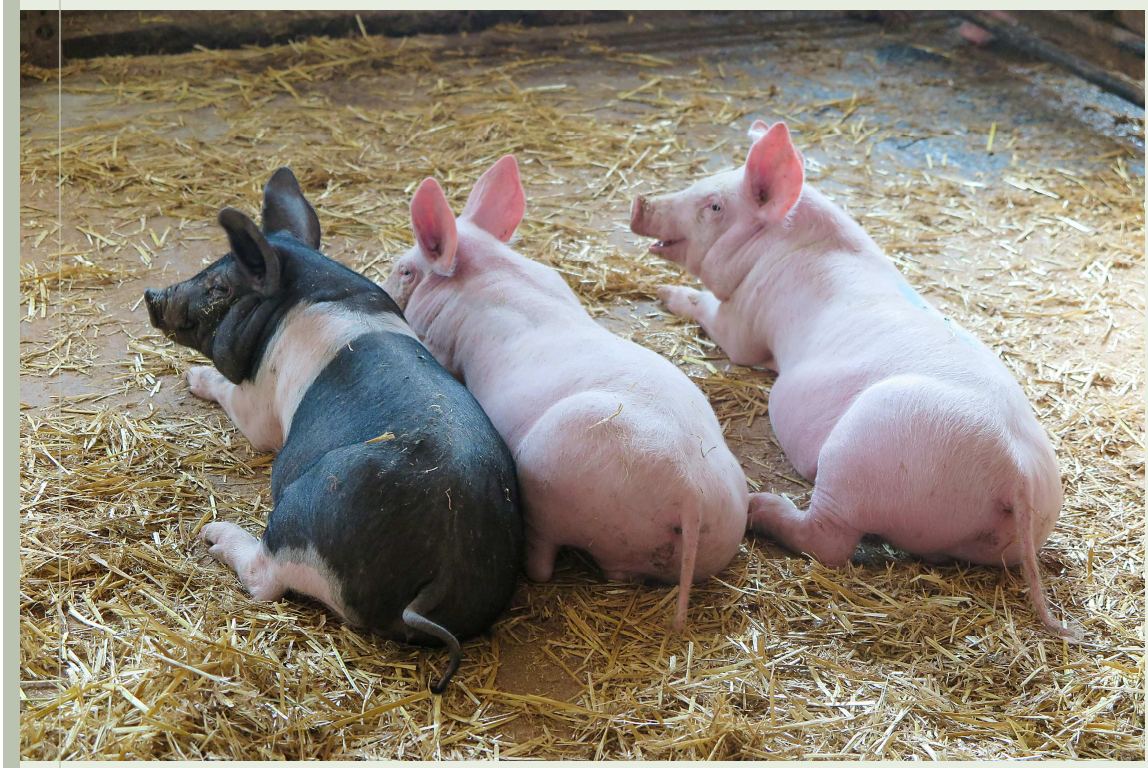
VÚŽV
Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

Žáková Eliška
Krupová Zuzana
Krupa Emil

# SYSTÉM SBĚRU A UCHOVÁNÍ ZDRAVOTNÍCH DAT V KONTROLE UŽITKOVOSTI PRASAT



2020 CERTIFIKOVANÁ METODIKA

ISBN 978-80-7403-230-1

# Česká plemenářská inspekce

Slezská 100/7, Praha 2, 120 00

**v y d á v á**

## O S V Ě D Č E N Í

2338/2020 - ČPI

o uznání metodiky v souladu s podmínkami Metodiky hodnocení výzkumných organizací a programů účelové podpory výzkumu, vývoje a inovací, schválené usnesením vlády dne 8. února 2017, číslo 107 a její samostatné přílohy č. 4 schválené usnesením vlády dne 29. listopadu 2017 č. 837..

**Název metodiky: Systém sběru a uchování zdravotních dat v kontrole užitkovosti prasat**

Autoři: Ing. Eliška Žáková, Ph.D., Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. a Ing. Emil Krupa, Ph.D.

Název organizace: **Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.,** Přátelství 815, 104 00 Praha Uhříněves

Místo vydání: **Praha**
Rok vydání: **2020**

Metodika byla vypracována v rámci výzkumného projektu NAZV QK1910217.

Využívá projekt „*Pravidla pro odvětví zemědělství, lesnictví, rybolov*“? ANO
V případě, že projekt využívá „Pravidla pro odvětví zemědělství, lesnictví a rybolovu“, je výsledek typu $N_{met}$ zdarma k dispozici všem zájemcům na webové stránce: https://vuzv.cz/publikace-edicni

V Praze dne 21. 4.2020

Česká plemenářská inspekce
Slezská 100/7
120 00 Praha 2
Razítko odborného orgánu státní správy

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy: Ing. Zdenka Majzlíková
Funkce zástupce odborného útvaru státní správy: ředitelka

.....
Podpis zástupce odborného útvaru státní správy

Souhlas ředitelky Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V Praze dne 11. 5. 2020

Ing. Pavlína Adam, Ph.D.

VÚŽV
Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

# CERTIFIKOVANÁ METODIKA

## Systém sběru a uchování zdravotních dat v kontrole užitkovosti prasat


**Autoři**

Ing. Eliška Žáková, Ph.D.

Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.

Ing. Emil Krupa, Ph.D.

**Oponenti**

**Doc. Ing. Karel Mach, CSc.**

Emeritní docent, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Česká zemědělská univerzita, Praha

**Ing. Zdeňka Majzlíková**

Česká státní plemenářská inspekce, Praha



Metodika je výsledkem řešení projektu NAZV QK1910217

2020

# Obsah

I. Cíl metodiky....4
II. Vlastní popis metodiky....4
II.1. Úvod....4
II. 2. Charakteristika vybraných vrozených vývojových vad (VVV) selat....4
II.2.1. Syndrom svalové slabosti končetin (roznožky)....4
II.2.2. Kýly....5
II.2.3. Kryptorchismus....5
II.2.4. Ostatní vývojové vady....6
II.3. Sledování výskytu VVV v KU prasat....6
II.3.1. Způsob sledování VVV u selat....6
II.3.2. Přenos a uchování dat o výskytu VVV selat v databázi....7
II.3.2.1. Hlášení webovým formulářem – vrozené vývojové vady....7
Hlášení VVV v jednotlivých vrzích....8
Hromadná hlášení VVV....9
II.3.2.2. Hlášení VVV datovým souborem....11
II.3.2.3. Opravy záznamů o VVV v databázi KU....12
Webový formulář oprav reprodukce....12
Oprava VVV datovým souborem....12
II.3.3. Způsob sledování vrozených vývojových vad v odchovu a testaci....13
II.3.4. Výstupy z databáze Plemenné knihy SCHP....13
II. 4. Příloha....14
III. Srovnání novosti postupů....14
IV. Popis uplatnění metodiky....14
V. Ekonomické aspekty....15
VI. Seznam citované literatury....15
VII. Seznam publikací, které předcházely metodice....17

# I. Cíl metodiky

Cílem metodiky bylo navrhnout a vytvořit systém sběru a uchování dat o výskytu vybraných vrozených vývojových vad jako zdravotních znaků sledovaných kontrole užitkovosti prasat zařazených do šlechtitelského programu CzePig.

# II. Vlastní popis metodiky

## *II.1. Úvod*

Šlechtění na zlepšování produkčních znaků prasat vede k fyziologickým změnám, které mohou mít nepříznivé důsledky ve zhoršování robustnosti zvířat (Prunier a kol., 2010). Knap (2005) definoval robustní prasata jako prasata, která kombinují vysoký produkční potenciál s odolností na vnější stresory. Tato definice robustnosti vede k širokému rozpětí definic zdravotních znaků od znaků přežitelnosti selat a rostoucích prasat, přes dlouhověkost prasnic, znaky exteriérové, ke znakům výskytu onemocnění a znaků odolnosti vůči infekčním agens (viz např. Clapperton a kol., 2009; Hermesch a kol., 2015). Šlechtitelské programy se celosvětově snaží o zvyšování produktivity a zlepšování robustnosti, které spolu se zlepšováním kvality chovatelského prostředí vedou ke zvyšování užitkovosti při dobrém zdravotním stavu a welfare prasat (Hermesch a kol., 2015).

Jedním z pilířů sledování zdravotních znaků u plemenných prasat v ČR byla kontrola dědičnosti zdraví (KDZ). KDZ byla prováděna u kanců působících ve šlechtitelských chovech a u kanců působících v inseminaci. Podle prof. MVDr. Jiřího Rubeše (osobní sdělení, 2017) bylo po každém plemeníkovi veterinářem posouzeno 30 vrhů. Údaje o výskytu vrozených a vývojových poruch byly hlášeny do centrálního systému kontroly užitkovosti prasat a tisknuty v sestavách. Kanci s výrazně vyšší frekvenci dědičně podmíněných vad u potomků byli vyhodnoceni jako nevhodní pro další šlechtění. Mezi nejčastěji se vyskytující vady patřil syndrom svalové slabosti končetin, různé druhy kýl a hermafroditismus.

Sledování výskytu a selekce na vrozené vývojové vady jsou součástí řady šlechtitelských programů (např. Danavl, cit. Mattsson, 2011; Topigs Norsvin – The Insider, 2014; PIC – Hermitage AI Newsletter, 2018). V českém národním programu CzePig se při výskytu vrozených vývojových vad u plemenných prasat uplatňuje negativní selekce zvířete (případně selekce celého vrhu), ale výskyt od ukončení KDZ v roce 2011 není centrálně evidován. Cílem metodiky je proto analyzovat možnosti sledování vývojových vad (jako reprezentantů kategorie zdravotních znaků) a vytvořit systém evidence jejich výskytu u plemenných prasat.

## *II. 2. Charakteristika vybraných vrozených vývojových vad (VVV) selat*

### II.2.1. Syndrom svalové slabosti končetin (roznožky)

Syndrom svalové slabosti končetin je u novorozených selat nejčastější pozorovanou vývojovou vadou (Partlow a kol., 1993). Je charakterizován dočasným narušením funkčnosti svalů pánevních končetin bezprostředně po porodu, jehož výsledkem je neschopnost stát nebo chodit (Papatsiros, 2012). K diagnóze jsou postačující klinické příznaky různých forem svalové nedostatečnosti:

- ataxie – psí posed s možností vstát,
- nekoordinovaný pohyb pánevních končetin – sele není schopno bez pomoci vstát,
- roztažení pánevních končetin do roznožky – pohyb jen pomocí hrudních končetin,
- roztažení pánevních i hrudních končetin – sele není schopno se pohybovat.

Postižená selata bez pomoci hynou na podvýživu, podchlazení nebo zalehnutí. Standardním způsobem léčby je svázání končetin, podání vitamínů a selenu, zajištění tepla, výživy a zamezení zalehnutí. Selata, která přežijí první týden života, se kompletně uzdraví (Dewey a kol., 2006 cit. dle Papatsiros, 2012). Roznožky postihují 0,2 – 4,9 % živě narozených selat (Mattsson, 2011). Pro tuto VVV byla publikována přímá heritabilita na úrovni 0,07 a maternální 0,16 (Holl a Johnson, 2005).

Patogeneze a etiologie roznožek není dosud plně prozkoumána. Předpokládá se vliv genetický (Maak a kol., 2009; Hao a kol., 2017) a vlivy prostředí, z nichž mají vliv především výživa prasnice, management, podání léčivých přípravků a mytotoxiny (Papatsiros a kol. 2006). Byl publikován průkazný vztah mezi výskytem roznožek a kontaminací krmiv fusariovým mykotoxinem zearalenonem (Henning-Pauka a kol., 2018) a vliv infekce virem PRRS (Papatsiros a kol. 2006). Holl a Johnson (2005) zjistili průkazný vztah výskytu roznožek se snížením porodní hmotnosti a zvýšením inbrídingu.

### II.2.2. Kýly

Kýla je prostoupení střeva nebo jiné části vnitřního orgánu přes zeslabenou svalovou stěnu nebo tříselný kanál. U prasat se nejčastěji vyskytují kýly pupečníkové, tříselné a šourkové. Rozlišení mezi tříselnou a šourkovou kýlou není bez klinického ověření snadné, a proto jsou tyto dva druhy kýl dále shrnuty pod označení kýla tříselná.

Tříselné kýly jsou typicky zjištěny v prvním týdnu života v čase kastrace (Atkinson a kol., 2017) a postižená selata jsou většinou utracena. Prasata s pupečníkovými kýlami se objevují až v průběhu předvýkrmu nebo výkrmu (Atkinson a kol., 2017). Searcy-Bernal a kol. (1994) v pokusném chovu zjistili pupeční kýlu především mezi 9. a 14. týdnem věku, Grindflek a kol. (2018) v celopopulačním sběru dat mezi 2. a 24. týdnem věku s průměrem 14 týdnů.

Prevalence pupečníkových kýl je publikována od 0,6 do 1,76 % (Searcy-Bernal a kol., 1994; Petersen a kol. 2008; Larzul a kol., 2008; Grindflek kol., 2018) s odhadnutou heritabilitou 0,065 až 0,09 (Andersen-Ranberg a Tajet, 2007; Grindflek kol., 2018) nebo 0,06 a 0,37 ve dvou pouplacích (Larzul a kol., 2008).

Tříselné kýly se vyskytují v podobné frekvenci od 0,5 do 1,5 % (Grindflek kol., 2018) s odhadnutou heritabilitou kolem 0,3 (Vogt a Ellersieck, 1990; Andersen-Ranberg a Tajet, 2007; Larzul a kol., 2008; Sevillano a kol., 2015) a až 0,6 (Larzul a kol., 2008).

Bylo provedeno několik genomických analýz, které identifikovaly významně asociované regiony DNA s oběma kýlami (Grindflek a kol., 2006; Du a kol., 2009; Ding a kol., 2009; Sevillano a kol., 2015; Grindflek a kol., 2018; Xu a kol., 2019).

### II.2.3. Kryptorchismus

Kryptorchismus je porucha sestupu jedno nebo obou varlat do šourku. Postpubertální abnormality asociované s kryptorchismem (např. nádory varlat, atypické koncentrace pohlavních hormonů, pozměněná spermatogeneze) nejsou podle Amann a Veeramachaneni (2006) způsobeny zvýšenou teplotou, ale jako zpožděný projev dysgeneze varlat.

Kryptorchismus je typicky diagnostikován při narození nebo krátce po narození (Amann a Veeramachaneni, 2006). Výskyt kryptorchismu byl publikován u 1 až 1,4 % kanečků (Knap, 1986; Rothschild a kol., 1988) nebo u 1,4 % vrhů bez udání počtu selat (Sevillano a kol., 2015). Dolf a kol. (2008) zjistil 2,2 % vrhů s jedním kryptorchidem a 0,2 % vrhů se 2 kryptorchidy, Larzul a kol. (2008) publikovali populační frekvence 0,1 až 0,73 % kanečků.

Dříve formulované předpoklady o polygenní recesivní dědičnosti založené na relativně malém počtu studií u prasat a psů a výsledky výzkumu výskytu vady u člověka vedou k závěrům, že příčinami kryptorchismu jsou faktory genetické (epigenetické) spolu s faktory prostředí (Amann

a Veeramachaneni, 2006). Dolf a kol. (2006) zjistil, že přítomnost jednoho nebo 2 kryptorchidních kanečků souvisí s poměrem pohlaví ve vrhu.

Heritabilita kryptorchismu se ve studiích pohybuje od 0,06 do 0,5 (Mikami a Fredeen, 1979; Knap, 1986; Larzul a kol., 2008; Sevillano a kol., 2015). Byly zjištěny mírné genetické korelace k šourkové kýle (Mikami a Fredeen, 1979).

### II.2.4. Ostatní vývojové vady

Mezi další VVV prasat patří např. atresia ani, dermatologické léze (Pityriasis rosea), maligní melanom u Duroca (Vychodilová a kol., 2019), dále hermafroditismus nebo kyfózy (Mattsson, 2011).

Atresia ani je vývojová vada chybějícího řitního otvoru. Prevalence v populaci je mezi 0,1 a 1,0 % (Hori a kol., 2001; Wiedemann a kol., 2005) a její výskyt je spojen s dalšími vážnými anomáliemi (Cassini a kol., 2005). Molekurárně genetické analýzy nalezly průkazně asociované regiony DNA s výskytem atresia ani (Cassini a kol., 2005; Wiedemann a kol., 2005). Byla publikována vysoká hodnota heritabilityhermafroditismu 0,81 s fenotypovým výskytem v populaci 0,08 až 0,75 % (Larzul a kol., 2008).

## *II.3. Sledování výskytu VVV v KU prasat*

Kontrola výskytu VVV se bude provádět u plemenných prasat ve šlechtitelských chovech. Bude se sledovat výskyt pupečních kýl (**PK**), tříselných kýl (**TK**), kryptorchismu (**KR**), syndrom svalové slabosti končetin - roznožek (**RO**) a ostatních vývojových vad (**OS**).

### II.3.1. Způsob sledování VVV u selat

Výskyt tříselných kýl, kryptorchismu, roznožek a ostatních vývojových vad bude sledován chovatelem u selat od narození do data kontroly plemenářským zootechnikem – nejdéle do odstavu. Při výskytu vady zapíše chovatel do deníku reprodukce k záznamu o příslušném vrhu kód vývojové vady (TK, KR, RO, OS) a počet selat, u kterých se tato vada vyskytla. Vývojové vady s označením OS budou dále specifikovány – stručně popsány.

Přenos dat do evidence Plemenné knihy Svazu chovatelů prasat, z. s. (SCHP) bude provádět pracovník příslušné oprávněné organizace. Ten zároveň zajistí odběr vzorku štětin/tělních tkání matky selat, 2-3 selat (v případě TK a KR vzorky od kanečků) z vrhu bez vývojové vady a pokud to bude možné i vzorek štětin/tělních tkání selete, u kterého byla VVV zjištěna. Vzorek matky bude označen AM číslem matky, vzorek selete s vývojovou vadou AM číslem matky a označením VVV, vzorek zdravých selat – sourozenců AM číslem matky, případně vlastním AM číslem a textem ZDRAVÝ. Vzorky budou zaslány na SCHP. SCHP zajistí evidenci vzorků a jejich uložení do banky vzorků.

Pro každou vybranou VVV se do databáze SCHP bude zaznamenávat počet selat z vrhu, u kterých se daná VVV vyskytla (u OS se bude zaznamenávat počet selat jako součet selat s vývojovou vadou). Jednoznačná identifikace vrhu je zajištěna AM číslem matky a datem vrhu, ostatní údaje o vrhu budou převzaty z již existujících záznamů v databázi.

Pro správnou interpretaci dat je nezbytné odlišit případy, kdy:

- ve vrhu bylo sele/selata s vrozenou vývojovou vadou – zapíše se **POČET SELAT**, u kterých byla daná VVV zjištěna,
- ve vrhu je **NULOVÝ** výskyt vrozené vývojové vady = byla zjištěna pouze selata zdravá,
- počet selat s výskytem VVV **NEZJIŠTĚN** = z jakýchkoli důvodů je počet selat s VVV neznámý.

Při zadávání VVV by se tedy hlášení nemělo omezit pouze na zadávání vrhů, kde byla zjištěna VVV, ale také vrhů, kde byl počet selat s VVV nulový. **Implicitní předpoklad**, že vrh s neuvedeným **počtem selat s VVV znamená pouze zdravá selata** nepovede k přesným údajům! Vrhy bez hlášených VVV nemohou být zahrnuty do vyhodnocení.

Navržený systém hlášení počtů selat s VVV je založen na předpokladu, že frekvence výskytu VVV, a tedy potřeba individuálního pořizování jednotlivých vrhů bude relativně nízká. Individuální hlášení vrhů s výskytem VVV by tedy mohlo být doplněno hromadným hlášením nulových počtů selat u zbývajících vrhů. Hromadná hlášení z dříve uvedených důvodů nelze provádět automaticky, ale musí být realizováno s detailní současnou znalostí situace v chovu.

## II.3.2. Přenos a uchování dat o výskytu VVV selat v databázi

Přenos dat do databáze musí být maximálně informativní a přesný a zároveň jednoduchý a co nejméně časově zatěžující, to znamená s nízkými dodatečnými pracovními náklady. Při zavádění systému sběru dat hraje svou roli i možná investiční náročnost spojená se změnou systému KU.

Vrozené vývojové vady je možné hlásit:

1. prostřednictvím webového formuláře v aplikaci Pkonline Plemenné knihy SCHP v části Vrozené vývojové vady (VVV),
2. datovým souborem reprodukce v datové větě dochovu.

Tato hlášení jsou při příjmu dat aplikací Pkonline zpracována programem, který:

- kontroluje zadané údaje z hlediska formálního a věcného (identifikace chovu, kontrola práv uživatele, matrika matky, existence nahlášeného vrhu pro matriku matky, počet selat s VVV nižší než počet živých selat apod.),
- uloží údaje v datové tabulce obsahující interní identifikaci vrhu v databázi a počet selat s jednotlivými VVV.

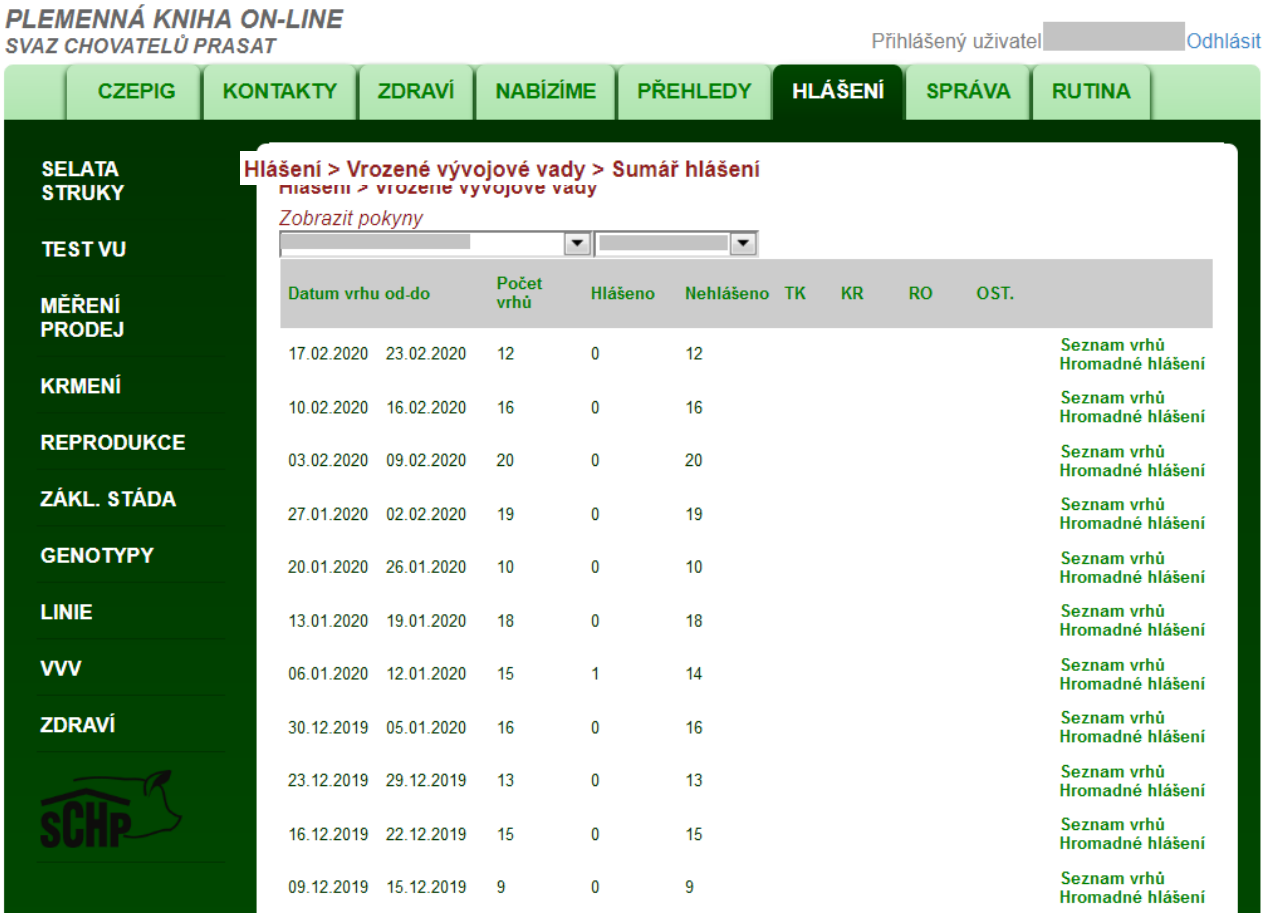
### *II.3.2.1. Hlášení webovým formulářem – vrozené vývojové vady*

Formulář aplikace Pkonline – vrozené vývojové vady je dostupný registrovaným uživatelům s právy měnit údaje jednotlivých chovů. Přihlášený uživatel vybere chov, ve kterém bude zadávat počty selat s VVV. Zobrazí se formulář „Sumář hlášení“, ve kterém jsou pro čtrnáctidenní intervaly (počínaje vždy pondělním datem) sumarizovány počty vrhů v chovu, počty vrhů s hlášenými údaji o VVV a počty vrhů s nehlášenými údaji o VVV (obrázek 1).

Sumář slouží jako rychlý přehled o plnění hlášení VVV v chovu, za vrh s hlášenými údaji se zde tedy považuje i vrh, pro který je hlášen počet selat s VVV neznámý. Sumář vrhů se vytváří pro hlášené vrhy za posledních 28 týdnů. Kliknutím na odkazy „Seznam vrhů“ je možné hlásit selata s VVV jednotlivým vrhům, kliknutím na odkaz „Hromadné hlášení“ je možné vrhům v daném rozmezí datumů hromadně dohlásit nulový nebo neznámý počet selat s VVV.

Předpokládaným systémem práce při hlášení je tedy nahlášení selat s VVV (včetně neznámých počtů) jednotlivým vrhům (předpokládaný počet vrhů s VVV je nízký) a následné doplnění počtů systematických (nulových/neznámých) k vrhům zbývajícím.

Obrázek 1: **Formulář VVV - Sumář hlášení**




**Hlášení VVV v jednotlivých vrzích**

Kliknutím na odkaz „Seznam vrhů“ se zobrazí vrhy na chovu s datem vrhu v daném časovém období. Jednotlivým vrhům je možné pořizovat počty selat s VVV (viz obrázek 2). Ve sloupcích označujících sledované VVV se vyplňuje:

- počet selat s danou VVV ve vrhu: 0 až 8 nebo
- počet selat s danou VVV neznámý: 9.

Počty selat s VVV v jednotlivých vrzích je možné libovolně editovat (s přihlédnutím k existujícím kontrolám správnosti údajů). Kliknutím na „Uložit“ se údaje o VVV vrhu aktualizují v databázi. Při aktualizaci se prázdné (nevyplněné) políčko implicitně doplní číslem 0.

Obrázek 2: **Formulář VVV-Seznam vrhů pro hlášení v jednotlivých vrzích**

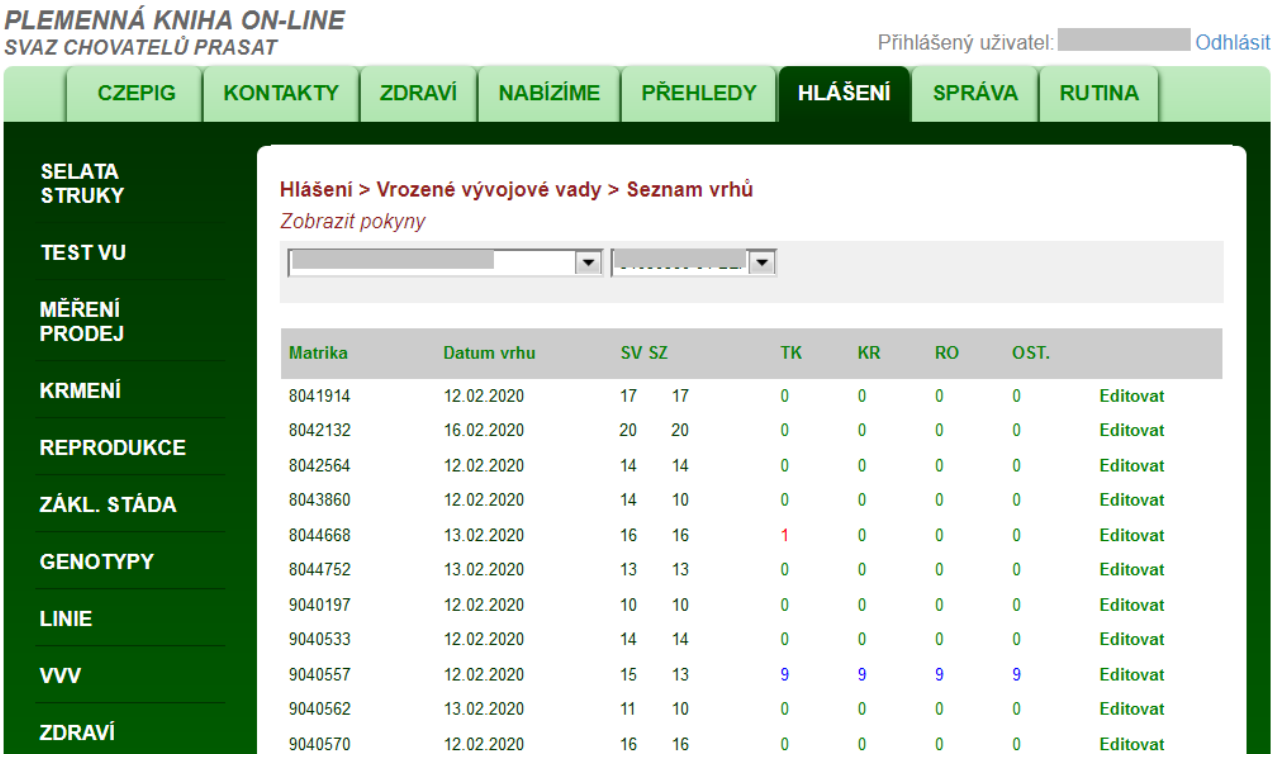
**Hromadná hlášení VVV**

Odkaz „Hromadné hlášení“ slouží k hlášení počtu VVV vrhům, které dosud nemají uveden počet selat s VVV (0-9). Kliknutím na odkaz (obrázek 3) se pro dané rozmezí vrhů ve formuláři zobrazí políčka, do kterých je možné předvyplnit počty selat jednotlivých VVV pro hromadná hlášení. Hromadně hlásit je možné pouze:

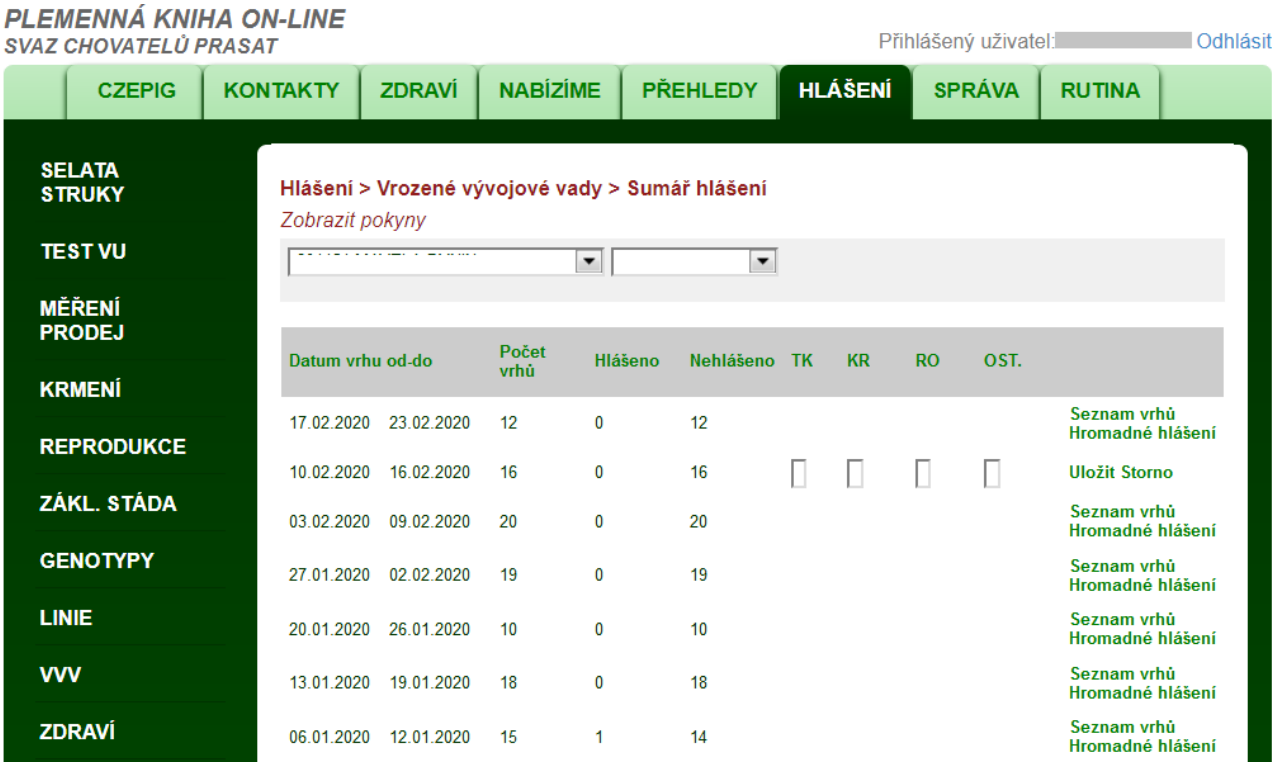
- 0 = žádné sele s VVV,
- 9 = neznámý počet selat s VVV.

Kliknutím na „Uložit“ se vrhům v daném rozmezí nahlásí údaje o VVV. **Aktualizují se pouze vrhy, které mají počet selat s VVV dosud nehlášen** (NULL). Ostatní vrhy je nutné editovat jednotlivě.

Obrázek 3: **Hromadná hlášení v Sumáři hlášení**




Obrázek 4 **Seznam vrhů – po uložení údajů o individuálním a hromadném hlášení**



*II.3.2.2. Hlášení VVV datovým souborem*

Kromě hlášení v on-line formulářích je možné využít k hlášení selat s VVV datový soubor reprodukčních záznamů, který se standardně využívá k hlášení zapuštění, vrhů, dochovů, odstavů a u prasnic i k hlášení vyřazení. Datový soubor je vytvářen programy pro kontrolu užitkovosti. Správu těchto programů (aktualizace, instalace, školení uživatelů) provádí oprávněné organizace. Zpracování dat datového souboru reprodukce (příjem a řazení dat, kontroly dat včetně systému evidence a zobrazení chybových záznamů a zápis dat, u kterých nebyla nalezena chyba, do databáze) se uskutečňuje prostřednictvím Pkonline SCHP.

Hlášení selat s VVV ve vrzích je možné prostřednictvím datové věty dochovu (informace 22), která se používá k aktualizaci záznamů dochovu posledního evidovaného vrhu. V datové informaci 22 je dostatečný počet volných míst, která by mohla být obsazena počty selat se sledovanými VVV.

Struktura datové věty informace 22 je uvedena v tabulce 1. Sloupce 32-36 ve stávající větě jsou dosud neobsazeny, proto by mohly sloužit k přenosu dat o VVV. Problémem je, že se vzhledem k existenci VVV formulářů nepředpokládá zájem o úpravu programů KU všemi oprávněnými organizacemi a kódování počtu selat by muselo v datovém souboru být opačné než při pořizování dat prostřednictvím www (0 = neupravený software nebo počet selat s VVV neznámý; 9 = žádné sele s www), což by pro uživatele mohlo být matoucí.

Tabulka 1: **Struktura datové informace 22 včetně navrženého obsazení počty selat s VVV**

| Sloupec | Popis |
|---|---|
| 1-2 | druh informace 22 |
| 3-10 | číslo hospodářství |
| 11-12 | číslo stáje |
| 13-19 | matrika prasnice |
| 20-25 | datum dochovu (ddmmyy) |
| 26-27 | počet dochovaných selat |
| 28-31 | hmotnost vrhu ve 21 dnech |
| 32-36 | 0: dosud neobsazeno |
| 37 | KR – počet selat s kryptorchismem |
| 38 | TK – počet selat s tříselnou kýlou |
| 39 | RO – počet selat s roznožkami |
| 40 | OS – počet selat s ostatními vývojovými vadami |

Z tohoto důvodu bude vhodnější doplnit stávající datovou větu přidáním sloupců s počtem selat s VVV na konec věty (sloupce 37 až 40). Rozdíl v délce věty informace 22 bude indikátorem toho, zda byl program KU upraven. **U upravených vět se bude předpokládat, že skutečně obsahují údaje o VVV selat**. Počty selat s VVV budou ve sloupcích 37 až 40 uvedeny jako:

- 0: počet selat nulový,
- 9: počet selat neznámý,
- 1-8: počet selat s danou VVV.

Při úpravách programů KU je žádoucí, aby kódy pro VVV při pořizování dat byly kompatibilní s www formuláři.

Aktualizace počtů selat s VVV datovým souborem bude v centrální databázi Pkonline provedena pouze tehdy, pokud v databázi není u vrhu počet selat s VVV dosud evidován (je NULL), aby nedocházelo ke zpětnému přepisování dříve pořízených záznamů prostřednictvím formulářů Pkonline. V případě, že bude hlášen počet selat s VVV vrhu, u něhož je již počet selat s VVV evidován, záznam informace 22 se odmítne s chybou: „Selata s VVV již hlášena!“. Uživatelé by se tedy měli rozhodnout, jakým hlavním způsobem budou VVV ve vrhu pořizovat.

### *II.3.2.3. Opravy záznamů o VVV v databázi KU*

**Webový formulář oprav reprodukce**

Hlášení ve webových formulářích VVV umožňuje provádění oprav do doby, kdy se vrh nachází v nabídce k pořízení (sumář vrhů zobrazuje vrhy maximálně 26 týdnů staré). Pořízení/oprava všech údajů vrhu včetně VVV je dále možná prostřednictvím formuláře Opravy reprodukce (obrázek 5).

**Oprava VVV datovým souborem**

Uživatelé pořizující VVV v programech KU mohou údaje o opravách VVV odesílat do databáze prostřednictvím datové věty informace 43, jejíž struktura není v současnosti jednotná (tabulka 2). Počty selat s VVV mohou být doplněny na konec věty (sloupce 47 až 50). Délka věty informace 43 bude indikátorem, zda byl program KU doplněn o informace VVV. V upravených softwarech bude pro odlišení původní krátké informace 43 použit ve sloupcích 37-46 řetězec “9999999999” nebo (lépe) bude výstup informace 43 převeden na strukturu 43 – dlouhá.

Obrázek 5: **Formulář oprav reprodukce**

Tabulka 2: **Struktura datové informace 43 včetně navrženého obsazení počty selat s VVV**

| Popis údaje | Sloupce 43 – krátká (36 znaků) | Sloupce 43 – dlouhá |
|---|---|---|
| druh informace 22 | 1-2 | |
| číslo hospodářství | 3-10 | |
| číslo stáje | 11-12 | |
| matrika prasnice | 13-19 | |
| datum vrhu (ddmmyy) | 20-25 | |
| datum dochovu (ddmm) | 26-29 | |
| znak březosti | 30 | 36 |
| všech selat | 31-32 | 30-31 |
| živých selat | 33-34 | 32-33 |
| dochovaných selat | 35-36 | 34-35 |
| pořadí vrhu | - | 37-38 |
| mléčnost vrhu | - | 39-42 |
| datum odstavu (ddmm) | - | 43-46 |
| KR – počet selat s kryptorchismem | 47 | |
| TK – počet selat s tříselnou kýlou | 48 | |
| RO – počet selat s roznožkami | 49 | |
| OS – počet selat s ostatními vývojovými vadami | 50 | |

### II.3.3. Způsob sledování vrozených vývojových vad v odchovu a testaci

Při výskytu VVV u kanečků a prasniček v odchovu nebo testaci zapíše chovatel výskyt vady u zvířete do evidence odchovu/testace. Přenos dat do evidence Plemenné knihy bude provádět pracovník oprávněné organizace. Při zjištění vady provede chovatel nebo pracovník oprávněné organizace odběr vzorku tělních tkání/štětin od postiženého prasete, vzorek označí AM číslem prasete, AM číslem matky, AM číslem otce a popisem vady. Odebraný vzorek zašle na SCHP, kde bude zaevidován a uložen do banky vzorků.

Problémem sledování VVV u této kategorie zvířat je způsob označování plemenných prasat, kdy jsou označována pouze selata zamýšlená k odchovu. Výskyt VVV u neoznačených prasat tedy nemůže být evidenčně podchycen.

### II.3.4. Výstupy z databáze Plemenné knihy SCHP

Publikování výskytů VVV zajistí SCHP úpravou stávajících sestav:

- v pomocné sestavě „Seznam k vyšetření březosti a hlášení vrhu“ jako podíl vrhů matky/otce vrhu se zjištěnými VVV k celkovému počtu vrhů matky/otce s hlášenými VVV; sestava slouží pracovníkům oprávněné organizace jako pomocná evidence při označování plemenných prasat a ke kontrole vrhů,

- v katalozích prasniček a kanců jako podíl vrhů matky/otce s evidovanými VVV k celkovému počtu vrhů matky/otce s hlášenými VVV,
- v TOP kanců jako podíl vrhů po kanci s evidovanými VVV k celkovému počtu vrhů s hlášenými VVV po kanci.

Fenotypové vyhodnocení a publikování sumárních výskytů VVV po otcích/matkách bude žádoucím podkladem pro negativní selekci potomků. Dosah fenotypové selekce je však omezen pouze na přímé potomky. Pro efektivní selekci bude důležitým výstupem genetické vyhodnocení pomocí odhadů plemenných hodnot, případně následné genomické vyhodnocení se zahrnutím SNP polymorfismů.

### *II. 4. Příloha*

Součástí metodiky nejsou žádné přílohy.

## III. Srovnání novosti postupů

Navržený systém sledování výskytu vrozených vývojových vad u plemenných prasat v KU je zcela nový. V hlavních rysech (způsob zjišťování, přenos dat do databáze) se podobá systému kontroly užitkovosti ostatních znaků. V porovnání se systémem kontroly dědičnosti zdraví (KDZ), která byla ukončena v roce 2011, se liší způsobem sběru dat (osoba provádějící sběr dat), záznamem dat v prvotní evidenci chovatele, způsobem přenosu dat do databáze (původně papírové formuláře versus nyní online přenos dat) a především rozsahem (v KDZ se hodnotilo 30 vrhů po zařazeném plemeníkovi, naproti tomu aktuálně navržený sběr dat není omezen počtem vrhů). Významným přínosem pro selekci, ale i pro obecné poznání v oblasti dědičnosti VVV, je možnost následné molekulárně genetické analýzy vzorků tělesných tkání postižených selat a jejich příbuzných.

Výskyt vrozených vývojových vad není v současné době centrálně monitorován. Při výskytu vrozené vývojové vady u selete ve vrhu dojde k vyřazení všech selat z plemenitby. Odchovávaná prasata, u kterých se projeví vývojová vada, jsou z další plemenitby vyloučena. Tato negativní selekce do určité míry snižuje výskyt vrozených vývojových vad v populaci. Navržený způsob sběru dat je vhodný pro uplatnění dalších metod selekce, především pak selekce s využitím molekulárně-genetických informací.

## IV. Popis uplatnění metodiky

Vypracované postupy předkládané metodiky a technická řešení přenosu dat do databáze KU Plemenné knihy SCHP tvoří základ pro rutinní sledování a vyhodnocování výskytu vrozených vývojových vad v populacích plemenných prasat ve šlechtitelském programu CzePig. Vyvinuté programy budou použity k přenosu dat o výskytu VVV v rámci KU prasat.

## V. Ekonomické aspekty

Analýza metodických postupů ke sledování vrozených vývojových vad u plemenných prasat a veškeré programy na straně Plemenné knihy Svazu chovatelů prasat, z. s. (webové formuláře, programy pro zpracování datových souborů s VVV, databázové programy pro uchování dat) byly vyvinuty v rámci řešení projektu NAZV QK1910217.

Sběr dat o VVV zatíží celý systém KU dodatečnými pracovními náklady na aktivní zjišťování vad a sběr vzorků, záznam vad a přenos dat do centrální evidence.

Navržený systém přenosu dat do databáze KU prostřednictvím webových formulářů již nevyžaduje další investiční náklady na straně uživatelů – chovatelů nebo oprávněných organizací. Alternativní způsob přenosu dat prostřednictvím datových souborů vyžaduje změny stávajících programů KU, které jsou spravovány oprávněnými organizacemi. Investiční náklady na případnou změnu programů KU (systém zadávání dat VVV a úprava výstupních datových informací 22 a 43) odhadujeme do 50 000 Kč/program. Přenos dat je navržen tak, aby se dodatečné pracovní náklady minimalizovaly (hromadná zadávání nulových nebo neznámých výskytů VVV).

Sledování a analýza výskytu vrozených vývojových vad jsou základem pro efektivní selekci na tyto znaky, která povede ke snížení ekonomických ztrát způsobených úhyny selat, utracením selat nebo nutnými porážkami odchovávaných a vykrmovaných prasat.

## VI. Seznam citované literatury


Amann, R. P., Veeramachaneni, D. N. R. (2006): Cryptorchidism and associated problems in animals. Anim. Reprod., 2: 108-120.

Andersen-Ranberg I., Tajet H. (2007): Health traits in the breeding goal for Norsvin Landrace and Norsvin Duroc. Dublin, Ireland: 58th Annual Meeting of the EAAP.

Atkinson M., Amezcua R., DeLay J., Widowski T., Friendship R. (2017): Evaluation of the effect of umbilical hernias on play behaviors in growing pigs. Can. Vet. J., 58: 1065-1072

Clapperton M., Diack A.B., Matika O., Glass E.J., Gladney CH.D., Mellencamp, M.A.,Hoste A., Bishop, S.C. (2009): Traits associated with innate and adaptive immunity in pigs: heritability and associations with performance under different health status conditions. Genetics Selection Evolution, 41: 54.

Ding N.S., Mao H.R., Guo Y.M., Ren J., Xiao S.J., Wu G.Z., Shen H.Q., Wu L.H., Ruan G.F., Brenig B. (2009): A genome-wide scan reveals candidate susceptibility loci for pig hernias in an intercross between white Duroc and Erhualian. J. Anim. Sci., 87(8):2469–74.

Dolf G., Gaillard C., Schelling C., Hofer A., Leighton E. (2008): Cryptorchidism and sex ratio are associated in dogs and pigs. Journal of Animal Science, 86(10): 2480-2485.

Du Z.Q., Zhao X., Vukasinovic N., Rodriguez F., Clutter A.C., Rothschild M.F. (2009): Association and haplotype analyses of positional candidate genes in five genomic regions linked to scrotal hernia in commercial pig lines. PLoS One, 4(3): 4837.

Grindflek E., Moe M., Taubert H., Simianer H., Lien S., Moen T. (2006): Genome-wide linkage analysis of inguinal hernia in pigs using affected sib pairs. BMC Genet., 7: 25.

Grindflek E., Hansen M.H.S., Lien S., van Son M. (2018): Genome-wide association study reveals a QTL and strong candidate genes for umbilical hernia in pigs on SSC14. Genomics, 19:412.

Hao X., Plastow G., Zhang Ch., Xu S., Hu Z., Yang T., Wang K., Yang H., Yin X., Liu S., Wang S., Wang Z., Zhang, S. (2017): Genome-wide association study identifies candidate genes for piglet splay leg syndrome in different populations. BMC Genetics, 18: 64.

Hennig-Pauka I., Koch F.J., Schaumberger S., Woechtl B., Novak J., Sulyok M., Nagl V (2018): Current challenges in the diagnosis of zearalenone toxicosis as illustrated by a field case of hyperestrogenism in suckling piglets. Porcine Health Management, 4: 18.

Hermesch S., Li L., Doeschl-Wilson A.B., Gilbert H. (2015): Selection for productivity and robustness traits in pigs. Animal Production Science, 55: 1437-1447.

Holl J.W., Johnson R.K. (2005): Incidence of splayleg pigs in Nebraska litter size selection lines. Journal of Animal Science, 83 (1): 34-40.

Hori T., Giuffra E., Andersson L., Ohkawa H. (2001): Mapping loci causing susceptibility to anal atresia in pigs, using a resource pedigree. Journal of Pediatric Surgery, 36(9): 1370-1374.

Knap P.W. (1986): Congenital defects inheritance of AI boars: genetic parameters and breeding value estimation procedures. Livestock Production Science, 15, 337-352.

Knap P.W. (2005): Breeding robust pigs. Australian Journal of Experimental Agriculture 45, 763-773.

Knap P.W., Rauw, W.M. (2009): Selection for high production in pigs. In: Resource allocation theory applied to farm animal production. (Ed. WM Rauw., CABI: Wallingford, UK), 210-229.

Larzul C., Delaunay I., Schwob S., Mercat M.J. (2008): Paramétres génétiques des principales anomalies congénitales porcines. Journées Recherche Porcine, 40: 141-142.

Maak S., Boettcher D., Tetens J., Wensch-Dorendorf M., Nürnberg G., Wimmers K., Swalve H.H., Thaller G. (2009): Identification of candidate genes for congenital splay leg in piglets by alternative analysis of DNA microarray data. International Journal of Biological Science, 5(4): 331-337.

Mattsson P. (2011): Prevalence of congenital defects in Swedish Hampshire, Landrace and Yorkshire pig breeds and opinions on their prevalence in Swedish commercial herds (MSc Thesis). Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden, 35 s.

Mikami M., Fredeen H.T. (1979): A genetic study of cryptorchidism and scrotal hernia in pigs. Canadian Journal of Genetics and Cytology, 21(1): 9-19.

Papatsiros V., Alexopoulos C., Kritas S., Koptopoulos G., Nauwynck H., Pensaert M., Kyriakis S. (2006): Long-term administration of a commercial porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV)-inactivated vaccine in PRRSV-endemically infected sows. J. Veterinary Med. Ser B., 53(6): 266–72.

Partlow G.D., Fisher K.R., Page P.D. (1993): Prevalence and types of birth defects in Ontario swine determined by mail survey. Can JVet Res, 57: 67-73.

Petersen H., Nielsen E., Hassing A., Ersbøll A., Nielsen J. (2008): Prevalence of clinical signs of disease in Danish finisher pigs. Vet. Rec., 162: 377–382.

PIC – Hermitage AI newsletter (2018). Dostupné z: https://pichermitage.com/wp-content/uploads/2018/03/NewsletterUKd2.pdf

Prunier A., Heinonen M., Quesnel H. (2009): High physiological demands in intensively raised pigs: impact on health and welfare. Animal, 4(6): 886-898.

Rothschild M.F., Christian L.L., Blanchard W. (1988): Evidence for multigene control of cryptorchidism in swine. Journal of Heredity, 79: 313-314.

Searcy-Bernal R., Gardner I., Hird D. (1994): Effects of and factors associated with umbilical hernias in a swine herd. J. Am. Vet. Med. Assoc., 204:1660–1664.

Sevillano C.A., Lopes M.S., Harlizius B., Hanenberg E.H., Knol E.F., Bastiaansen J.W. (2015): Genome-wide association study using deregressed breeding values for cryptorchidism and scrotal/inguinal hernia in two pig lines. Genetics selection evolution, 47:18.

Topigs Norsvin – The Insider (2014). Dostupné z: https://topigsnorsvin.us/wp-content/uploads/2017/12/Topigs-Norsvin-Insider-1412.Winter14.docx.pdf

Vogt D.W., Ellersieck M.R. (1990): Heritability of susceptibility to scrotal herniation in swine. Am. J. Vet. Res., 51(9):1501–3.

Vychodilová L., Stejskalová K., Bubeníková J., Futas J., Plášil M., Jánová E., Hořín P. (2019): Klinická genetika. VFU Brno, 163 s.

Wiedemann S., Fries R., Thaller G. (2005): Genomewide Scan for Anal Atresia in Swine Identifies Linkage and Association With a Chromosome Region on Sus scrofa Chromosome 1. Genetics, 171(3): 1207-1217.

Xu W., Chen D., Yan G., Xiao S., Huang T., Zhang Z., Huang L. (2019): Rediscover and Refine QTLs for Pig Scrotal Hernia by Increasing a Specially Designed F3 Population and Using Whole-Genome Sequence Imputation Technology. Front. Genet., 10:890.

## VII. Seznam publikací, které předcházely metodice

Krupová Z., Žáková E., Krupa E., Stibal J., Jíchová P. (2019): Aplikace léčiv a produkční a reprodukční ukazatele prasnic. Náš chov, 79(12): 55-59

Wolf J., Wolfová M. (2012): Genetic parameters including the service sire effect for the sow traits stillbirth and piglet losses in Czech Large White and Landrace. Czech J. Anim. Sci., 57(9): 402–409

Krupa E., Wolf J., Wolfová M., Žáková E. (2014): Odhad plemenné hodnoty prasat plemen České bílé ušlechtilé a Česká landrase. Certifikovaná metodika. VÚŽV v.v.i. Praha, 17 s., ISBN 978-80-7403-125-0.

Krupa E., Žáková E., Krupová Z., Kasarda R., Svitáková A. (2016): Genetic relationship between pig management units of Czech dam breeds based on various types of data and pedigree information, CJAS, 61(2): 91-97.

Krupa E., Žáková E., Krupová Z., Michaličková M. (2016): Estimation of genetic parameters for teat number and reproduction and production traits from different data sources for Czech dam breeds. Livest. Sci., 19: 197–102.

**Vydal**: Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i., Praha Uhříněves

**Název**: Systém sběru a uchování zdravotních dat v kontrole užitkovosti prasat

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

**Oponenti:** **doc. Ing. Karel Mach, CSc.**
Emeritní docent, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů
Česká zemědělská univerzita, Praha

**Ing. Zdeňka Majzlíková**
Česká státní plemenářská inspekce, Praha

**ISBN 978-80-7403-230-1**

Vydáno bez jazykové úpravy.

Metodika je výsledkem řešení výzkumného projektu NAZV QK1910217.

© Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i., Praha Uhříněves

Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.
Přátelství 815
104 00 Praha Uhříněves

www.vuzv.cz