

## Poglavlje 6

# Proučitev komponent variance za velikost gnezda pri prašičih

*Janja Urankar<sup>1</sup>, Špela Malovrh<sup>1</sup>, Irena Ule<sup>1</sup>, Milena Kovač<sup>1,2</sup>*

### Izvleček

Komponente variance za velikost gnezda smo proučili na štirih farmah. Vključili smo med 45952 in 136958 gnezd po farmi po letu 1989. Za napoved plemenske vrednosti smo uporabili enolastnostni ponovljivostni model. Pri tem smo uvedli različna statistična modela za mladice in stare svinje. V naključni del modela smo vključili vpliv živali, skupnega okolja v gnezdu in permanentnega okolja svinje. Fenotipski standardni odklon je variiral med 2.60 in 2.84 živorjenimi pujski v gnezdu. Heritabiliteta za velikost gnezda je znašala od 9.1 do 10.6 %, odvisno od farme. K preostali variabilnosti sta majhen odstotek prispevala vpliv skupnega okolja v gnezdu (0.1 do 1.6 %) in permanentno okolje svinje (5.7 do 7.9 %).

Ključne besede: prašiči, velikost gnezda, genetski parametri, ponovljivostni model

### Abstract

Title of the paper: **Variance components for litter size in pigs**

Variance components for litter size were estimated for four selection farms. There were between 45952 and 136958 litters recorded per farm since 1989. A single trait repeatability model was applied to predict breeding values. The fixed effects differed for gilts and sows. Direct additive genetic, common litter, and permanent environment were included as random effects. Phenotypic standard deviation for liveborn piglets per litter varied between 2.60 and 2.84. Heritability for litter size ranged from 9.1 to 10.6 %, depended on farm. Estimate of common litter effect was very low (0.1 to 1.6 %), while permanent environmental effect explained 5.7 to 7.9 % of phenotypic variation.

Keywords: pigs, litter size, genetic parameters, repeatability model

---

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

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

## 6.1 Uvod

Velikost gnezda je lastnost, merjena pri rednem rejskem delu ob prasitvi in odstavljivosti. Število odstavljenih pujskov v rejah, kjer pujske prestavljamo, je slabše povezano z genetskim potencialom svinje za velikost gnezda, odraža pa maternalne sposobnosti svinje. Ker pa prestavljanja pujskov nimamo beleženega, so podatki za seleksijsko delo manj primerni, kar so nakazale tudi manjše heritabilitete kot pri živorojenih pujskih. Zanimiva lastnost je tudi masa pujskov ob rojstvu (Roehe, 1999). Selekcija na skupno maso gnezda ne obeta pravih učinkov, saj bi se lahko povečala variabilnost znotraj gnezda. To pa bi slabo vplivalo na preživitveno sposobnost.

Za lastnosti plodnosti je značilno, da nanje vpliva veliko število dejavnikov, ki pa v povprečju pojasnjujejo majhen delež variabilnosti. Pri nekoliko nerednem ali nedoslednem delu ali spremembu v okolju (npr. vhladivti, prehrani) se hitro spremeni okolje v taki meri, da so rezultati neugodni. Prav zaradi velikega števila vplivov, različnega obdobja, ko le-ti učinkujejo na žival, in vseh mogočih interakcij med njimi je pravi vzrok težko potrditi. Tudi aditivni genetski vpliv, ki se prenaša na potomce in ga ponazorimo s plemensko vrednostjo, je majhen, saj pričakujemo heritabiliteto ali dednostni delež okrog 0.10. To pomeni, da s tem pojasnimo 10 % variabilnosti. V literaturi poročajo tudi o nižjih ocenah. Heritabiliteto za velikost gnezda uvrščamo med nizke, toda glede na to, koliko pojasnijo drugi vplivi, je sorazmeroma visoka. Zelo redko nam uspe že s sistematskimi vplivi v modelu pojasniti skupaj toliko variabilnosti. Še večji vpliv pa pričakujemo pri heterozisu, ki predstavlja ne-aditivno genetsko komponento. Heterozis se ne prenaša v naslednjo generacijo, da pa ga lahko izkoristimo v kar največji meri, je pomembna načrtna izbira pasem in določitev sheme križanja.

Selekcija na velikost gnezda je možna in je, kot ena od mer velikosti gnezda, vključena v več seleksijskih programov. Nekateri vključujejo tudi druge lastnosti plodnosti. Ima pomembno ekonomsko težo pri maternalnih pasmah oz. linijah. Velikosti gnezda pripisujejo relativno težo med 30 do 50 %. Pri genetskem vrednotenju pa moramo vključiti negativno korelacijo med maternalnimi in direktnimi genetskimi vplivi, bodisi s prisotnostjo maternalnega vpliva ali skupnega okolja v gnezdu in permanentnega okolja svinje. Vključeni so lahko tudi drugi vplivi, povezani z okoljem, v katerem je bila svinja vzrejena. Pri selekciji na plodnost je pomembno, da dosežemo tudi veliko intenzivnost selekcije. Najprej so to uspeli s shemo "hiperfoličnih svinj", kjer je bil izredno podaljšan generacijski interval. Z vključevanjem razmnoževalnega nivoja pri napovedovanju plemenske vrednosti lahko odbiramo živali za nukleus iz širše populacije, kar nam zagotavlja tudi večjo intenzivnost selekcije.

Haley in sod. (1988) so za velikost gnezda predlagali uporabo ponovljivostnega modela. Ponovljivostni model uporabimo, ko so v analizo vključene večkratne meritve na isti živali. To pomeni, da na velikost gnezda v različnih zaporednih prasitvah vplivajo isti genetski dejavniki. Roehe in Kennedy (1995) sta pri svojem delu uporabila večlastnostni model, ki smo ga preizkusili tudi v Sloveniji (Sadek, 1994). Velikost gnezda od prve do šeste zaporedne prasitve smo obravnavali kot različne lastnosti. V naključni del modela smo vključili direktni in maternalni aditivni genetski vpliv. Heritabiliteta je naraščala od prvega proti šestemu

gnezdu. Zaradi visokih korelacij med zaporednimi gnezdi je pogosto prišlo do numerične nestabilnosti. Najnižje korelacije so bile v parih s prvim gnezdom. Tako smo zaključili, da bi imelo smisel preizkusiti dvolastnostni model, kjer bi velikost gnezda pri starih svinjah opisali s ponovljivostnim modelom živali.

Glavna ovira pri uporabi ponovljivostnega modela za vse prasitve, vključno s prvo, v praksi sta bila dva modela z različnimi vplivi za mladice in stare svinje. Logar in Kovač (2001) sta opravili dvolastnostno analizo. Velikost gnezda pri mladicah je predstavljala eno lastnost, pri starih svinjah pa drugo lastnost. Na osnovi visokih korelacij je Logar (2000) preizkusila enolastnostni ponovljivostni model, kot je ga nakazal Andersen (1998). Logar (2000) je dodatno sistematski vpliv genotipa razdelila na parametre križanja (aditivni maternalni heterozis, maternalni heterozis in aditivni vpliv stare matere), ki so bili vključeni kot linearna regresija, kot je predlagal Dickerson (1969). Za praktično vrednotenje plemenske vrednosti je Logar (2000) predlagala zamenjavo parametrov križanja z enostavno vključitvijo sistematskega vpliva genotipa v model. Poodstavitev premora je Logar (2000) prikazovala kot linearno regresijo, vendar pa regresija ni zadovoljivo opisala njegove povezanosti z velikostjo gnezda. Tako so ga Luković in sod. (2003) preuredili v vpliv z nivoji.

Namen raziskave je bil preveriti in dopolniti statistični model za vrednotenje plemenske vrednosti za velikost gnezda. Na osnovi predhodnih raziskav smo velikost gnezda obravnavali kot eno lastnost in tako uporabili model s ponovitvami (ponovljivostni model). V prispevku smo se osredotočili na naključni del modela.

## 6.2 Material in metode

Podatke smo črpali iz podatkovne zbirke nacionalnega selekcijskega programa za prašiče PiggyBank za štiri selekcijske farme. V obdelavo smo zajeli podatke, ki so urejeni v podatkovni zbirki od leta 1989 oziroma 1991 naprej. Pripravili smo dve datoteki: datoteko z meritvami in datoteko s poreklom. Pri pripravi podatkov smo sestavili zapis za vsako posamezno prasitev. V datoteki z meritvami je bilo od 45952 zapisov na farmi D do 136958 zapisov na farmi B.

Tabela 6.1: Število meritev po farmah

| Farma | Začetna sezona | Št. prasitev | Št. svinj | Št. prasitev<br>na svinjo | Št. svinj<br>na gnezdo |
|-------|----------------|--------------|-----------|---------------------------|------------------------|
| A     | sept. 1991     | 77588        | 21370     | 3.63                      | 1.41                   |
| B     | sept. 1989     | 136958       | 31765     | 4.31                      | 1.45                   |
| C     | sept. 1989     | 109071       | 29965     | 3.97                      | 1.49                   |
| D     | avg. 1990      | 45952        | 11570     | 3.64                      | 1.69                   |

Poleg identifikacije ter genotipa svinje in merjasca smo v zapis vključili še število živorojenih pujskov, zaporedno prasitev, starost ob prasitvi, dolžino predhodne laktacije in poodstavitevenega premora v razredih (Urankar in sod., 2004). Analizirali smo podatke svinj, ki so pripadale štirim genotipom: švedski landrace, large white ter linijama 12 in 21. Poreklo smo

sestavili nazaj od izhodiščne populacije, ki predstavlja prvo leto preizkusa. Zapis v poreklu sestavlja ušesne številke živali, matere in očeta.

Z vseh štirih farm smo analizirali podatke od začetka zbiranja podatkov do junija 2003 (tabela 6.1). V obdelavi smo imeli vse prasitve na svinjo. Povprečno število prasitev je nekoliko pod pričakovanjem, kar je lahko posledica manjšega števila prasitev po svinji v začetnem in zadnjem obdobju, ko so bile zajete le zadnje oziroma prve prasitve. Vsekakor pa je tudi povezano z nekoliko večjo obnovo plemenskih svinj v nekaterih obdobjih. Število prasitev na svinjo v celotnem življenskem obdobju tako variira med 3.6 (farmi A in D) in 4.3 na farmi B. Po gnezdu (vpliv skupnega okolja gnezda) pa je bilo v povprečju odbranih okrog 1.5 plemenskih svinj, razlike so sorazmerno majhne.

Sistematski del modela smo podrobno opisali v posebnem prispevku (Urankar in sod., 2004). V drugi fazi smo s programskim paketom PEST (Groeneveld in sod., 1990) pripravili podatke za izračun parametrov disperzije s paketom VCE-5 (Kovač in Groeneveld, 2002). Programska paket VCE-5 namreč zahteva na poseben način pripravljene oz. prekodirane podatke. Ocijene komponente variance smo ponovno vključili v analizo po metodi mšanega modela s paketom PEST. Z njim smo izračunali napovedi plemenskih vrednosti za velikost gnezda.

Naključni vplivi v modelu sestavljajo skupno okolje v gnezdu, permanentno okolje svinje in direktni aditivni genetski vpliv. Statistični model lahko splošno zapišemo v matrični obliki:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_c\mathbf{c} + \mathbf{Z}_p\mathbf{p} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad [6.1]$$

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

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{c} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; V \begin{bmatrix} \mathbf{c} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{I}_c\sigma_c^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I}_p\sigma_p^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{A}\sigma_a^2 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}_e\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad [6.2]$$

kjer  $\mathbf{I}_c$  predstavlja identično matriko za skupno okolje v gnezdu,  $\mathbf{I}_p$  za permanentno okolje svinje in  $\mathbf{I}_e$  za ostanek. Predpostavljamo, da med genetskimi in drugimi naključnimi vplivi ni kovarianc:

$$cov(\mathbf{a}, \mathbf{p}') = \mathbf{0}; cov(\mathbf{a}, \mathbf{c}') = \mathbf{0}; cov(\mathbf{c}, \mathbf{p}') = \mathbf{0} \quad [6.3]$$

### 6.3 Rezultati

Komponente varianc smo izvrednotili ločeno po farmah. Posamezne komponente varianc se med farmami ne razlikujejo bistveno (tabela 6.2), kar je zaradi podobnih tehnologij reje tudi pričakovano. Fenotipska varianca je največja na farmi B, najmanjša pa na farmi C, kar je posledica manjše variance za ostanek. Direktna aditivna genetska varianca je na farmah C in D za dobro petino manjša kot na farmah A in B. Tako je fenotipski standardni odklon variiral med 2.60 in 2.84 živorojenimi pujski v gnezdu. Na splošno lahko zaključimo, da sta fenotipska varianca in heritabiliteta dovolj veliki, da omogočata selekcijo na število živorojenih pujskov.

Že hitra primerjava nam pokaže, da je dedne okrog 10 % skupne variabilnosti (tabela 6.3). Heritabiliteta na farmah A in B znaša 10.6 %, na farmah D in C je nekoliko nižja in sicer 9.1 oz. 9.6 %. Razlike so sorazmeroma majhne in nepomembne, čeprav omenjene farme niso genetsko povezane že skoraj 20 let. Obsežen komentar v tem delu ni potreben, saj so ocene zelo podobne pričakovanim.

Varianca za vpliv skupnega okolja v gnezdu je najmanjša na farmi D, kjer je praktično ni bilo. Tudi na ostalih farmah ni pojasnila pomembnejšega deleža variance. Skupno okolje v gnezdu je tako pojasnilo le 0.1 % fenotipske variance in od 0.9 do 1.6 % na ostalih farmah. Skupno okolje v gnezdu predstavlja okolje, ki so si ga delile svinjke pri materi do odstavitve. Če so bila gnezda skupaj tudi v času vzreje, je to skupno okolje celo nekoliko daljše. To okolje je lahko vzrok za dodatno podobnost med sestrami iz istega gnezda in različnost med svinjami iz različnih gnezd. Deloma naj bi ta vpliv odstranil negativne koreacije med velikostjo gnezda pri materi in njenih hčerah. Varianco oz. raznolikost skupnega okolja povzročajo zlasti mikroklima, materinske lastnosti matere (mlečnost), prehrana, zdravstveno stanje, higiena. Zaradi pogostega izenačevanja gnezd po prasitvi je odstotek pojasnjene skupne variabilnosti lahko tudi majhen. V takem primeru bi morali uporabiti skupno okolje v gnezdu mačehe, česar pa ne beležimo.

Tabela 6.2: Ocene komponent variance za število živorojenih pujskov

| Farma | $\sigma_{ph}^2$ | $\sigma_a^2$ | $\sigma_c^2$ | $\sigma_p^2$ | $\sigma_e^2$ |
|-------|-----------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| A     | 7.815           | 0.826±0.013  | 0.124±0.008  | 0.445±0.012  | 6.420±0.009  |
| B     | 8.040           | 0.852±0.012  | 0.072±0.006  | 0.504±0.011  | 6.612±0.007  |
| C     | 6.736           | 0.649±0.011  | 0.102±0.007  | 0.395±0.010  | 5.590±0.007  |
| D     | 7.291           | 0.664±0.017  | 0.006±0.008  | 0.577±0.013  | 6.044±0.011  |

$\sigma_{ph}^2$ -fenotipska varianca;  $\sigma_a^2$ -direktna aditivna genetska varianca;  $\sigma_c^2$ -varianca za vpliv skupnega okolja v gnezdu;  $\sigma_p^2$ -varianca za vpliv permanentnega okolja svinje;  $\sigma_e^2$ -varianca za ostane

Pomen permanentnega okolja je večji in ga ne smemo zanemariti, saj pojasnjuje od 5.7 % variabilnosti na farmi A do 7.9 % na farmi D. Komponente variance se nekoliko bolj razlikujejo med rejami, pri deležih pa odstopa le farma D. Permanentno okolje je skupno vsem gnezdom posamezne svinje, torej traja celotno proizvodno obdobje svinje. Lahko ga pojasnimo kot okoljski vpliv, ki se je po vsej verjetnosti oblikoval v času vzreje plemenske mladice od rojstva pa vse do prvega gnezda in ni povezan z genetsko komponento pri svinji

niti s skupnim okoljem v gnezdu, v katerem je bila rojena. Je karakterističen za posamezno svinjo. Če pujske prestavljamo, bi lahko ta vpliv vključeval tudi vpliv skupnega okolja v gnezdu.

Zanimivo je, da je vsota varianc za skupno okolje v gnezdu in permanentno okolje bolj podobna med farmami kot posamezne komponente. Glede na strukturo podatkov, predvsem število odbranih mladic po gnezdu, se lahko komponenti različno uspešno ločita. V našem primeru je struktura na prvi pogled precej podobna (tabela 6.1) in ne bi mogla pojasniti razlik. Vzroke bi lahko povezali še s prestavljanjem pujskom ali morebitnim izenačevanjem gnezd, česar pa ne moremo iz podatkov presojati. Podrobnejše bi morali raziskati tudi variabilnost v velikosti družin.

Tabela 6.3: Deleži posameznih komponent varianc v fenotipski varianci za število živorjenih pujskov

| Farma | $h^2$ | $c^2$ | $p^2$ | $e^2$ |
|-------|-------|-------|-------|-------|
| A     | 0.106 | 0.016 | 0.057 | 0.821 |
| B     | 0.106 | 0.009 | 0.063 | 0.822 |
| C     | 0.091 | 0.001 | 0.079 | 0.829 |
| D     | 0.096 | 0.015 | 0.059 | 0.830 |

$h^2$ -heritabiliteta;  $c^2$ -delež variance skupnega okolja v gnezdu v fenotipski varianci;  $p^2$ -delež variance permanentnega okolja svinje v fenotipski varianci;  $e^2$ -delež variance ostanka v fenotipski varianci

Tudi deleži variance ostanka v fenotipski vrednosti so si podobni. Na vseh farmah znašajo 82 do 83 %. Razen manjših odstopanj na farmi D, ki se nanašajo samo na komponenti skupnega in permanentnega okolja, ni razlik med farmami. Za redno napovedovanje plemenskih vrednosti tako lahko priporočamo ista razmerja. Ta zaključek ima večjo praktično vrednost pri manjših, genetsko slabo povezanih populacijah.

#### 6.4 Razprava

Vrednosti heritabilitet za velikost gnezda se v literaturi zelo razlikujejo. Na splošno velja, da dednosti delež pojasmni okrog 10 % vse variabilnosti (Haley in sod., 1988). Southwood in Kennedy (1990) sta za large white pasmo izračunala heritabiliteto za velikost gnezda 0.131 in za landrace pasmo 0.086. Perez-Enciso in Gianola (1992) sta pri iberijski pasmi izračunala heritabiliteto 0.04 in delež permanentnega okolja svinje 0.06. Crump in sod. (1997) so pri pasmi landrace z direktnim genetskim vplivom pojasnili 9 %, s skupnim okoljem gnezda 2 % ter 8 % variabilnosti s permanentnim okoljem svinje. V predhodni domači raziskavi je Logar (2000) za število živorjenih pujskov na farmi B izračunala heritabiliteto 0.12. S skupnim okoljem v gnezdu je pojasnila 1.1 % variabilnosti in s permanentnim okoljem svinje 5.3 %. Naši rezultati so podobni, razlike so predvsem povezane s tem, da smo v sedanji analizi zajeli večje število podatkov, nekoliko pa se razlikujeta tudi statistična modela.

Heritabiliteta je v naši raziskavi znašala od 0.091 do 0.106, odvisno od farme. K ostali variabilnosti je 0.1 do 1.6 % prispeval vpliv skupnega okolja v gnezdu. Z vplivom skupnega okolja v gnezdu smo v modelu pojasnili malo variabilnosti, kar je posledica izenačevanja

gnezd. Tudi drugi avtorji (Crump in sod., 1997) ugotavljajo, da vpliv skupnega okolja v gnezdu ne doprinese veliko k skupno pojasnjeni variabilnosti. Vpliv permanentnega okolja svinje je znašal 5.7 do 7.9 % od skupne fenotipske variance, kar je tudi v soglasju z navedenimi v literaturi.

Raziskovalce so zanimale tudi razlike v heritabiliteti med pasmami. Kljub temu, da so Irgang in sod. (1994) zaradi razlik v heritabilitetah med pasmami ugotovili, da pri nekaterih pasmah obstaja večja možnost za selekcijo, v sedanjosti za to ni več močnih dokazov (Chen in sod., 2002). Poleg raziskav pri posameznih pasmah pa bi v prihodnje veljajo bolj podrobno proučiti neaditivne genetske komponente. Te so bile v preteklosti zanemarjene zaradi prevelikih zahtev po zmogljivih računalnikih in pomanjkanja primerne programske opreme.

## 6.5 Zaključki

Statistični model za velikost gnezda pri prašičih smo dopolnili in preverili na štirih selekcijskih farmah. Izmed naključnih vplivov smo preizkusili direktni aditivni genetski vpliv, vpliv skupnega okolja gnezda in permanentnega okolja svinje. Dednostni delež je, odvisno od farme, znašal med 9.1 in 10.6 %. Ostala variabilnost je pripadla okoljskim dejavnikom. K tej variabilnosti je majhen odstotek prispeval vpliv skupnega okolja v gnezdu (0.1 do 1.6 %) in permanentno okolje svinje (5.7 do 7.9 %). Ostala variabilnost ostaja nepojasnjena in znaša od 82 do 83 % na vseh štirih farmah. Rezultati potrjujejo, da je selekcija na velikost možna.

## 6.6 Viri

- Andersen S. 1998. The national Danish pig breeding program. V: International workshop Introduction of BLUP animal model in pigs, 3–5 Sept. 1998, str. 9.
- Chen P., Baas T.J., Mabry J.W., Dekkers J.C.M., Koehler K.J. 2002. Genetic parameters and trends for lean growth rate and its components in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *J. Anim. Sci.*, 80: 2062–2070.
- Crump R.E., Haley C.S., Thompson R., Mercer J. 1997. Individual animal model estimates of genetic parameters for reproduction traits of Landrace pigs performance tested in a commercial nucleus herd. *Anim. Sci.*, 65: 285–290.
- Dickerson G.E. 1969. Experimental approaches in utilizing breed resources. *Anim. Breed. Abstr.*, 37: 191–202.
- Groeneveld E., Kovač M., Wang T. 1990. PEST, a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. V: 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edinburgh, 23–27 Jun. 1990, Vol. 13. Edinburgh, The East of Scotland College of Agriculture: 488–491.
- Haley C.S., Avalos E., Smith C. 1988. Selection for litter size in the pig. *Anim. Breed. Abstr.*, 56: 317–332.

- Irgang R., Favero J.A., Kennedy B.W. 1994. Genetic parameters for litter size of different parities in Duroc, Landrace, and Large White sows. *J. Anim. Sci.*, 72: 2237–2246.
- Kovač M., Groeneveld E. 2002. VCE-5 Users'guide and Reference Manual Version 5.1. Institute of animal science, FAL. Mariensee: 57 pp. (in preparation).
- Logar B. 2000. Plemenska vrednost za velikost gnezda pri prašičih v populaciji z več genetskimi skupinami [Breeding value for litter size in pigs in population with different genetic groups]. Mag. delo. Domžale, Univerza v Ljubljani, Bioteh. fakulteta, Odd. za zoot. 96 str.
- Logar B., Kovač M. 2001. Dvolastnostni model za velikost gnezda po zaporednih prasitvah pri prašičih. *Zb. Bioteh. Fak. Univ. Ljub. Kmet. (Zoot.)*, 78: 219–227.
- Luković Z., Gorjanc G., Malovrh Š., Kovač M. 2003. Estimation of genetic parameters for number of piglets born alive using random regression model. V: Proceedings of Genetika 2003. Ljubljana: Genetics Society of Slovenia, Bled, 2003-05-31/06-04, Javornik B., Luthar Z. (Eds.), str. 243–245, Bled, Slovenia.
- Perez-Enciso M., Gianola D. 1992. Estimates of genetic parameters for litter size in six strains of Iberian pigs. *Livest. Prod. Sci.*, 32: 283–293.
- Roehe R. 1999. Genetic determination of individual birth weight and its association with sow productivity traits using Bayesian analyses. *J. Anim. Sci.*, 77: 330–343.
- Roehe R., Kennedy B.W. 1995. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. *J. Anim. Sci.*, 73: 2959–2970.
- Sadek K. 1994. Napoved plemenske vrednosti za velikost gnezda pri prašičih [Prediction of breeding values for litter size in swine]. Diplomska naloga [Graduation thesis]. Domžale, Univerza v Ljubljani, Bioteh. fakulteta, Odd. za zoot. 51 str.
- Southwood O.I., Kennedy B.W. 1990. Estimation of direct and maternal genetic variance for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine using an animal model. *J. Anim. Sci.*, 68: 1841–1847.
- Urankar J., Malovrh Š., Gorjanc G., Ule I., Kovač M. 2004. Razvoj sistematskega dela modela za velikost gnezda pri prašičih, str. 60–71. Spremljanje proizvodnosti prašičev, II. del. Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Katedra za etologijo, biometrijo in selekcijo ter prašičerejo, Domžale.