was the most suitable for evaluation of pigs' reproductive characteristics. This model can evaluate collectively reproductive and productive traits that are selected, and their genetic co-response. It is expedient to evaluate reproductive characteristics according to number of piglets born alive (prolificacy), using following heritabilities: for Lithuanian White – 0.075; for a group of Yorkshire and Large White breeds – 0.090; for Landrace – 0.073.

6. The research work have shown that following optimised effects should

be used, in statistical model for the evaluation of reproductive traits: Fixed conception's type effect (AT, mating or insemination); fixed litter hybridisation effect (H, purebred or cross); fixed service boar's breed effect (KV); random aggregated effect of a farm_year_season (ŪMS); fixed parity effect (VNR); permanent sow's environment effect (PE); animal random effect (ANIMAL).

$$Y_{ijklmnor} = \mu + AT_i + H_j + KV_k + \bar{UMS}_l + VNR_m + PE_n + ANIMAL_o + e_{ijklmnor}$$

Proposals

1. In Lithuanian pigs' genetic evaluation system, it is purposeful to implement multivariate model, evaluating reproductive characteristics according to a number of piglets born alive (prolificacy) together with productivity traits. Reproductive traits should be evaluated according to data of the 1 to 7 litters, using multiple models (with a permanent sow's environment effect).

2. For Landrace breed, breeding value should be calculated according to number of stillborn piglets as well. Unfavourable, statistically reliable correlation was estimated between number of piglets born alive and number of stillborn piglets for that breed. Heritability $h^2 = 0,042$, determined for number of stillborn piglets, would enable more efficient pig evaluation according to this trait as well.

3. It is expedient to complement currently used pigs' bio-economic indexes calculation formula, by adding genetic evaluation data of prolificacy.

$$BEI = \text{Daily_gain}_v * 0,2 + \text{Feed_consumption} * 56,5 + \text{Lean_meat} * 5 + \\ + \text{Number_of_piglets_born_alive} * 35$$

4. Genetic evaluation should be done weekly. Prolificacy parameters should be added to published animals' evaluation results

List of publications on the dissertation topic Disertacijos tema paskelbtų straipsnių sąrašas

1. Kerzienė S., Juozaitienė V. Lietuvos baltųjų veislės kiaulių reprodukcinių savybių selekciniai – genetiniai parametrai. Veterinarija ir zootechnika. Kaunas, 2002. T. 17 (39). P. 78 – 82.

2. Juozaitienė V., Jeroch H., Rimkevičius S., Kerzienė S., Šeškevičienė J., Kulpys J., Bartkevičiūtė Z., Černauskienė J. Neue Futtermischung für die Schweineleistungsprüfung /Naujo raciono įtakos kiaulių penėjimo ir skerdenos rodikliams tyrimas/. Veterinarija ir zootechnika. Kaunas, 2002. T. 20(42). P. 78–81.

3. Kerzienė S., Juozaitienė V. Paveldimųjų kiaulių savybių priklausomybės nuo ūkinių sąlygų statistiniai tyrimai. Veterinarija ir zootechnika. Kaunas, 2004. T. 28 (50). P. 61 – 64.

Research results were presented in 2 international conferences Gauti tyrimų rezultatai paskelbti 2 tarptautinėse konferencijose

1. Kerzienė S., Juozaitienė V. Ūkinių sąlygų įtaka Lietuvoje veisiamų kiaulių paveldimoms savybėms. Tarptautinė mokslinė konferencija “Ekologinė

gyvulininkystė: dabartis ir perspektyvos”. Lietuva, Kaunas, LVA. 2004. P. 76-78.

2. Kerzienė S., Juozaitienė V. The influence of sow lean meat and back-fat thickness on reproduction traits. Tarptautinė konferencija “11th Baltic Animal Breeding and Genetics Conference”. Lietuva, Palanga. 2005. P. 87-89.

Reziumė

Šio darbo tikslas buvo statistiniais – genetiniais metodais įvertinti Lietuvoje veisiamų veislių kiaulių reprodukcines savybes, nustatyti jų ryšius su produktyvumo požymiais ir paruošti optimizuotą kiaulių genetinio vertinimo BLUP metodu sistemą.

Šiam tikslui pasiekti buvo iškelti tokie uždaviniai:

1. Nustatyti genetinių ir negenetinių veiksnių įtaką kiaulių reprodukcinėms savybėms, įvertinti adityvinius – genetinius paveldimumo parametrus bei reprodukcijos požymių tarpusavio ryšius.

2. Įvertinti reprodukcinių savybių įtaką produktyvumo požymiams ir fenotipinius bei genetinius tarpusavio ryšius.

3. Paruošti optimizuotą kiaulių genetinio įvertinimo BLUP metodu sistemą, jungtiniu multivariaciniu modeliu vertinant kiaulių reprodukcines ir produktyvias savybes.

4. Įvertinti kiaulių genetinio gerinimo tendencijas.

Atlikus statistinius tyrimus, buvo nustatyta, kad daugiausia įtakos visoms paršavedžių reprodukcinėms savybėms turėjo ūkinės sąlygos, kurias geriausiai išreiškė jungtiniai faktoriai ūkis_metai sezonas ir ūkis_metai mėnuo (nuo 10% iki 60%). Kitų negenetinių ir genetinių veiksnių įtaka buvo žymiai mažesnė ir neviršijo 15%. Įvertinus reprodukcijos požymių įvairumą, paaiškėjo, kad ypatingai varijuoja paršelių kritimo rodikliai (net virš 100%).

Šiuo metu daugelio šalių kiaulių veisimo programose genetinis kiaulių vertinimas atliekamas atskirai produkcijos ir atskirai reprodukcijos požymiams, o vados dydžiui vertinti naudojamas kartotinis (su permanentiniu gyvulio aplinkos efektu) modelis (Wolfova ir Wolf, 1999). Taip šiuo metu grynaveislių kiaulių reprodukcinės savybės vertinamos ir Lietuvoje.

Reprodukcinių savybių paveldimumo koeficientams ir genetinėms koreliacijoms nustatyti buvo taikytas bivariacinis modelis (kartu vertinti du reprodukcijos požymiai). Visų trijų veislių 1 – 7 vados dydžio požymiams paveldimumo koeficientai ženkliai nesiskyrė ir svyravo nuo 0,028 iki 0,085. Literatūroje pateikiami paveldimumo koeficientai vados dydžio požymiams įvairuoja nuo 0,09 iki 0,2, vidutiniškai apie 0,13 (Leukkunen, 1984; Estany ir Sorensen, 1995; Roehe and Kennedy, 1995; Adamec ir Johnson, 1997; Rothschild ir Bidanel, 1998; Hanenberg ir kt., 2001; Zhang ir kt., 2000; Rydhmer, 2000). Nustatytieji paveldimumo koeficientai buvo mažesni negu minimi literatūroje. Pirmosios vados dydžio požymių paveldimumas svyravo nuo 0,032 iki 0,101 ir labiau priartėjo prie skelbiamų literatūroje reikšmių. Nujunkytų paršelių skaičiui paveldimumo koeficientai buvo gauti gerokai

mažesni negu atvestų paršelių skaičiui, kas neprieštaravo literatūros duomenims (Southwood ir Kennedy, 1990; Adamec ir Johnson, 1997).

Skirtingų veislių paršelių kritimo požymių paveldimumo koeficientai ženkliai skyrėsi ir buvo žemesni nei vados dydžio požymių (LB nuo 0,005 iki 0,011; JDB nuo 0,013 iki 0,022; L nuo 0,018 iki 0,035). Ypatingai skyrėsi atvestų negyvų paršelių skaičiaus pirmosios vados paveldimumo koeficientai (LB – 0,053; JDB – 0,001; L – 0,112). Visoms vadoms nustatyti šio požymio paveldimumo koeficientai skyrėsi mažiau (LB – 0,011; JDB – 0,019; L – 0,035). Literatūroje randami labai skirtingi šių požymių paveldimumo įvertinimai. Hanenberg ir kt. (2001) nustatė labai mažą paveldimumo koeficientą atvestų negyvų paršelių skaičiui (0,02 – 0,05). Arendonk ir kt. (1996), Grandinson ir kt. (2002) nustatytas šio požymio paveldimumas svyravo apie 0,1.

Didžiausi paveldimumo koeficientai buvo nustatyti amžiui pirmojo apsipašaravimo metu. L ir JDB šio požymio paveldimumas sudarė 0,219 ir 0,117 atitinkamai. LB veislei amžius pirmojo apsipašaravimo metu paveldimas tik koeficientu 0,073. Literatūros šaltiniuose minimi vidutiniai paveldimumo koeficientai šiam požymiui (Rydmer, 2000; Hanenberg ir kt., 2001; Serenius ir kt., 2003).

Nustatyti laikotarpiui tarp apsipašaravimų visų trijų veislių paveldimumo koeficientai (LB – 1 vadai $h^2=0,061$, vėlesnėms $h^2=0,016$; JDB – 1 vadai $h^2=0,085$, vėlesnėms $h^2=0,016$; L – 1 vadai $h^2=0,149$ ir vėlesnėms $h^2=0,019$) neprieštaravo Tholen ir kt. (1996) bei Rydmer ir kt. (1995) teiginiui, kad laikotarpiui tarp apsipašaravimų paveldimumo koeficientas pirmajai vada svyruoja apie 0,1, o vėlesnės vadoms artėja prie nulio.

Paršavedžių ilgaamžiškumo požymiams nustatyti paveldimumo koeficientai (JDB apie 0,3; LB ir L apie 0,2) šiek tiek viršijo aptinkamus literatūroje (Tholen ir kt., 1996; López-Serrano ir kt., 2000; Heusing, 2003).

Visos nustatytos statistiškai patikimos genetinės koreliacijos tiek pirmosios vados požymiams, tiek visų vadų požymiams buvo palankios tiriamųjų požymių grupių viduje ir nepalankios tarp požymių grupių. Taip pat visos pirmajai vada nustatytos statistiškai patikimos koreliacijos tarp požymių neprieštaravo atitinkamoms koreliacijoms nustatytoms tarp visų vadų požymių.

Visų veislių vados dydžio požymius siejo stiprios statistiškai reikšmingos tiek genetinės (0,810 – 0,996), tiek fenotipinės (0,454 – 0,934) koreliacijos.

Tarp vados dydžio ir paršelių kritimo požymių nustatytos visos statistiškai reikšmingos genetinės koreliacijos yra nepalankios. Tarp atvestų paršelių skaičiaus vadoje ir atvestų negyvų paršelių skaičiaus nustatyti vidutiniai ir dideli genetinės koreliacijos koeficientai (nuo 0,34 iki 0,85). Tai sutampa su skelbiamais literatūroje duomenimis (Hanenberg ir kt., 2001; Knol, 2001). Lietuvoje selekcionuojamas požymis, atvestų gyvų paršelių skaičius, visose veislėse nepalankiai koreliuoja su paršelių kritimo požymiais. Landrasams tarp šio požymio ir atvestų negyvų paršelių skaičiaus genetinė koreliacija yra statistiškai patikima (0,31). Visoms veislėms koreliacija itin grėsminga su kritusių iki nujunkymo paršelių skaičiumi (LB – 0,678; JDB – 0,522; L –

0,586). Toliau selekcionuojant gyvulius tik pagal atvestų gyvų paršelių skaičių, patirsime vis didesnius nuostolius iki vados nujunkymo.

Tarp 21 d. vados svorio ir atvestų gyvų paršelių skaičiaus genetinės koreliacijos buvo didelės ir statistiškai reikšmingos (LB – 0,954; JDB – 0,612; L – 0,841). Tai, matyt, ilgametės selekcijos pagal šiuos du požymius rezultatas.

Tarp pirmojo apsipašaravimo amžiaus ir paršelio priesvorio 21 d. amžiaus vadoje visoms veislėms nustatyti neigiami statistiškai reikšmingi genetinės koreliacijos koeficientai (LB $r_g = -0,443$; JDB $r_g = -0,358$; L $r_g = -0,224$). Tai galima paaiškinti tuo, kad paršeliai iš motinos paveldėjo greitą augimo tempą.

Vidutiniai statistiškai reikšmingi genetinės koreliacijos koeficientai (apie 0,4) buvo nustatyti visoms veislėms tarp embrioninio periodo ir laikotarpio tarp apsipašaravimų. Tačiau vargu ar ši koreliacija turi praktinės reikšmės. Embrioninis periodas pasižymi itin maža variacija ir selekcija pagal šį požymį laikotarpio tarp apsipašaravimų nesutrupins.

Labai pageidaujama statistiškai reikšminga koreliacija buvo nustatyta landrasams tarp pirmojo apsipašaravimo amžiaus ir laikotarpio tarp apsipašaravimų (0,536), kuri atitiko literatūros duomenis (Serenius, 2004).

Įvairių tyrimų rezultatai rodo, kad skirtingų apsipašaravimų požymiai nėra kontroliuojami visiškai tų pačių genų. Remiantis genetinėmis koreliacijomis tarp atskirų apsipašaravimų skirtingi autoriai siūlo naudoti kombinuotus modelius, kai pirmas apsipašaravimas imamas kaip vienas požymis, o kiti apsipašaravimai kaip antras kartotinis požymis (Bösch ir kt., 1999; Fischer ir kt., 1999; Hermes ir kt., 2000).

Skirtingų šalių kiaulių populiacijoms nustatytos genetinės koreliacijos tarp 2 ir 3 apsipašaravimų buvo aukštos ir artėjo prie 1, kai tuo tarpu koreliacijos tarp 1 ir 2 ir 1 ir 3 apsipašaravimų buvo žemesnės (Wolf ir kt., 1999; Peškovičova ir kt., 1999; Tholen ir kt. 1996; Bösch ir kt., 1999; Hanenberg ir kt., 1999; Hermes ir kt., 2000; Täubert ir Brandt, 2000). Iš to seka, kad pirmosios vados ir antrosios bei kitų reprodukcijos požymiai būtų atskirti. Tai būtų kompromisas tarp daugelyje kiaulių populiacijų naudojamo kartotinio modelio visoms vadoms ir siūlymo visas vadas išskirti į atskirus požymius (Roehe ir Kennedy, 1994).

Darbe paveldimumo koeficientai ir genetinės koreliacijos buvo skaičiuoti naudojant kombinuotą modelį, kai pirmas apsipašaravimas ir vėlesni apsipašaravimai imti kaip atskiri požymiai. 2 – 7 vados požymių paveldimumo koeficientai neženkliai skyrėsi nuo visoms vadoms nustatytų paveldimumo koeficientų. Tarp pirmojo ir vėlesnių apsipašaravimų vados dydžio požymių bei laikotarpio tarp apsipašaravimų visoms veislėms buvo rastos statistiškai patikimos labai stiprios genetinės koreliacijos (PRSK 0,799 – 0,975; PRGSK 0,697 – 0,833; PR21SK 0,6 – 0,742; PRNUJSK 0,563 – 0,693; IAP 0,701 – 0,941). Literatūros šaltiniai teigia, kad 1 vados paveldimumo koeficientai atvestų paršelių skaičiui turėtų būti aukštesni nei vėlesnių vadų (Roehe and Kennedy, 1995; Tholen ir kt., 1996; Hanenberg ir kt., 2001). Lietuvos baltųjų ir jorkšyrų ir didžiųjų baltųjų veislėms gavome atvirkščius rezultatus.

LB atvestų negyvų paršelių skaičiui genetinės koreliacijos koeficientas tarp

1 vados ir vėlesniųjų buvo nepatikimas ir mažas, kai tuo tarpu JDB ir L šios koreliacijos buvo statistiškai reikšmingos ir stiprios (0,834 ir 0,741).

Gautieji rezultatai rodo, kad pirmosios vados ir vėlesniųjų vadų reprodukcinės savybės turėtų būti vertinamos kaip atskiri požymiai. Jų paveldėjimas išreiškiamas skirtingo dydžio koeficientais ir dėl to galima būtų tiksliau nustatyti gyvulių veislinę vertę. Tačiau, tiriant pirmosios vados reprodukcijos rodiklius kaip atskirus požymius, atsiranda didelių sunkumų sudarant klases pagal tiriamus faktorius.

Visų tiriamųjų veislių kiaulių reprodukcinėms savybėms nustatyti paveldimumo koeficientai bivariaciniu modeliu (tik reprodukcinėms savybėms) ir multivariaciniu modeliu (reprodukcinėms ir produkcijos savybėms) skyrėsi labai nežymiai. Taigi, ir vertinant multivariaciniu modeliu kartu su produktyvumo požymiais, reprodukcinių savybių paveldimumo koeficientai buvo maži, nors ir artimi minimiems literatūroje (Leukkunen, 1984; Estany ir Sorensen, 1995; Roehe and Kennedy, 1995; Adamec ir Johnson, 1997; Rothschild ir Bidanel, 1998; Hanenberg ir kt., 2001; Zhang ir kt., 2000; Rydhmer, 2000).

Literatūroje pateikiami skaičiavimų iš skirtingų duomenų rezultatai rodo, kad genetinės koreliacijos koeficientų reikšmės tarp reprodukcijos ir produktyvumo požymių yra žemos ir dažnai prieštaringos. Crump ir kt. (1997b) teigė, kad genetinės koreliacijos buvo patikimai artimos nuliui. Kerr ir Cameron (1996) nustatė teigiamas patikimas genetines koreliacijas tarp augimo tempo ir lizdo dydžio. Hermes ir kt. (2000) nustatė nepatikimas koreliacijas tarp tų pačių požymių. Rydhmer (2000) nustatė, kad genetinės koreliacijos tarp požymių priklauso nuo aplinkos veiksnių. Ji rekomendavo bendrai vertinti ir produktyvumo ir reprodukcijos požymius.

Visų veislių genetinės koreliacijos koeficientai tarp produktyvumo požymių ir tarp vados dydžio požymių buvo maži ir neviršijo 0,25 (1, 2, 3 lentelės).

Lietuvos baltosioms atvestų gyvų paršelių skaičius statistiškai patikimai ir palankiai koreliavo su priesvorium per parą (stotyje), pašarų sąnaudomis 1 kg priesvorio ir priesvorium per parą (veislyne), o landrasams atvestų gyvų paršelių skaičius tik su pašarų sąnaudomis 1 kg. Jorkšyrų ir didžiųjų baltųjų veislėms tarp atvestų gyvų paršelių skaičiaus ir produktyvumo požymių statistiškai reikšmingų koreliacijos koeficientų nustatyta nebuvo. Šiai veislei gautieji rezultatai labiausiai sutapo su skelbiamais literatūroje, kad koreliacijos tarp vislumo ir produktyvumo požymių yra artimos nuliui ir nepalankios (Rydhmer ir kt., 1995; Estany ir kt., 2002a; Noguera ir kt., 2002; Chen ir kt., 2003).

Nepalanki vidutinio dydžio statistiškai reikšminga genetinė koreliacija nustatyta visoms veislėms tarp lašinių storio ir 21 d. vados svorio.

Landrasams ir jorkšyrams ir didžiosioms baltosioms tarp laikotarpio tarp vadų ir priesvorio per parą (stotyje) koreliacijos buvo patikimos ir palankios.

Tarp atvestų negyvų paršelių skaičiaus ir raumeningumo visoms veislėms buvo nustatyti nepalankūs genetinės koreliacijos koeficientai (LB $r_g=0,218$; JDB $r_g=0,159$; L $r_g=0,0364$). Tarp kritusių iki 21 d. vadoje paršelių skaičiaus ir

produkcijos požymių visos gautos statistiškai patikimos koreliacijos buvo nepalankios. Taigi, galima teigti, kad tarp paršelių kritimo požymių ir produktyvumo požymių išryškėjo nepalankios genetinės koreliacijos. Reikėtų atkreipti didesnę dėmesį į paršelių kritimo požymius selekcionuojant gyvulius. Įtraukti paršelių kritimo požymius į genetinį vertinimą būtų gana sudėtinga ir neefektyvu dėl mažų paveldimumo koeficientų (atvestų negyvų paršelių skaičiui – LB ir JDB apie 0,01 ir L 0,04; kritusių iki 21 d. vadoje paršelių skaičiui – LB 0,007; JDB 0,03; L 0,04).

Padidinti kiaulių vislumą labai sunku, nes šio požymio paveldimumo koeficientai labai maži. Selekcijos efektyvumo įvertinimui pagal gautus populiacijų paveldimumo parametrus, panaudojome tiesinės regresijos prognozavimo metodą. Paskutiniaisiais metais visų veislių gyvuliams vidutinė veislinė vertė kyla (1 pav.). Galima prognozuoti, kad nuo 2004 m. iki 2009 m. Lietuvos baltųjų ir paršavedžių ir kuilių vislumo veislinė vertė turėtų išaugti 0,08 paršelio, jorkšyrų ir didžiųjų baltųjų 0,03 paršelio ir landrasų apie 0,09 paršelio.

Išvados

1. Lietuvos kiaulių veislininkystės apskaitos informacinėje sistemoje sukauptų duomenų variacinė analizė parodė, kad paršavedžių reprodukcinėms savybėms daugiausia statistiškai patikimos įtakos turėjo ūkinės sąlygos, kurias geriausiai išreiškė jungtiniai faktoriai ūkis_metai sezonas ir ūkis_metai mėnuo (nuo 10% iki 60%). Kitų negenetinių ir genetinių veiksnių įtaka buvo žymiai mažesnė (metai 0,1% – 8,8%; sezonas 0,1% – 1,3%; mėnuo 0,2% – 1,3%; vada 0,1%– 4,9%; poravimo tipas 0,2%– 13,4%; vados mišinimas 0,3% – 8%, kuilio veislė 0,4% – 10,3%, kuilio linija 1,3% – 7,6%, paršavedės šeima 0,5% – 2%)

2. Nustatyti reprodukcinių savybių paveldimumo koeficientai buvo maži ir artimi skelbiamiems literatūroje. Vados dydžio požymiams nustatyti paveldimumo koeficientai svyravo nuo 0,09 iki 0,2. Labiausiai skyrėsi skirtingoms veislėms nustatyti paršelių kritimo požymių paveldimumo koeficientai – LB nuo 0,005 iki 0,011; JDB nuo 0,013 iki 0,022; L nuo 0,018 iki 0,035. Didžiausi paveldimumo koeficientai buvo nustatyti amžiui pirmojo apsiparšavimo metu (nuo 0,073 iki 0,219) ir paršavedžių ilgaamžiškumo požymiams (nuo 0,2 iki 0,3).

3. Visos nustatytos statistiškai patikimos genetinės koreliacijos tiek pirmosios vados požymiams, tiek visų vadų požymiams buvo palankios tiriamųjų požymių grupių viduje ir nepalankios tarp požymių grupių. Tarp vados dydžio ir paršelių kritimo požymių nustatytos visos statistiškai reikšmingos genetinės koreliacijos buvo nepalankios. Tarp atvestų paršelių skaičiaus vadoje ir atvestų negyvų paršelių skaičiaus nustatyti vidutiniai ir dideli genetinės koreliacijos koeficientai (nuo 0,34 iki 0,85).

4. Visų veislių genetinės koreliacijos koeficientai tarp vados dydžio požymių ir tarp produktyvumo požymių buvo maži ir neviršijo 0,25. Tarp paršelių kritimo požymių ir produktyvumo požymių buvo nustatytos nepalankios genetinės koreliacijos.

5. Nustatyta, kad kiaulių reprodukcinių savybių vertinimui tinkamiausias multivariacinis kartotinis modelis, kartu įvertinantis selekcionuojamus reprodukcijos ir produktyvumo požymius bei jų tarpusavio genetinius ryšius. Reprodukcinės savybės tikslinga vertinti pagal atvestų gyvų paršelių skaičių (vislumą), naudojant tokius paveldimumo koeficientus: Lietuvos baltosioms – 0,075; Jorkšyrų ir didžiųjų baltųjų veislių grupei – 0,090; Landrasams – 0,073.

6. Tyrimai parodė, kad reprodukcijos požymiams vertinti statistiniame modelyje optimalu naudoti šiuos efektus: fiksuotą apvaisinimo tipo efektą (AT, kergimas arba sėklinimas); fiksuotą vados mišinimo efektą (H, vada grynaveislė ar mišrinta); fiksuotą kuilio veislės efektą (KV); atsitiktinį jungtinį ūkio_ metų-sezono efektą (ŪMS); fiksuotą vados efektą (VNR); permanentinį (pastovų) paršavedės aplinkos efektą (PE); atsitiktinį gyvulio efektą (ANIMAL).

$$Y_{ijklmnor} = \mu + AT_i + H_j + KV_k + \bar{UMS}_l + VNR_m + PE_n + ANIMAL_o + e_{ijklmnor}$$

Pasiūlymai

1. Lietuvos kiaulių genetinio įvertinimo sistemoje tikslinga įdiegti multivariacinį vertinimo modelį reprodukcinės savybės pagal atvestų gyvų paršelių skaičių (vislumą) vertinant kartu su produktyvumo požymiais. Reprodukcijos požymius vertinti pagal 1 – 7 vados duomenis kartotiniu modeliu (su permanentiniu paršavedės aplinkos efektu).

2. Landrasų veislei skaičiuoti veislines vertes ir pagal atvestų negyvų paršelių skaičių. Šiai veislei buvo nustatyta nepalanki statistiškai patikima koreliacija tarp atvestų gyvų ir negyvų paršelių skaičiaus. Taip pat atvestų negyvų paršelių skaičiui nustatytas paveldimumo koeficientas $h^2 = 0,042$ leis efektyviai vertinti kiaules pagal šį požymį.

3. Papildyti naudojamą kiaulių bio-ekonominio indekso skaičiavimo formulės metodiką vislumo genetinio įvertinimo duomenimis:

$$BEI = \text{Priesvoris}_v * 0,2 + \text{Pašarų sąnaudos} * 56,5 + \text{Raumeningumas} * 5 + \text{Vislumas} * 35$$

4. Genetinį vertinimą vykdyti kas savaitę. Publikuojamus gyvulių įvertinimo rezultatus papildyti vislumo rodikliais.

Curriculum vitae

SIGITA KERZIENĖ (g. 1966 07 26, Prienų r.), 1973 – 1984 m. mokėsi Jiezno vid. mokykloje (Prienų r.), 1984 m. įstojo į KTU automatikos fakultetą ir 1989 m. baigė automatizuotų valdymo sistemų kursą bei įgijo inžinieriaus-sistemotechniko kvalifikaciją.

Nuo 1997 m. dirba LVA Socialinių mokslų ir informatikos bei Gyvulių veisimo ir genetikos katedrose.

Nuo 2001 m. Gyvulių veisimo ir genetikos katedros doktorantė. Studijų metu dalyvavo kursuose “Quantative Genetics in Animal Breeding”, vykusiuose 2003 m. rugpjūčio 4 – 15 d. Helsinkio universitete, skaitė pranešimą tarptautinėje mokslinėje konferencijoje “Ekologinė gyvulininkystė: dabartis ir perspektyvos”.

Spausdino LVA spaudos ir leidybos skyrius
Tilžės g. 18, LT – 47181 Kaunas.
Tiražas 50.sp. L. Užs. NR.d. 2005