

DIE AUSWERTUNG DER ERGEBNISSE IN DER ZÜCHTERISCHEN ARBEIT

H. DUNIEC

Der Zuchtfortschritt in einem bestimmten Tierbestand (einer Rasse oder dem Bestande eines gewissen Raumes) äussert sich in der gewünschten Wandlung der Frequenz von einzelnen, meistens aber von mehreren Genen, die sich auf die Nutzleistung auswirken. Für den Grad des derart definierten Fortschrittes während eines bestimmten Zeitabschnittes, z.B. eines Jahres, sind von entscheidender Bedeutung:

- 1) die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung;
- 2) die Intensität der Selektion;
- 3) die Länge des Generationsintervalls, d.h. durchschnittlichen Zeitraums zwischen der Geburt der Eltern und der deren Nachkommen;
- 4) die genetische Variation des Merkmals oder der Merkmale, die durch die Selektion gefördert werden sollen.

Eine weitere Vorbedingung erfolgreicher Zuchtergebnisse besteht in der Sicherstellung ausgeglichener Umweltbedingungen für die ganze zu veredelnde Tiergruppe, insbesondere zweckdienlicher Fütterung, wobei nach Massgabe der erzielten Zuchtfortschritte diese Bedingungen sukzessive zu verbessern sind.

Je genauer die Zuchtwertschätzung, je grösser die genetische Variation, je strenger die Selektion und je kürzer der Generationsintervall, desto grösserer Zuchtfortschritt ist zu erwarten. Auf den Zuchtwert der einzelnen Tiere wird gewöhnlich nur indirekt geschlossen auf Basis des beobachteten d.h. ihres phänotypischen Wertes. Über den phänotypischen Wert der zur Schlachtnutzung bestimmter Tiere kann, solange sie leben, nur wenig gesagt werden. Die Schlachtkörpermerkmale eines lebenden Tieres können nur gering annähernd bestimmt werden selbst bei Benutzung spezieller Apparate, die Fleischqualität entzieht sich überhaupt jeder Beurteilung. Aus diesem Grunde beruht die Zuchtwertschätzung der Tiere hinsichtlich der Schlachtleistung fast ausschliesslich auf der Beurteilung des Phänotyps ihnen verwandter Tiere.

Die Zuchtwertschätzung des einzelnen Tieres erfolgt nach seiner eigenen Leistung, indem sein phänotypischer Wert mit der Heritabilität

(h^2) des untersuchten Merkmals multipliziert wird. Dagegen ist für die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung des Tieres auf Grund der Bewertung des Phänotyps von mit ihm verwandter Tiere — neben der Heritabilität des Merkmals — entscheidend die Anzahl dieser Tiere und ihr Verwandtschaftsgrad mit dem Tiere, dessen Wert Gegenstand der Schätzung ist.

Die Ergebnisse der Bewertung in den Mastleistungsprüfungsanstalten (MPA) können in dreifacher Hinsicht ausgewertet werden:

- 1) bei der Selektion von Ebern und ausnahmsweise auch von Sauen auf Basis der Beurteilung ihrer Nachkommen;
- 2) bei der Selektion von Jungebern und -Sauen auf Basis der Beurteilung ihrer Vollgeschwister;
- 3) bei der Selektion von Jungebern und -Sauen auf Basis der Beurteilung ihrer Halbgeschwister.

Im Falle der Schweine und anderer vielgebärender Tiere kann die gleiche Anzahl der kontrollierten Nachkommen eines Vatertieres aus einer mehr oder weniger grossen Zahl von Würfen (Paarungen) hervorgegangen sein, ein Umstand, der auf die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung nicht ohne Einfluss bleibt. Es soll hier an einem Beispiel dargestellt werden, mit welcher Genauigkeit der Zuchtwert eines Ebers geschätzt werden kann je nach der Anzahl der Würfe und der aus jedem Wurf kontrollierten Stücke, wobei vorausgesetzt wird, dass die anderen Werte konstant bleiben. Nehmen wir an, dass ein Merkmal mit der Heritabilität $h^2 = 0,4$ untersucht werden soll und dass der Einfluss der gemeinsamen Umweltbedingungen C^2 gleich 0,1 ist; ähnliche Werte wurden für verschiedene Schlachtkörpermerkmale ermittelt (Duniec, 1965; Lush, 1931; King, 1955). Aus den in Tabelle 1 zusammengestellten Ergebnissen der ausgeführten Berechnungen geht klar hervor, dass wenn die gleiche Anzahl der Nachkommen kontrolliert wird, die Zuchtwertschätzung des Vatertieres um so genauer ist, aus je mehr Würfen die kontrollierten Nachkommen stammen. Mit anderen Worten: um eine Zuchtwertschätzung von gleicher Genauigkeit zu erhalten, genügt es, eine geringere Anzahl der Nachkommen zu kontrollieren, sofern diese aus zahlreicheren Paarungen stammen. Aber unabhängig von der Anzahl der aus jedem Wurf kontrollierten Stücke ist das Ansteigen der Genauigkeit in dem Masse geringer wie Anzahl der Würfe grösser wird. Es ist daher zwecklos, die Kontrolle über eine bestimmte Wurfzahl hinaus auszuführen.

Würde die Aufgabe lediglich darin bestehen, den Zuchtwert des Vatertieres möglichst genau zu schätzen, dann wäre es zweckentspre-

chend, möglichst viele Paarungen zu kontrollieren auf Kosten der Stückzahl aus jeder Paarung. Bei der Schlachtleistungsprüfung von Schweinen muss man sich aber vor Augen halten, dass bei einem Verfahren wie oben der kontrollierte Eber viele Sauen decken müsste. Hierbei wäre der Wert der zahlreichen Geschwister der kontrollierten Stücke unbekannt, im Falle der Disqualifizierung des Ebers wären die Geschwister dazu verurteilt, ausgemerzt zu werden. Ein solches Risiko könnte keine Zuchtanstalt eingehen. Nichtsdestoweniger würde die Kontrolle von 2 anstatt von 4 Stück sich in gewissen Fällen als zweckmässig erweisen; wenn auch das Risiko grösser wäre, dass die ganze Paarung aus der Kontrolle fiel nämlich bei Nichtbeendigung der Kontrolle eines der beiden Tiere. Es müsste dann auch entschieden werden, ob je ein Stück von jedem Geschlecht oder nur Mastschweine eines und welchen Geschlechts zu kontrollieren seien, ein Problem, das durchaus nicht leicht zu lösen ist. Wird der Zuchtwert auf Grund der Kontrolle der Vollgeschwister geschätzt, dann ist die Genauigkeit die gleiche, wie bei der Wertschätzung eines Ebers auf Basis der Nachkommen aus nur einem Wurf. Die Zuchtwertschätzung auf Basis von Halbgeschwistern aus mehreren Würfen ist dagegen nur halb so genau wie die Schätzung auf Basis der gleichen Anzahl von Vollgeschwistern. In der Schweinezucht lohnt sich daher die Kontrolle der Halbgeschwister meistens überhaupt nicht. Dagegen ergibt es sich, wenn der Zuchtwert des Ebers auf Basis seiner Nachkommen geschätzt und zusätzlich die Kontrollergebnisse seines Wurfgeschwisters berücksichtigt werden; die gleiche Steigerung der Genauigkeit als ob die Anzahl der kontrollierten Würfe um einen weiteren Wurf vergrössert würde.

Sind die mit demselben Eber gepaarten Sauen mit ihm oder untereinander verwandt, so beeinträchtigt dies die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung auf Basis der Nachkommen. Lassen sich in den kontrollierten Paarungen derartige Verwandtschaften nicht umgehen, dann darf es nicht vergessen werden, dass ein Vergleich der Eber untereinander nur dann zulässig ist, wenn sich die Strukturen der Verwandtschaft im Bereich der Nachkommen eines jeden dieser Eber ähneln. Anderenfalls wären entsprechende Korrekturen vorzunehmen, die die Einwirkung obiger Verwandtschaften auf die Genauigkeit der Schätzung berücksichtigen.

Die Anzahl der Mastschweine, die in den MPA's bewertet werden können, ist stets beschränkt. Erhöht man also die Anzahl der kontrollierten Nachkommen eines jeden der bewerteten Eber, dann muss die Anzahl der Eber zwangsläufig vermindert werden. Wenn also die Anzahl der kontrollierten Nachkommen eines jeden Ebers vergrössert wird, dann steigt zwar die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung der Eber, aber die

Intensität der Selektion muss unabwendbar sinken. Man steht also der Aufgabe gegenüber, die Anzahl der kontrollierten Nachkommen eines jeden Ebers so zu bemessen, dass durch die erzielte Genauigkeit der Schätzung und die Intensität der Selektion ein maximaler Fortschritt in der Zucht gewährleistet wird. Grundlagen zur Lösung dieser Aufgabe sind in den Arbeiten von Nordskog (1959) Rendel (1959), Robertson (1957), Smith (1960) und Wearden (1959), enthalten. Die optimale Anzahl der Nachkommen pro bewerteten Eber wird von der Heritabilität der Merkmale, die Gegenstand der Selektion sind, dem geplanten Zuchtfortschritt, der Struktur des Zuchthinterlandes und von anderen Faktoren bestimmt. Diese Anzahl muss daher von Fall zu Fall besonders festgesetzt werden unter Berücksichtigung der aktuellen Bedürfnisse und Bedingungen, sie kann selbst für dieselbe MPA im Laufe der Zeit eine Änderung erfahren.

Von grundsätzlicher Bedeutung für die Zuchterfolge im allgemeinen ist der Aufbau der Selektion auf richtig gewählten Merkmalen. Vor allem muss die Richtung der Zucht eindeutig bestimmt werden. Es darf auch nicht übersehen werden, dass je mehr unabhängige Merkmale in der Selektion berücksichtigt werden, desto mehr die Intensität der Selektion für jedes dieser Merkmale beeinträchtigt wird.

Besteht zwischen zwei Merkmalen eine positive genetische Korrelation (für die Zucht ist sie nur dann von wesentlicher Bedeutung, wenn ihr die Pleiotropie der Gene zugrundeliegt), dann sichert die Selektion auf das eine Merkmal automatisch den Fortschritt im Bereich des anderen. Im Zusammenhang hiermit kann mitunter die Anzahl der Merkmale, die Gegenstand der Selektion sind, begrenzt werden. Über die Zweckmäßigkeit eines solchen Verfahrens sowie über die Frage, auf welches der beiden Merkmale die direkte Selektion auszurichten ist, entscheidet neben der Grösse der genetischen Korrelation auch die Heritabilität eines jeden dieser Merkmale. Zwischen zahlreichen Merkmalen des Schlachtkörpers besteht eine hohe Korrelation, ein Umstand, der bei der Entwicklung der Methode der Schlachtleistungsprüfung unbedingt zu beachten ist. Zwecks Veranschaulichung dieses Problems ist in Tabelle 2 eine Reihe von phänotypischen und genetischen Korrelationen enthalten, die auf Grund von Angaben aus den polnischen MPA's, bei ad libitum Fütterung errechnet worden sind. Es ist zu erwarten, dass bei Verwendung von begrenzter und nach Masttagen normierter Fütterung einige der genetischen Korrelationen noch eine Steigerung erfahren dürften.

Wenn die genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen niedrig sind oder überhaupt fehlen, die Merkmale aber von wesentlicher Bedeutung für die züchterische Arbeit sind, müsste prinzipiell jedes von ihnen in

der Selektion berücksichtigt werden. Es könnten dann unabhängige Ausmerzungsniveaus zur Anwendung gelangen oder ein Selektionsindex entwickelt werden der alle in Betracht kommenden Merkmale zusammenfasst und ihren ausgewogenen Gesamtwert in einer Zahl ausdrückt. Die Grundlagen für die Entwicklung des Selektionindexes ebenso wie der Schätzung der genetischen Korrelationen sind in den Arbeiten von Hazel (1942 und 1943) enthalten. Die Methode des Selektionindexes ist wirkungsvoller als die der unabhängigen Ausmerzungsniveaus, die Wahl der Methode ist aber von verschiedenen Faktoren bedingt, so dass eine allgemeingültige Anleitung nicht gegeben werden kann. In der neuen Methode, die für die polnischen MPA's entwickelt wird, ist z.B. ein Index vorgesehen, dem die Tendenz zur Erreichung eines maximalen Fortschritts im Fleischgehalt des Schlachtkörpers zugrundeliegt. Es erscheint wenig zweckentsprechend, in diesem Index die Länge des Schlachtkörpers einzusetzen. Dieses Merkmal ist aber beim Baconexport von Bedeutung, weshalb beabsichtigt wird, bei der Bewertung von Ebern, die für Baconregionen bestimmt sind, neben dem erwähnten Index das Längekriterium zu berücksichtigen, indem man das unabhängige Ausmerzungsniveau anwendet.

Bei den Ergebnissen der Schlachtleistungsprüfung treten Einflüsse zu Tage, die durch die Jahreszeit bedingt sind. Selbst die zweckmässigste Klimaanlage in den Mastschweineeställen kann diese dadurch verursachte Variation nur teilweise ausgleichen, es verbleibt nämlich die Auswirkung auf die Ferkel aus der Zeit vor ihrer Einbringung in die MPA, ja sogar Einwirkungen von pränatalen Umweltbedingungen. In Ländern, in denen das Ferkeln saisonmässig normiert werden, erscheint daher die Teilung des Jahres in zwei scharf getrennte Turnusse und das Vergleichen der Eber aus denselben Zuchtanstalten im Bereich eines Turnus als zweckentsprechend.

Unter den Züchtern von Tieren, die für Schlachtnutzung vorgesehen sind, besteht seit langem ein Interesse an Versuchen der Schlachtleistungsbewertung am lebenden Tier. Eine derartige Schätzung würde die Selektion der Tiere nach ihrer eigenen Leistung mit allen sich hieraus ergebenden Vorteilen ermöglichen. In den letzten Jahren wurden diese Versuche energisch vorangetrieben. Hinsichtlich der Schweine ist bereits eine Reihe von Methoden entwickelt worden, um die Schlachtkörperqualität des lebenden Tieres zu bestimmen, von der einfachen Messung der Speckdicke mit einem von Hazel entworfenen Stahlmass bis zu Messungen mit komplizierten Apparaten unter Anwendung von elektrischer Leitfähigkeit, Ultraschall u.s.w. Die Genauigkeit der Ergebnisse variiert zwar, ist aber niemals sehr hoch und die Bewertung umfasst nur bestimmte Teile, nicht den ganzen Tierkörper. Es ist schwer sich vorzu-

stellen, dass die Beurteilung am lebenden Tier jemals die Bewertung auf Basis der Nachkommen oder der Geschwister, die nach der Schlachtung vorgenommen wird, voll ersetzen könnte. Im System der züchterischen Arbeit können jedoch die Methoden der Bewertung am lebenden Tier eine wichtige Aufgabe erfüllen in Verbindung mit der klassischen Schlachtleistungsprüfung. Hierbei könnten neben morphologischen auch physiologische Methoden zur Anwendung gelangen wie z.B. die Bestimmung der Stickstoffbilanz oder der Futterverwertung, die unter streng festgelegten Vorbedingungen erfolgen müssten.

Der Verfasser war bestrebt, in obigen Ausführungen die wichtigsten Probleme der Auswertung der Ergebnisse der MPA darzustellen. Er war sich dessen bewusst, dass es ihm nicht gelingen würde, konkrete Richtlinien aufzustellen, die in allen recht unterschiedlichen Arbeitsbedingungen unserer Länder Anwendung finden könnten. Die Ausarbeitung derartiger Richtlinien gesondert für jedes Land, vielleicht sogar für die einzelnen Schweinerassen oder Typen, verbleibt weiterhin als eine Aufgabe der Fachleute des betreffenden Landes, die für die züchterische Arbeit verantwortlich zeichnen.

Tabelle 1

Die Genauigkeit der Beurteilung des Vaters auf Grund der Leistungen der Nachkommenschaft bei unterschiedlicher Anzahl der kontrollierten Stücke von einem Wurf sowie bei unterschiedlicher Anzahl der Würfe

(Voraussetzung: $h^2 = 0,4$ $C^2 = 0,1$)

Anzahl der Würfe		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Anzahl Gesamtzahl der der Kontrollierten													
Stücke vom Wurf 1	Stücke R_{GI}	0,32	0,43	0,50	0,55	0,60	0,63	0,66	0,69	0,71	0,73	0,74	0,76
	b	0,10	0,18	0,25	0,31	0,36	0,40	0,44	0,47	0,50	0,53	0,55	0,57
Anzahl Gesamtzahl der der Kontrollierten													
Stücke vom Wurf 2	Stücke R_{GI}	0,39	0,52	0,59	0,65	0,69	0,72	0,75	0,77	0,79	0,80	0,82	0,83
	b	0,15	0,27	0,35	0,42	0,48	0,52	0,56	0,59	0,62	0,65	0,67	0,69
Anzahl Gesamtzahl der der Kontrollierten													
Stücke vom Wurf 3	Stücke R_{GI}	0,43	0,56	0,64	0,69	0,73	0,76	0,79	0,81	0,82	0,84	0,85	0,86
	b	0,19	0,32	0,41	0,48	0,51	0,58	0,62	0,65	0,68	0,70	0,72	0,73

Phänotypische und genetische Korrelationen zwischen manchen Schlachtkörpermerkmalen
 (Angaben der polnischen Mastleistungsprüfungsanstalten für die Jahre 1960—1962)

	Tages- zunahme	Schlacht- körper- länge	Speckdicke				Fleisch- anteil im Schinken	Fläche des Ko- teletta- uges	Fleisch- gehalt in den Grund- teil- stücken in kg	Fettge- halt in den Grund- teil- stücken in kg	Fett: Fleisch- Ver- hältnis	Schin- kenan- teil in Schlacht- körper in %	Schin- kenge- wicht in kg	Anteil des Vorder- stücks in %	Anteil des Mittel- stücks in %	Gewicht der fleisch- reichen Teilstücke	Gewicht der fett- reichen Teil- stücke
			über der Schulter	am Rücken	am Kreuz II	Durch- schnitts- wert von 5 Messun- gen											
Tageszunahme		-0,2491	0,2010	0,3474	0,0786	0,1825	-0,1726	-0,0243	-0,1791	0,2124	-0,1961	0,0458	0,0113	-0,2317	0,1593	-0,1573	0,2554
Schlachtkörperlänge	-0,0097		-0,2007	-0,3647	-0,3848	-0,3572	0,2388	0,0935	0,0039	-0,3350	0,1674	-0,3069	-0,4852	-0,1786	0,2034	0,1409	-0,2733
Speckdicke über der Schulter	0,1157	-0,2094		0,6480	0,5186	0,7709	-0,3564	-0,5599	-0,6155	0,7422	-0,7049	-0,4674	-0,2411	-0,0613	0,2334	-0,2026	0,6914
Speckdicke am Rücken	0,1877	-0,3234	0,5019		0,5895	0,8405	-0,2519	-0,0402	-0,5037	0,8458	-0,6411	-0,1041	0,1240	-0,6529	0,4692	-0,2527	0,7936
Speckdicke am Kreuz II	0,1384	-0,4810	0,4873	0,5459		0,9119	-0,6840	-0,7471	-0,6866	0,8484	-0,7241	-0,3386	-0,3883	-0,2826	0,3758	-0,5534	0,8019
Speckdicke Durchschnittswert	0,1800	-0,3431	0,7141	0,7459	0,8775		-0,5163	-0,5511	-0,6484	0,9259	-0,7995	-0,3706	-0,2186	-0,3551	0,4178	-0,3738	0,8587
Fleischanteil im Schinken	-0,1797	0,1749	-0,3577	-0,3609	-0,5695	-0,5552		0,7444	0,6985	-0,6101	0,5821	0,2800	0,3755	0,2602	-0,3763	0,7494	-0,6279
Fläche des Kotelettauges	-0,1213	0,0293	-0,2724	-0,1468	-0,3104	-0,3148	0,4947		1,0799	-0,5529	0,7175	0,3899	0,6244	0,1204	-0,2824	0,9648	0,5287
Fleischgehalt in den GTS in kg	-0,2285	0,0983	-0,3519	-0,3882	-0,5019	-0,5337	0,5771	0,5720		-0,5998	0,8248	0,3035	0,6193	0,1097	-0,2626	1,0081	-0,5737
Fettgehalt in den GTS in kg	0,1348	-0,3005	0,6402	0,6541	0,7742	0,8652	-0,6841	-0,3806	-0,5120		-0,9153	-0,4668	-0,2328	-0,4597	0,5962	-0,4145	0,9875
Fett: Fleisch-Verhältnis	-0,1479	0,1917	-0,5515	-0,5310	-0,6302	-0,7039	0,6343	0,4826	0,5812	-0,8837		0,6247	0,5275	0,3225	-0,6522	0,6228	0,9808
Schinkenanteil in %	-0,0840	-0,0948	-0,3392	-0,2203	-0,2968	-0,3406	0,2834	0,2262	0,3120	-0,3903	0,5202		0,8470	-0,1533	-0,6088	0,1105	-0,5142
Schinkengewicht in kg	-0,0700	-0,1401	-0,1763	-0,0504	-0,1473	-0,1513	0,2693	0,3467	0,4111	-0,1525	0,3872	0,7928		-0,2836	-0,4321	0,3939	-0,2621
Anteil des Vorderstücks in %	-0,0744	0,1414	-0,1108	-0,3296	-0,3058	-0,3422	0,1766	0,0218	0,1453	-0,3856	0,3043	-0,0638	-0,1654		-0,6055	0,1188	-0,5092
Anteil des Mittelstücks in %	-0,0983	-0,0212	0,2696	0,3426	0,3751	0,4233	-0,3025	-0,1753	-0,2935	0,4965	-0,5355	-0,6287	-0,4290	-0,5769		-0,1709	0,6973
Gewicht der fleischreichen Teilstücke	-0,2256	0,1459	-0,2733	-0,2960	-0,4483	-0,4402	0,6785	0,5314	0,7244	-0,4432	0,5665	0,2808	0,4790	0,1064	-0,2508		-0,4252
Gewicht der fettreichen Teilstücke	0,1066	-0,2575	0,5628	0,5648	0,6692	0,7451	-0,6891	-0,3780	-0,4619	0,9687	-0,8902	-0,3807	-0,4102	-0,3775	0,4908	-0,4102	

Genetische Korrelationen

Phänotypische Korrelationen

[Fortsetzung von tab. 1]

Anzahl der Würfo		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Anzahl der Stücke vom Wurf 4	Gesamtzahl der Kontrollierten Stücke	4	8	12	16	20	24	28	32	36	40	44	48
	R_{GI}	0,46	0,59	0,67	0,72	0,76	0,78	0,81	0,83	0,84	0,85	0,86	0,87
	b	0,21	0,35	0,44	0,52	0,57	0,62	0,65	0,68	0,71	0,73	0,75	0,76
Anzahl der Stücke vom Wurf 8	Gesamtzahl der Kontrollierten Stücke	8	16	24	32	40	48	56	64	72	80	88	96
	R_{GI}	0,51	0,64	0,71	0,76	0,80	0,82	0,84	0,86	0,87	0,88	0,89	0,90
	b	0,26	0,41	0,51	0,58	0,63	0,68	0,71	0,74	0,76	0,78	0,79	0,81

R_{GI} — Korrelationskoeffizient zwischen dem tatsächlichen Zuchtwert der Vätertiere und dem durchschnittlichen phänotypischen Wert der ganzen Nachkommenschaft

b — Wiederholbarkeit

B e m e r k u n g

Der Koeffizient b (Wiederholbarkeit) drückt aus, inwieweit der durchschnittliche phänotypische Wert der ganzen Nachkommenschaft des bewerteten Vätertieres sich von dem durchschnittlichen phänotypischen Wert der Population unterscheiden wird, wenn der durchschnittliche phänotypische Wert seiner kontrollierten Nachkommenschaft von dem durchschnittlichen phänotypischen Wert der Population um eine Einheit abweicht. Wenn also z.B. der Durchschnittswert der kontrollierten Nachkommenschaft des Ebers um x höher war als der Durchschnittswert der Population, dann wird der Durchschnittswert der ganzen Nachkommenschaft dieses Ebers den Durchschnittswert der Population um bx übersteigen.

LITERATURVERZEICHNIS

1. Duniec H., 1965: Genetyczne podstawy oceny knurów (Manuskript).
2. Hazel L. N., 1942: The efficiency of three methods of selection. J. Hered. 33.
3. Hazel L. N., 1943: The genetic basis for constructing selection index. Genetics. 28
4. King J. W. B., 1955: The use of testing stations for pig improvement. Animal Breed. Abstracts, 23, 4.
5. Lush J. L., 1931: The number of daughters necessary to prove a sire. J. Dairy Sci., 14.

6. Nordskog W. W., 1959: Note on optimum group size for progeny test. *Biometrics*, 15.
7. Rendel J. M., 1959: Optimum groups' size in half-sib testing and family selection. *Biometrics*, 15.
8. Robertson A., 1957: Optimum groups' size in progeny testing and family selection. *Biometrics*, 13.
9. Smith C., 1960: A comparison of testing schemes for pigs. *Animal Prod.* 1.
10. Young S. S. Y., 1961: A further examination of the relative efficiency of three methods of selection for genetic gains under less restricted conditions. *Genetical Research*, 2.
11. Wearden S., 1959: The use of the power function to determine an adequate number of progeny per sire in a genetic experiment involving half-sibs. *Biometrics*, 15.