

ČESKÁ PLEMENÁŘSKÁ INSPEKCE

Štěpánská 626/63, Praha 1, 110 00

v y d á v á

OSVĚDČENÍ

11678/2015-ČPI

o uznání uplatněné certifikované metodiky
v souladu s podmínkami „Metodiky hodnocení výsledků výzkumných organizací
a hodnocení výsledků ukončených programů (platná pro léta 2013 až 2015)“

Genetická propojenost mezi stády mateřských plemen prasat

Autoři a předkládající organizace:

Ing. Eliška Žáková, Ph.D., Ing. Emil Krupa, Ph.D., Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.,
Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i., Praha Uhřetěves

Vypracované v rámci výzkumného projektu/podpory na rozvoj výzkumné organizace
č. NAZV QJ1310109

Projekt využívá „Pravidla pro odvětví zemědělství a rybolovu“ ANO/NE*
V případě, že projekt využívá „Pravidla pro odvětví zemědělství a rybolovu“, je výsledek typu
Nmet zdarma k dispozici všem zájemcům na webové stránce www.vuzv.cz

V Praze dne 30. 10. 2015

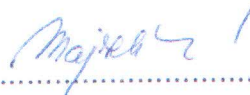
(Razítko odborného orgánu státní správy):

Česká plemenářská inspekce
Štěpánská 626/63
110 00 Praha 1
1

(Jméno a funkce zástupce odborného útvaru státní správy):

Ing. Zdenka Majzlíková
ředitelka

(Podpis zástupce odborného útvaru státní správy):


.....

* Nehodící se škrtněte.



Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i., Praha Uhřetěves

E. Žáková, E. Krupa, Z. Krupová

GENETICKÁ PROPOJENOST MEZI STÁDY MATEŘSKÝCH PLEMEN PRASAT





VÝZKUMNÝ ÚSTAV ŽIVOČIŠNÉ VÝROBY, v. v. i.
Praha Uhřetěves

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

Genetická propojenost mezi stády mateřských plemen prasat

Autoři

Ing. Eliška Žáková, Ph.D.

Ing. Emil Krupa, Ph.D.

Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.

Oponenti

prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.

Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích

Ing. Zdeňka Majzlíková

Česká státní plemenářská inspekce, Praha

Metodika je výsledkem řešení projektu NAZV QJ1310109

ISBN 978-80-7403-142-7

Obsah

I. Cíl metodiky	5
II. Vlastní popis metodiky	5
II.1. Úvod	5
II.2. Popis metody Genetic Drift Variance (GDV).....	6
II.3. Popis algoritmu výpočtu propojenosti programem CONRATE.....	6
II.4. Příprava dat.....	7
II.5. Příklad parametrického souboru pro program CDP a CONRATE.....	10
II.A. Příloha.....	12
III. Srovnání novosti postupů.....	12
IV. Popis uplatnění metodiky	12
V. Ekonomické aspekty.....	12
VI. Seznam citované literatury.....	13
VII. Seznam publikací, které předcházely metodice.....	13
Poděkování.....	14

I. Cíl metodiky

Cílem metodiky bylo vypracovat kompletní algoritmus včetně počítačových programů pro zpracování souborů dat a následnou analýzu genetické propojenosti mezi prostředími reprezentovanými jednotlivými úrovněmi efektu stáda-roku-období pro plemena České bílé ušlechtilé a Česká landrase.

II. Vlastní popis metodiky

II.1. Úvod

Užitkovost zvířat je podmíněna genetickou hodnotou zvířat a její interakcí s podmínkami prostředí. Při selekci obvykle vybíráme zvířata, jejichž užitkovost se realizovala v rozdílných podmínkách prostředí anebo na základě informací o užitkovosti příbuzných z rozdílných podmínek prostředí. Genetické hodnocení populací prasat chovaných v České republice se od roku 1998 provádí na základě metody BLUP - Animal model. BLUP - Animal model umožňuje odhadnout vliv (efekt) rozdílných prostředí na užitkovost, tento efekt prostředí oddělit od užitkovosti a následně předpovědět plemennou hodnotu zvířat. Efekty prostředí jsou však odhadnutelné pouze v případě, když existuje genetická propojenost mezi prostředími (Kennedy a Trus, 1993). Pokud se genetický efekt zvířat překrývá s efekty prostředí (např. určité skupiny zvířat jsou chovány pouze v jednom chovu a nemají žádné příbuzenské vztahy se zvířaty v jiných chovech), dochází ke zkreslení odhadu efektu prostředí na užitkovost i ke zkreslení plemenných hodnot. Plemenné hodnoty zvířat bez příbuzenských vztahů (nebo s velmi nízkou mírou příbuznosti) mezi různými prostředími jsou tedy porovnatelné pouze s plemennými hodnotami zvířat z téhož prostředí a nelze je použít při selekci na úrovni populace. Colleau (2002) navrhuje provádění monitoringu genetických vztahů mezi prostředími s cílem určení vlivu úrovně těchto vztahů na aktuální genetické parametry sledované populace. Bylo vyvinuto několik metod a postupů hodnocení genetických vztahů mezi prostředími (Fernando a kol. 1983; Banos a Cady 1988, Foulley a kol. 1992; Lewis a kol. 1999; Mathur a kol. 2002; Fouilloux a kol. 2008). Kennedy a Trus (1993) navrhli jako nejvhodnější metodu měření propojenosti ukazatel PEVD, vyjadřující průměrný rozdíl variancí chyb předpovědi plemenných hodnot zvířat z rozdílných prostředí. Vzhledem k tomu, že tento ukazatel není možné u velkých rozsahů dat používaných v odhadu plemenné hodnoty vypočítat, navrhli metodu Genetic Drift Variance (GDV), která v simulovaném pokusu vykazovala vysokou korelaci 0.924 s ukazatelem PEVD. Metoda GDV je použitelná v rutinním hodnocení propojenosti faktorů stád-roků-období, tak jak jsou definovány v genetickém hodnocení prasat. Pro výpočet kritéria propojenosti touto metodou jsme vyvinuli programy v programovacím jazyce Fortran90.

Technická poznámka:

Všechny programy, které byly vyvinuty, budou poskytnuty jako spustitelné programy pro operační systém LINUX a také jako zdrojový kód. Programy jsou napsány v jazyku FORTRAN90. Doporučený kompilátor pro LINUX je gfortran, nebo kompilátor INTEL FORTRAN. Celkový přehled technického postupu při výpočtu genetické propojenosti je pro názornost uveden v tabulce 1.

II.2. Popis metody Genetic Drift Variance (GDV)

Kritérium propojenosti GDV (Kennedy a Trus, 1993) je získáno z matice:

$$S = X'ZAZ'X,$$

kde X je incidenční maticí pro zvířata uvnitř faktorů prostředí, Z je jednotkovou incidenční maticí pro zvířata a A je maticí příbuznosti mezi zvířaty. Matice S vyjadřuje sumu příbuznosti mezi zvířaty uvnitř a mezi faktory prostředí.

Z matice S je vypočítána matice průměrné příbuznosti zvířat pro faktory prostředí (P) tak, že

- diagonální prvky matice P vyjadřují průměrnou příbuznost zvířat uvnitř faktoru prostředí i

$$p_{ii} = \frac{s_{ii}}{(n_i)^2}$$

kde s_{ii} jsou diagonální prvky matice S a n_i je počet záznamů uvnitř prostředí i .

- mimodiagonální prvky matice P vyjadřují průměrnou příbuznost zvířat mezi faktory prostředí i a j

$$p_{ij} = \frac{s_{ij}}{(n_i \times n_j)}$$

kde s_{ij} jsou diagonální prvky matice S a n jsou počty pozorování uvnitř prostředí i a j .

Kritérium propojenosti mezi dvěma faktory prostředí i a j je vypočteno jako:

$$GDV_{ij} = p_{ii} + p_{jj} - 2p_{ij}$$

kde p_{ii} a p_{jj} jsou diagonální prvky a p_{ij} příslušné mimodiagonální prvky matice P .

II.3. Popis algoritmu výpočtu propojenosti programem CONRATE

Výpočet matice A

K výpočtu matice koeficientů příbuznosti a inbreedingu A jsme využili metodu podle Malécota (1948). Výchozím souborem je soubor rodokmenů (PEDI), v němž jsou zvířata setříděna od předků k potomkům (předkové mají vždy nižší číslo než jejich potomci) od 1 do nr , kde nr je počet zvířat v rodokmenu. Pro každé zvíře je na řádce uvedeno číslo zvířete, číslo otce a číslo matky. Všechna čísla jsou ve formátu I8 (celé číslo o maximální délce 8 znaků). U neznámého otce a/nebo matky se uvádí -1. Při výpočtu prvků matice příbuznosti A se postupuje od předků k potomkům (tj. od 1 do n):

- 1) Pro každé zvíře m se dosadí $a_{mm} = 1 + 0,5 * a_{sd}$,

kde prvek a_{sd} je koeficient příbuznosti mezi rodiči zvířete m .

- 2) Pro každou kombinaci zvířat m a n ($m=1, \dots, m=n; n=m+1, \dots, m=n$, kde n je počet zvířat v souboru PEDI) se dosadí $a_{mn} = 0,5 * (a_{msn} + a_{mdn})$,

kde a_{msn} je koeficient příbuznosti mezi zvířetem m a otcem zvířete n a

a_{mdn} je koeficient příbuznosti mezi zvířetem m a matkou zvířete n .

Výpočet propojenosti mezi faktory prostředí

Prostředí je v genetickém hodnocení prasat reprezentováno faktorem stádo-rok-období (SRO). Úrovně tohoto faktoru jsou formovány programem HYSFORM u reprodukčních znaků přednostně dle čtvrtletí a dále dle počtu pozorování, u produkčních znaků přednostně měsíčně a dále dle počtu pozorování (např. Wolf a Žáková, 2004). Výchozím datovým souborem pro výpočet propojenosti mezi SRO je soubor záznamů pro příslušný hodnocený znak (DATA). V tomto souboru je pro každé měření znaku na řádku uveden faktor SRO a číslo zvířete, u kterého byla užitkovost v daném SRO měřena. Faktor SRO je vyjádřen číslem chovu, rokem a měsícem nebo číslem chovu, rokem a čtvrtletím. SRO a číslo zvířete jsou odděleny mezerou. Číslo zvířete odpovídá číslu zvířete v souboru PEDI. Soubor DATA musí být seříděn vzestupně podle čísla SRO. Propojenost mezi SRO je vypočítána v následujících krocích:

- 1) Proveďte se přečíslování jednotlivých úrovní SRO od 1 do h , kde h je počet SRO v souboru DATA a vypočítá se počet kombinací SRO jako

$$k = \frac{h \times (h + 1)}{2}$$

- 2) Pro každou kombinaci záznamů i a j ($i=1, \dots, i = nd; j=i+1, \dots, j = nd$, kde nd je počet záznamů v souboru DATA) se podle čísla zvířete záznamu i a čísla zvířete záznamu j vypočítá pozice prvku matice \mathbf{A} , která odpovídá zvířatům i a j a zjištěný koeficient příbuznosti (a_{ij}) se přičte k prvku matice \mathbf{S} , odpovídající příslušné kombinaci SRO záznamů i a j (s_{ij})
- 3) Pro každou kombinaci záznamů i a j ($i=1, \dots, i = nd; j=i+1, \dots, j = nd$, kde nd je počet záznamů v souboru DATA) se provede inkrementace prvku matice \mathbf{N} odpovídající příslušné kombinaci SRO (n_{ij})
- 4) Pro každou kombinaci SRO i a j se vypočítá ukazatel propojenosti jako

$$GDV_{ij} = \frac{s_{ii}}{n_{ii}} + \frac{s_{jj}}{n_{jj}} - 2 \times \frac{s_{ij}}{n_{ij}}$$

- 5) Pro každé SRO se vypočítá průměrná propojenost se všemi ostatními SRO

Uvedené algoritmy výpočtu matice koeficientů příbuznosti a inbreedingu \mathbf{A} a výpočtu matice propojenosti mezi SRO jsou zpracovány v programu CONRATE.

II.4. Příprava dat

Pro přípravu souborů užitkovostí DATA a souboru příbuzností PEDI (viz kapitola II.3) byl vyvinut program CDP. Základem je program CHECKDATPED, který byl doplněn o možnost vybírat z rodokmenu volitelný počet generací předků zvířat ze souboru užitkovostí a o přečíslování zvířat v souboru užitkovostí i v souboru rodokmenu. Výchozími soubory pro CDP jsou soubory užitkovostí používané v genetickém hodnocení (mphm08b, mphm081) a soubor matice příbuznosti mphm05. Vzhledem k tomu, že pro posouzení propojenosti aktuální populace prasat jsou významnější

aktuální vztahy mezi datovými záznamy než vztahy historické, doporučujeme ze souborů mpm08b a mpm08l vybrat aktuální záznamy (např. pro reprodukční užitkovost SRO klouzavě za poslední 2 roky a pro reprodukční data SRO klouzavě za poslední rok). Příprava souborů DATA a PEDI pro program CONRATE z těchto výchozích souborů zahrnuje:

- 1) Výběr minimálního počtu generací předků zvířat s užitkovostí
- 2) Příprava souboru příbuznosti tak, jak je popsáno v kapitole II.3 (soubor PEDI)
- 3) Přečíslování zvířat v souboru užitkovostí a seřídění souboru užitkovostí tak, jak je popsáno v kapitole II.3 (soubor DATA)

Pro zjednodušení manipulace s daty, byl celý proces kontroly dat a rodokmenů, jejich přečíslování a seřídění (program CDP) a samotný výpočet propojenosti (program CONRATE) zautomatizován a je možné ho spustit v jednom kroku. Chování programu může uživatel ovlivnit prostřednictvím parametrického souboru. Ten obsahuje základní vstupní parametry spolu s jejich krátkým popisem a základními informacemi o nutných předpokladech potřebných ke zdárnému průběhu programu. Parametrický soubor obsahuje dvě sekce: sekci pro přípravu a kontrolu dat a sekci pro výpočet propojenosti. V parametrickém souboru je nutné zadat:

- Výběr, zda má proběhnout příprava a kontrola data a rodokmenů
- Jméno výchozího souboru dat
- Jméno výchozího souboru rodokmenů
- Definice označení neznámého zvířete v rodokmenu
- Formát souboru rodokmenů (dle popisu v parametrickém souboru)
- Celkovou délku řádku v datovém souboru
- Formát datového souboru (dle popisu v parametrickém souboru)
- Délku čísla zvířete
- Počet generací předků zvířat z datového souboru, které mají být zahrnuty do výpočtu koeficientů příbuznosti

Všechny popsané hodnoty jsou vstupními parametry pro program CDP. Následují parametry pro program CONRATE. První dva jsou načteny, pouze když není provedena příprava a kontrola dat a rodokmene. Ostatní jsou načítány vždy.

- Jméno předpřipraveného souboru rodokmenů
- Jméno předpřipraveného souboru dat
- Výběr, zda tisknout koeficienty příbuznosti a inbreedingu z matice A
- Jméno souboru s koeficienty inbreedingu
- Jméno souboru koeficientů příbuznosti
- Jméno souboru s originálním a novými čísly zvířat

Výhodou daného postupu je, že uživatel má možnost zadávat názvy souborů libovolně a také, že není nutné zasahovat do zdrojového kódu programu a ten se nemusí pokaždé celý znovu kompilovat.

Tab. 1 **Příklad technického postupu přípravy dat a rodokmenů pro výpočet propojenosti**

Soubor/program	Česká landrase	České bílé ušlechtilé
Výchozí soubor užítkovostí	mphm08l.txt	mphm08b.txt
Výchozí soubor rodokmenu	mphm05	mphm05
Třídění datových souborů podle stáda, roku, měsíce a dne testu nebo vrhu	sort -n -k 1.11, 1.25 -o mphm08ls mphm08l.txt	sort -n -k 1.11, 1.25 -o mphm08bs mphm08b.txt
Jméno tříděného souboru (vstupní soubor pro HYSFORM)	mphm08ls	mphm08bs
Program na tvorbu efektů SRO (HYSFORM)	hys02la.out	hys02bu.out
Výsledné soubory po tvorbě efektů SRO	mphm08l	mphm08b
Pozn. výše uvedená část technického postupu se kryje s přípravou dat a rodokmenu pro odhad plemenné hodnoty a je zde uvedena pouze pro úplnost – není součástí řešení této metodiky.		
Vstupní soubory užítkovostí pro CDP	mphm08l	mphm08b
Vstupní soubor rodokmenu pro CDP	mphm05	
Spuštění programu pro výpočet propojenosti	conrate param.txt	
Výstupní soubory programu:		
Soubor s detailními informacemi o propojenosti mezi zvířaty SRO	./output/detail.txt	
Soubor s kritériem propojenosti mezi SRO	./output/gdv.txt	
Soubor průměrné propojenosti SRO se všemi ostatními SRO	./output/gdv_av.txt	
Pomocné soubory:		
Soubor informací o běhu programu CONRATE	./info/info.lst	
Adresář informací o běhu programu CDP	cdp_info	
Soubor koeficientů inbreedingu	dle parametrického souboru	
Soubor koeficientů příbuzností mezi zvířaty	dle parametrického souboru	
Soubor přečíslování chovů (SRO)	./info/renHrds.txt	
Soubor počátečních indexů zvířat v matici příbuznosti	./info/rowa	
Soubor počátečních indexů pro SRO v maticích chovů	./info/rowh	

II.5. Příklad parametrického souboru pro program CDP a CONRATE

```
#####
#PARAMETER file for program ConRate - calculation of Connectedness rates #
#DO NOT CHANGE STRUCTURE OF THIS FILE #
#DO NOT ADD/REMOVE LINES OR # IN THIS FILE #
#Lines start with # are comments #
#####
###          PARAMS FOR CHECK DATA PEDIGREE - START          ###
#Check data and pedigree files(yes/no)? Join Anim ID in data file with pedigree,
renumber/reorder anim ID, select anim sire dam from pedigree...
yes
#Type name of original data file (loaded only if 'yes' is written, otherwise it
will be ignored)
data
#Type name of original pedigree file (loaded only if 'yes' is written, otherwise
it will be ignored)
pedi
#Write unknown animal identification
000000000
#Write format of pedigree file, see description bellow
3A9T1I3
#Write total line length of data file, see description bellow
A21
#Write format of data file, see description bellow
A9-1X-A11
#Write format of animal identification in data file, see description bellow
A9
#Number of generations of ancestors for animals from datafile which have to been
chosen from original pedigree file
5
###          PARAMS FOR CHECK DATA PEDIGREE - END          ###
#name of checked pedigree file
rnb_pedi
#name of checked file with data
rnb_data
#print relationships coeff for animals from renumf?(yes/no)(no=rapidly increase
computation time)
no
#output file of inbreeding
inbreed
#output file name with A matrix (F>0)
matrix
#file with renumbering of animals and print coef. (0 or 1)
rnb_anim

IMPORTANT NOTES:
#In this version is not possible to compute more than 65536 animals!
#in this version only block format of file is allowed (no separators)
#length of renumbered animal ID was set to 8
#all animal,sire and dam ID had to have same length
#the pedigree file line must consist of: animal ID, sire ID, dam ID, year
```

```

#data file line must consist of: animal ID, management unit ID(herd, HYS)
#all ID should not exceed 14 characters
#the maximum number of lines in pedigree was set to 30milions
#the maximum number of lines in data was set to 20milions
#the maximum number of generations was set to 50000
#####
##### FORMAT DESCRIPTION #####
#####
All formats and line lengths had to be written according to FORTRAN FORMAT STYLE
(visit e.g.: http://www.fortran.com/F77\_std/rjcnf0001-sh-13.html).
The short description follows:
Basic formats:
An-character variable where n specify length of variable
In-integer variable where n specify length of variable
Fn.d-float variable where n specify length of variable and d is number of
decimal digits
Tn-change position from actual to n-th position in the line
nX-move n positions forward from actual position

EXAMPLES:
Animals ID should be specifyied as A (character) and had to have same length,
year as I(integer)

1.
pedigree file consists from animal sire dam with length 9 characters and year
with 4 charakters without spaces between them:
0000000030000000020000000011994
A9A9A9I4
or complex
3A9I4

2.
Same before but year is part of animal ID (first four characters of each animal
ID). The change position paramter 'T' will be used to move position to first
character and then read year
199400003199300002199300001
3A9T1I4

3.
The data file consist of animal ID (9 characters) one space and HYS effect (10
characters). IMPORTANT NOTE: USE DASH (-) TO SEPARATE VARIABLES, WHEN YOU USE
'X' FORMAT, IT IS BECAUSE FORTRAN. IS NOT ABLE TO DETERMINE END OF PREVIOUS
VARIABLE AND START OF ACTUAL VARIABLE
000000003 1010205597
A9-1X-A10

```

II.A. Příloha

Součástí metodiky jsou tyto počítačové soubory:

CDP

CONRATE

Výstupy z programu CONRATE

Parametrický soubor (param.txt)

Soubor s funkcemi pro program CONRATE (fnct.f90)

III. Srovnání novosti postupů

Základním předpokladem moderního šlechtění zvířat je předpověď plemenných hodnot. Snahou je předpovídat plemenné hodnoty tak, aby byly plemenné hodnoty zvířat z různých chovů porovnatelné. To je do značné míry závislé na dostatečné genetické provázanosti hodnocených chovů, resp. úrovni efektu stáda-roku-období. Vlivem nedostatečné genetické provázanosti prostředí dochází ke zkreslení plemenných hodnot a tím ke snížení přesnosti selekce. Zavedení pravidelného monitoringu genetické propojenosti je užitečným a důležitým kontrolním mechanismem zvoleného schématu testace zvířat. Vyhodnocením propojenosti mezi SRO je možné vytipovat chovy s obecně nízkou propojeností SRO a na základě analýzy způsobu připarování (použití kanců z inseminace nebo z přirozené plemenitby, připarování dostatečného počtu kanců), sestavování testačních skupin (více otců testovaných zvířat, zvýšení počtu testovaných zvířat v SRO) apod. stanovit spolu s chovatelem postup, který povede ke zlepšení propojenosti mezi SRO.

IV. Popis uplatnění metodiky

Předkládána metodika tvoří základ pro pravidelnou kontrolu dosahované úrovně genetické propojenosti mezi hodnocenými stády v systému genetického hodnocení prasat v České republice. Výpočet genetické propojenosti bude prováděn dle potřeb Svazu chovatelů prasat, z.s.

V. Ekonomické aspekty

Využitím předkládané metodiky bude možné vytipovat chovy s obecně nízkou propojeností SRO. Na základě analýzy příčin nízké propojenosti bude možné stanovit s chovatelem postup, který povede ke zlepšení propojenosti mezi SRO a tím k vyšší přesnosti selekce zvířat. Náklady na zavedení metodiky jsou minimální, veškeré programy pro výpočet genetické propojenosti byly vyvinuty v rámci řešení projektu NAZV QJ1310109 a jsou distribuovány zdarma.

VI. Seznam citované literatury

- Banos, G., Cady, R. A. (1988): Genetic relationship between the United States and Canadian Holstein bull populations. *J. Dairy Sci.*, 71, 1346-1354
- Colleau J. J. (2002): An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Gen. Sel. Evol.* 34, 409-421
- Fernando R. L., Gianola D., Rossman M. (1983): Identifying all connected subsets in two-way classification without interaction. *J. Dairy Sci.*, 66, 1399-1402
- Fouilloux M. N., Clément V., Laloë D. (2008): Measuring connectedness among herds in mixed linear models: From theory to practice in large-sized genetic evaluations. *Gen. Sel. Evol.*, 40, 145-159
- Foulley J. L., Hanocq E., Boichard D. (1992): A criterion for measuring the degree of connectedness in linear models of genetic evaluation, *Gen. Sel. Evol.* 24, 315–330
- Kennedy B. W., Trus D. (1993): Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J. Anim. Sci.*, 71, 2341-2352
- Lewis R. M., Crump R.E., Simm G., Thompson R. (1999): Assessing connectedness in across-flock genetic evaluations, *Proc. Brit. Soc. Anim. Sci.*, 121
- Malecot, G. (1948) *The Mathematics of Heredity*. Masson, Paris. Xx + 92
- Mathur P. K., Sullivan B. P., Chesnais J. P. (2002): Measuring connectedness: concept and application to a large industry program, in: *Proc. of the 7th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France, 19–23 August 2002, Vol. 32, 545-548
- Wolf, J., Žáková, E. (2004) *Metodika nového animal modelu pro mateřská plemena*. Metodika. Praha Uhřetěves: VÚŽV, v.v.i.

VII. Seznam publikací, které předcházely metodice

- Krupa, E., Žáková, E., Krupová, Z., Vostrý, L., Kasarda, R. (2015): Genetic relationship between and within pig nucleus herds. *Book of Abstracts of the 66-th Annual EAAP Meeting*, Warsaw, Poland, 31. August- 4. September 2015, session 46, poster 24, p. 464. (NAZV QJ1310109)
- Krupa E., Žáková E., Krupová Z., Kasarda R., Svitáková A. (2015): Evaluation of genetic connectedness of Landrace herds in Czech Republic. *Proceeding of New perspectives and challenges of sustainable livestock production*, Belgrade 7.10.-9.10.2015, ISBN: 978-86-82431-71-8, p. 637-643 (NAZV QJ1310109)
- Krupa E., Krupová Z., Žáková E., Kasarda R., Svitáková A. (2015): Population analysis of the local endangered Přeštice Black-Pied pig breed. *Agriculture*, 21,1 (Supplement), 2015. p. 155-158. ISSN: 1330-7142.
- Krupa E., Žáková E., Krupová Z., Kasarda R., Svitáková A. Genetic relationship between management units of Czech Large white and Czech Landrace breed based on various types of data and pedigree information. *Czech J. Anim. Sci.* (přijato k tisku) (NAZV QJ1310109)
- Žáková E., Krupa E. (2015): Degree of connectedness in Czech Large White and Czech Landrace production and reproduction data. *Book of Abstracts of the 66-th Annual EAAP Meeting*, Warsaw, Poland, 31. August- 4. September 2015, session 46, poster 28, p. 466. (NAZV QJ1310109)

Žáková E., Krupa E., Vostrý L. (2014): Genetic connectedness in Czech Large White and Czech Landrace production and reproduction data. In: Book of abstract of the International scientific genetic conference „XXVI. GENETIC DAYS“, p. 74-76. (NAZV QJ1310109)

Žáková E., Krupa E., Vostrý L., Krupová Z. (2014): Estimation of the degree of connectedness between herds or management units of Czech dam pig breeds. In: Research in Pig Breeding, Proceedings of abstracts. p. 40 (NAZV QJ1310109)

Žáková, E., Krupa, E., Krupová Z., Vostrý L. (2015). Propojenost dat pro výpočet plemenných hodnot u mateřských plemen prasat v České republice. Náš chov (v tisku) (NAZV QJ1310109)

Poděkování

Autoři děkují pracovníkům Svazu chovatelů prasat, z.s., jmenovitě paní RNDr. Jelínkové, CSc. a Ing. Stibalovi, za dobrou spolupráci a za poskytnutí potřebných dat. Dík patří také paní Proškové z VÚŽV Praha Uhřetěves za technickou spolupráci.

Vydal: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.
Přátelství 815, 104 00 Praha Uhřetěves

Název: Genetická propojenost mezi stády mateřských plemen prasat

Autoři: Ing. Eliška Žáková, Ph.D. (60%)
Ing. Emil Krupa, Ph.D. (30%)
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (10%)

Oponenti: **prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.**
Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích

Ing. Zdeňka Majzlíková
Česká státní plemenářská inspekce, Praha

ISBN 978-80-7403-142-7

Vydáno bez jazykové úpravy.

Metodika je výsledkem řešení výzkumného projektu NAZV QJ1310109.

**Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.
Přátelství 815
104 00 Praha Uhřetěves
Česká republika**

www.vuzv.cz