VÚŽV

Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

Eva Kašná

Ludmila Zavadilová

Zuzana Krupová

ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO ODOLNOST VŮČI VZNIKU OVARIÁLNÍCH CYST SE ZAHRNUTÍM KRAV S DOMÁCÍM FENOTYPEM DO REFERENČNÍ POPULACE

2022

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

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

8806/2022 - 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:
Odhad genomických plemenných hodnot pro odolnost vůči vzniku ovariálních cyst se zahrnutím krav s domácím fenotypem do referenční populace.

Autor / autoři:
Ing. Eva Kašná, Ph.D., Ing. Ludmila Zavadilová, CSc., Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.

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

Místo vydání: **Praha**
Rok vydání: **2022**

Metodika byla vypracována v rámci řešení výzkumného projektu NAZV **QK1810253**

„Navýšení spolehlivosti celostátního genomického hodnocení dojeného skotu zařazením krav s domácí užitkovostí do genotypové referenční populace."

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy: Ing. Zdenka Majzlíková
Funkce zástupce odborného útvaru státní správy: vedoucí služebního úřadu - ředitelka

V Praze dne 28. 11.2022

Česká plemenářská inspekce
Slezská 100/7
120 00 Praha 2
1

.....
Podpis/elektronický podpis zástupce odborného útvaru státní správy

Souhlas ředitele Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V ....Praze.... dne ....30. 11. 2022....

.....
Podpis/elektronický podpis ředitele/ředitelky Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání

ISBN 978-80-7403-280-6

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO ODOLNOST VŮČI VZNIKU OVARIÁLNÍCH CYST SE ZAHRNUTÍM KRAV S DOMÁCÍM FENOTYPEM DO REFERENČNÍ POPULACE

Autoři
Ing. Eva Kašná, Ph.D. (60 %)
Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. (25 %)
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (15 %)

OPONENT
Ing. Zdenka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha

OPONENT PRAXE
doc. Ing. Karel Mach, CSc.
Emeritní docent, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů
Česká zemědělská univerzita, Praha

Metodika byla vypracována v rámci řešení projektu NAZV QK1810253 Navýšení spolehlivosti celostátního genomického hodnocení dojeného skotu zařazením krav s domácí užitkovostí do genotypované referenční populace

Předkladatel: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.
se sídlem Přátelství 815, 104 00 Praha Uhříněves
zastoupený doc. Ing. Petrem Homolkou, CSc., Ph.D., ředitelem
Tel.: 267 009 511 (ústředna)
Fax: + 420 267 710 779
www: http://www.vuzv.cz
e-mail: vuzv@vuzv.cz
Zástupcem autorského týmu je Ing. Eva Kašná, Ph.D.

Obsah

1. Cíl metodiky ... 3
2. Vlastní popis metodiky ... 3
2.1 Úvod ... 3
2.2 Popis datových souborů ... 4
2.2.1 Soubor fenotypů ... 4
2.2.2 Soubor rodokmenů ... 5
2.2.3 Soubor genotypů ... 5
2.3 Modelová rovnice pro odhad složek rozptylu ... 6
2.3.1 Definice pevných efektů v modelu ... 6
2.3.2 Definice náhodných efektů v modelu ... 6
2.4 Genetické parametry ... 7
2.5 Genomická matice ... 7
2.6 Genomické plemenné hodnoty ... 7
2.7 Zpracování výsledků ... 7
2.7.1 Odhad plemenných hodnot ... 8
2.7.2 Rodokmen ... 8
2.7.3 Soubor genomických jedinců ... 9
3. Srovnání novosti postupů ... 9
4. Popis uplatnění certifikované metodiky ... 9
5. Ekonomické aspekty ... 9
6. Seznam použité literatury ... 9
7. Seznam publikací, které předcházely metodice ... 10
7.1 Certifikovaná metodika ... 10
7.2 Vědecké publikace ... 10
7.3 Příspěvky na konferencích ... 11
7.4 Odborné články ... 11
8. Jména oponentů a názvy jejich organizací ... 11
9. Dedikace ... 11
10. Přílohy ... 12
10.1 Databáze ... 12
10.2 Postup úpravy a hodnocení dat ... 12
10.3 Parametrický soubor pro RENUMF90 ... 12
10.4 Parametrický soubor pro BLUPF90IOD ... 13
10.5 Parametrický soubor pro ACC90GS ... 13
10.6 Genomické plemenné hodnoty ... 14
10.6.1 Popis použitého souboru ... 14
10.6.2 Metoda odhadu genomických plemenných hodnot ... 14
10.6.3 Genomická matice ... 15
10.6.4 Fenotypový projev dcer hodnocených býků ... 19
10.6.5 Korelace GEPH s plemennými hodnotami pro vlastnosti v rutinním odhadu ... 19

1. Cíl metodiky

Cílem předkládané metodiky je navrhnout postup odhadu genetických parametrů a predikce genomických plemenných hodnot (GEPH) pro odolnost vůči vzniku ovariálních cyst u holštýnského skotu, a to jednoznakovým modelem s opakovatelností. Pro genomický odhad bude navržena referenční populace genotypovaných zvířat zahrnujících krávy s domácí užitkovostí.

2. Vlastní popis metodiky

2.1 Úvod

Ovariální cysty (dále CYS) jsou závažnou funkční poruchou plodnosti skotu, která vede k dočasné až trvalé neplodnosti. Její ekonomický dopad se odvozuje ze zvýšených nákladů na ošetřování a léčbu zvířat, prodloužení servis periody resp. mezidobí, a vyřazování zvířat z důvodu neplodnosti (Kelton et al., 1998). Touto poruchou může být zasaženo až 30 % dojnic (Kelton et al. 1998, Vanholder et al. 2006). CYS se nejčastěji projeví mezi 15. – 45. dnem po otelení, kdy dochází k přechodu z necyklického stavu (březosti) k nastolení pravidelného cyklu, přičemž k poporodnímu dozrání folikulu dochází souběžně s nástupem laktace. Primární příčina vzniku ovariální cysty není jednoznačně stanovena, ale nejrozšířenější hypotézou je, že CYS je důsledkem neuroendokrinní nerovnováhy zahrnující hypotalamo-hypofyzární osu (Hooijer et al. 2001). Na vzniku této nerovnováhy se mohou podílet vysoká zátěž (laktace), výživa, tělesná kondice, případně infekční onemocnění dojnice (Silvia et al. 2002).

CYS se řadí ke zdravotním znakům, které jsou postupně zohledňovány v selekci dojeného skotu (Heringstad 2010; Fuerst et al. 2011; Himmelbauer et al. 2021; Jamrozik et al. 2021). Odhady koeficientu dědivosti pro CYS jsou obvykle nižší než 0,10 a liší se podle souboru dat a použité metody (Jamrozik et al. 2021, Koeck et al. 2014, Heringstad 2010, Hooijer et al. 2001). Studie genetické korelace neukázaly na vazbu CYS s dalšími obvykle hodnocenými reprodukčními poruchami (metritis, zadržení lůžka). Další práce poukázaly na nepříznivou asociaci mezi CYS a mléčnou užitkovostí (Hooijer et al., 2001, Koeck et al. 2014), což naznačuje, že selekce na lepší mléčnou užitkovost může vést ke zvyšování výskytu CYS.

Vzhledem k předpokládané nízké dědivosti je pro šlechtění zdravotních znaků významným nástrojem genomická selekce. V České republice byla zavedena do rutinního hodnocení produkčních znaků jednokroková metoda genomické predikce ssGBLUP (Přibyl et al. 2012). Jednokroková metoda nahrazuje matici příbuznosti mezi jedinci smíšenou maticí **H**, která přenáší genomickou informaci od genotypovaných jedinců do kovariancí mezi všemi negenotypovanými jedinci (Legarra et al. 2009). Přesnost genomické selekce závisí na různých parametrech, jako je počet zvířat s genotypem a fenotypem v referenční populaci nebo úroveň vazebné nerovnováhy (Thomasen et al. 2020). Vytvoření dostatečně velké referenční populace může být problematické v malých populacích, a proto byla v posledních letech zdůrazňována možnost genotypování krav (Jenko et al. 2019; Obšteter et al. 2019).

Tab. 1. Jedinci zahrnutí v ČR v genomické matici podle pohlaví a roku narození (srpen 2022)

Rok narození	Počet genotypovaných býků	Počet genotypovaných krav
do 2015	4 193	1 107
2016	175	627
2017	262	1 517
2018	216	4 603
2019	244	7 361
2020	203	9 535
2021	222	12 096
2022	92	3 151
celkem	**5 607**	**39 997**

Ke genotypování krav je třeba přistupovat obezřetně. Existuje riziko, že některé z nich mají přednostní zacházení (matky býků apod.) a jejich fenotypy jsou stranné (vychýlené). Proto se zdá být nejlepší strategií cílit na skupiny náhodně vybraných krav (Pryce et al. 2012). V České republice realizuje od roku 2018 plošnou genotypizaci jalovic Svaz chovatelů holštýnského skotu v ČR, z.s., v rámci projektu FIT Cow. Strukturu dosud genotypovaných zvířat (srpen 2022), jejichž informace jsou využívány v rutinním odhadu GEPH produkčních znaků, uvádí Tab. 1.

2.2 Popis datových souborů

2.2.1 Soubor fenotypů

Data o výskytu ovariálních cyst jsou zadávána zástupci jednotlivých chovů (veterinář, zootechnik, jiná pověřená osoba) do databáze Deník nemocí a léčení. Údaje jsou evidovány od 1. července 2017. Ovariální cysty jsou zadávány dle hierarchicky tříděného klíče, jednotlivé diagnózy jsou uvedeny v Tab. 2.

Tab. 2. Diagnózy ovariálních cyst zadávané v Deníku nemocí a léčení

kód	Diagnóza
2.05.02.04.	Ovariální cysta
2.05.02.04.01.	Folikulární cysta na vaječnících
2.05.02.04.02.	Luteální cysta na vaječnících
2.05.02.04.03.	Cysty = Syndrom ovariálních cyst
2.05.02.04.04.	Cysta na levém vaječníku
2.05.02.04.05.	Cysta na pravém vaječníku
2.05.02.04.06	Prasknutí cysty

Zadávání diagnóz do Deníku je dobrovolné, neúčastní se ho tedy všechny chovy, které provádějí kontrolu užitkovosti. Databáze Deníku obsahuje následující pole:

chov číslo;chov název;stáj;zvíře;datum otelení;kód diagnózy;datum stanovení diagnózy;diagnóza/úkon

ukázka výchozího souboru:

002699;VÚŽV Uhříněves;1100005714;CZ000099829911;09.03.2022;2.05.02.04.;20.04.2022;1
002699;VÚŽV Uhříněves;1100005710;CZ000100047911;10.03.2022;2.05.02.04.02.;13.04.2022;1
002699;VÚŽV Uhříněves;1100005710;CZ000100047911;10.03.2022;9.03.02.06.01.;19.07.2022;2
002699;VÚŽV Uhříněves;1100005714;CZ000100095911;15.02.2022;9.03.02.06.01.;03.03.2022;2
002699;VÚŽV Uhříněves;1100005710;CZ000100107911;05.01.2022;1.14.01.02.;08.01.2022;1

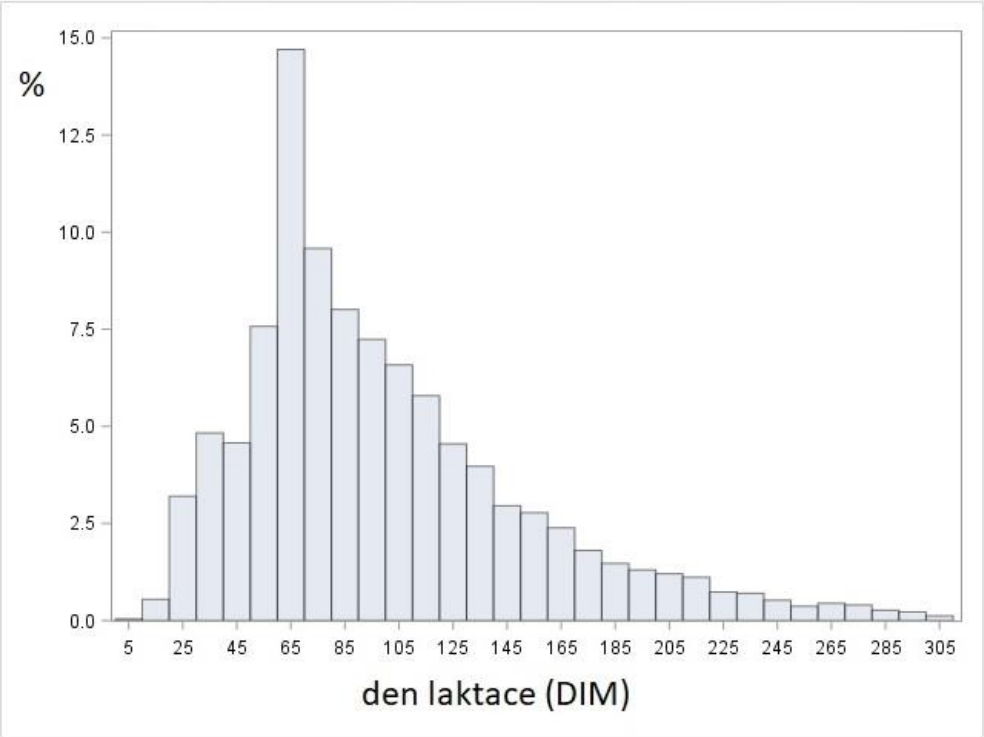
Databáze Deníku zahrnuje pouze jedince s danou poruchou. Pro genetické hodnocení využíváme údaje o výskytu ovariálních cyst v období od otelení do 305. dne laktace (DIM) u holštýnských dojnic, tj. H75 – H100. Údaje s vyšším DIM jsou z hodnocení vyřazeny. Záznamy o kravách s cystami je třeba kombinovat s daty „zdravých“ vrstevnic. Vrstevnice (krávy stejného plemene, produkující ve stejném stádě, otelené v podobném věku a období) jsou na základě čísla stáje doplněna z databáze kontroly užitkovosti (kkuv). U zdravých vrstevnic je na základě data vyřazení v kombinaci s nejpravděpodobnějším výskytem CYS v průběhu laktace (obr. 1) třeba zkontrolovat, zda dokončily alespoň 150 dnů laktace, aby měla zdravotní porucha CYS možnost se projevit. U krav otelených v posledním roce hodnocení je možné tuto podmínku rozvolnit na dokončených 30 dnů laktace, aby se do hodnocení dostaly mladé genotypované plemenice. V kombinaci s rokem otelení je v souboru zavedena kombinovaná proměnná *stádo*rok otelení*. Pro každou kombinaci *stádo*rok otelení* je spočten výskyt ovariálních cyst. *Stáda*roky otelení*, kde je výskyt ovariálních cyst < 0,01, jsou z dalšího hodnocení vyřazeny, aby se eliminovaly chovy, které v daném roce tuto poruchu systematicky neevidovaly. Soubor fenotypů po úpravách zahrnuje:

registrační číslo dojnice – pořadí laktace – kombinovaný efekt stádo*rok*období otelení – výskyt cyst 0/1

ukázka vytvořeného souboru, sloupce oddělené mezerou:

203000187107962 3 0595162017Z 1
203000187119962 1 0595162017Z 0
203000187119962 2 0595162018Z 0
203000187123962 1 0595162017L 0
203000190567962 2 0595172020L 0

Obr. 1: Distribuce výskytu ovariálních cyst v průběhu laktace



2.2.2 Soubor rodokmenů

Rodokmen jedince je vytvořen na základě databáze původů kdb001. Pomocí programu RENUMF90 je rodokmen přečíslován a propojen se souborem fenotypů.

Vstupní soubor rodokmenu z databáze kdb001:

jedinec ID otec ID matka ID

ukázka souboru, sloupce oddělené mezerou:

276000000462277 276000004100887 276000001462277
528000011000241 826000000287737 528000000022136
276000000434867 0 0
528000000187083 528000000057638 528000000510337
528000001934431 276004100060768 528000000214066

2.2.3 Soubor genotypů

Soubor kgen001 obsahuje 2 pole – 1. číslo zvířete a 2. jeho SNP genotyp. SNP genotyp je ve formátu 0 (homozygot), 1 (heterozygot), 2 (alternativní homozygot) a 5 (chybějící hodnota). Soubor genotypů je propojen se souborem rodokmenů a souborem fenotypů pomocí programu RENUMF90 (Misztal et al. 2018; parametrický soubor Příloha 2.)

jedinec SNP

ukázka souboru, proměnné definované podle místa v řádku:

002099 1221221115125212000202020020220221210211011005200151222020222201212122222020
CZ000492795953 2221521015011120110112211010200022521122011022200201211011222202202022202021
CZ000492796953 2211520015221112002102221021200222511022121010200102102021222202212122102020

2.3 Modelová rovnice pro odhad složek rozptylu

V rámci odhadu bude řešena jedna modelová rovnice, kde závislou proměnnou je výskyt ovariálních cyst vyjádřený jako 0 (v laktaci nebyl žádný případ ovariálních cyst) nebo 1 (v laktaci byl zaznamenán alespoň jeden případ ovariálních cyst). Modelová rovnice má tvar:

$$CYS_{ijkl} = \mu + PO_i + HYS_j + a_k + pe_l + e_{ijl},$$

kde

CYS_{ijkl} – je zaznamenaný výskyt ovariálních cyst v období od otelení do 305. dne laktace, vyjádřený jako 0/1;

μ – populační průměr;

PO_i – pevný vliv i-tého pořadí otelení se třemi hladinami: 1 – první, 2 – druhé, 3 – třetí a další;

HYS_j – pevný vliv j-tého stáda x roku x období, kde období je charakterizováno jako zimní (září – únor) a letní (březen – srpen);

a_k – náhodný přímý genetický vliv k-tého jedince;

pe_l – náhodný vliv trvalého prostředí l-té matky;

e_{ijkl} – náhodný reziduální vliv.

2.3.1 Definice pevných efektů v modelu

Stádo se definuje podle chovatele a stáje, ve kterých se pravidelně zadávají záznamy o diagnózách a léčení do Deníku. Pro hodnocení jsou využity záznamy krav, které se otelily od 1.7.2017 (spuštění Deníku) do posledního dne měsíce předcházejícího poslednímu měsíci staženému k hodnocení. Např. hodnotíme-li poslední data ze srpna 2022, krávy zařazené do hodnocení by se měly otelit nejpozději 31. července 2022, a to proto, aby byla zachována alespoň minimální doba pro projevení sledované poruchy. Ze stejného důvodu by měly všechny krávy (s výjimkou otelených v posledním roce hodnocení) bez zaznamenaného výskytu dokončit alespoň 150 dnů laktace.

Rok otelení se definuje jako kalendářní rok otelení.

Období otelení je stanoveno na základě proměnlivosti výskytu ovariálních cyst v populaci, a to jako léto (březen – srpen) a zima (říjen – únor).

Pořadí otelení se uvažuje od první do třetí laktace, přičemž třetí laktace se kombinuje se všemi následujícími.

2.3.2 Definice náhodných efektů v modelu

Vliv trvalého prostředí krávy je složkou fenotypové proměnlivosti, která zůstává konstantní při opakovaných měřeních na stejném jedinci. Počet úrovní je dán počtem krav s informací o fenotypu (výskytu ovariálních cyst).

Přímý aditivní genetický vliv jedince představuje plemennou hodnotu jedince a počet úrovní je dán počtem všech jedinců v rodokmenu, kteří jsou zahrnuti do výpočtu.

2.4 Genetické parametry

Genetické parametry pro vlastnost CYS (Tab. 3) byly odhadnuty na základě výše uvedeného modelu při zohlednění jedinců do 3. generace. Pro vlastní výpočet byl použit program AIREMLF90 (Misztal et al. 2018; parametrický soubor viz Přílohy).

Tab. 3. Genetické parametry pro výskyt ovariálních cyst

Vliv		Vysvětlená proměnlivost
Přímý aditivní genetický vliv jedince	σ^2_A	0,00172 ± 0,00027
Trvalý vliv prostředí krávy	σ^2_{PE}	0,00217 ± 0,00052
Reziduální vliv	σ^2_E	0,06855 ± 0,00051
Celkový fenotypový rozptyl	σ^2_P	0,07245
Přímá heritabilita	h^2	0,02
Opakovatelnost	ρ	0,03

Zde přímá heritabilita h^2 je spočtena jako podíl aditivní genetické proměnlivosti σ_A^2 z celkové fenotypové proměnlivosti σ_P^2 dané součtem všech složek jako:

$$\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2.$$

Opakovatelnost ρ je podílem součtu přímého genetického vlivu σ_A^2 a trvalého vlivu prostředí krávy σ_{pe}^2 z celkové fenotypové proměnlivosti σ_P^2.

2.5 Genomická matice

Genomická matice odpovídá genomické matici užívané v rutinním odhadu genomických plemenných hodnot ostatních znaků a vlastností.

2.6 Genomické plemenné hodnoty

Genomické plemenné hodnoty jsou odhadnuty metodou jednokrokové genomické předpovědi ssGBLUP s využitím složek rozptylu, jak je uvádí Tab. 3. Pro odhad genomických plemenných hodnot slouží program BLUP90IOD2 (Misztal et al. 2018). Program BLUP90IOD2 vypíše diagonálu matice potřebnou k následné aproximaci spolehlivostí odhadů plemenných hodnot. Spolehlivosti genomických plemenných hodnot jsou aproximovány programem ACCF90GS (Misztal et al. 2018). Parametrické soubory programů jsou uvedeny v Příloze 10.3 – 10.5.

2.7 Zpracování výsledků

Struktura výsledkových souborů (solutions, sol_and_acc) odpovídá struktuře popsané v manuálu programového balíku BLUPF90 (Misztal et al. 2018), který je ke stažení na webové adrese http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php.

2.7.1 Odhad plemenných hodnot

Plemenné hodnoty včetně spolehlivostí jsou odhadnuty programem ACCF90GS. Struktura výsledkového souboru **sol_and_acc** má formát

trait/effect	level	solution	acc
1 3	1	0.00236863	0.0290
1 3	2	0.01247441	0.1944
1 3	3	0.00588518	0.0835
1 3	4	0.01256100	0.0661
1 3	5	0.03844806	0.2050
1 3	6	0.01702602	0.0210
1 3	7	0.01212997	0.1148
1 3	8	-0.00261453	0.0906
1 3	9	0.00671904	0.0173
1 3	10	0.04638746	0.2020

tj. pořadí znaku (pouze jeden v jednoznakovém modelu), efekt (v pořadí třetí), hladina (číslo jedince přiřazené programem RENUMF90), solution/řešení (genomická plemenná hodnota) a acc/spolehlivost odhadu.

V návaznosti na vyjádření znaku (0 - absence, 1 - výskyt) je výše odhadované GEPH přímo úměrná náchylnosti jedince i jeho potomstva k dané zdravotní poruše, tj. vyšší GEPH znamenají vyšší pravděpodobnost výskytu. Vzhledem k tomu, že v plemenářské práci zpravidla předpokládáme, že vyšší hodnoty jsou příznivé a žádoucí, jsou výsledky dále upraveny. GEPH jsou vyjádřeny jako relativní plemenné hodnoty s průměrem 100, směrodatnou odchylkou SD = 12 a vztažené ke genetické bázi (průměr býků narozených v roce 2010). Dále jsou převedeny tak, aby vyšší RPH představovaly vyšší odolnost vůči vzniku ovariálních cyst (RPH_od). Popsané úpravy zapisuje rovnice

RPH_od = 100 - ((GEPH – průměr genetické báze / SD)*12)

2.7.2 Rodokmen

Genomické plemenné hodnoty jsou pomocí souboru rodokmenů **renadd03** připojeny k původním (registračním) číslům jedinců. Struktura rodokmenového souboru zahrnuje 10 sloupců:

185357 0 0 1000 0 0 0 0 1 203000484588961
4 57899 95671 2000 0 2 3 0 2 203000224857972
16 57247 97006 2004 0 2 2 0 0 203000255009972
56975 58446 16609 2011 0 2 3 0 0 203000660988961
102041 58406 141634 2012 0 2 0 0 1 203000253859972
112564 58286 147062 2016 0 2 0 0 1 203000399294921
92569 59533 85807 2115 0 12 0 0 0 203000947376961,

které představují

1. Číslo jedince přiřazené programem RENUMF90; propojuje rodokmen se souborem užitkovostí a genomickou maticí;
2. Číslo otce
3. Číslo matky
4. Kód inbreedingu/skupiny předků: 1000 je kód jedinců s neznámými rodiči, 1333 kód pro jedince s jedním neznámým rodičem, 2000 kód pro jedince se známými rodiči.
5. Známý nebo odhadnutý rok narození (0 pokud není zadán)
6. Počet známých rodičů (pokud má jedinec genotyp, pak je zde 10+počet známých rodičů)
7. Počet záznamů
8. Počet potomků jako rodič 1
9. Počet potomků jako rodič 2
10. Původní registrační číslo jedince.

2.7.3 Soubor genomických jedinců

Soubor snp_XrefID uchovává přiřazená a původní registrační čísla genotypovaných jedinců, propojuje genotypy se souborem fenotypů a rodokmenů:

57018 203000557802061
57019 348003023055961
57020 203000548059061
57021 203000527279053
57022 528000442479495

3. Srovnání novosti postupů

Pro přímé šlechtění na zlepšení zdravotního stavu jsou základním vstupem plemenné hodnoty. Plemenné hodnoty pro poruchy plodnosti dosud nejsou v české populaci holštýnského skotu odhadovány. Ovariální cysty patří k nejčastějším příčinám snížené plodnosti až neplodnosti dojnic. Zároveň je jejich výskyt v genetické korelaci s úrovní mléčné produkce, a proto jejich podíl může s intenzivním šlechtěním na lepší užitkovost dále růst. Přestože se v České republice šlechtí také na plodnost býků a jejich dcer, přímá selekce proti výskytu ovariálních cyst by napomohla rychlejšímu zlepšování stavu, kdy téměř 20 % krav je vyřazováno z důvodu poruch plodnosti. Předkládaná metodika přináší nový postup umožňující přímou selekci proti výskytu ovariálních cyst. Jedná se o nový návrh, který vychází z již používaných postupů šlechtění v ČR (jednokroková genomická selekce na znaky produkce, exteriéru ad.) a vhodně je doplňuje. Je důležitým podkladem pro další vývoj šlechtění, které se stále více zaměřuje na znaky související s efektivitou a udržitelností odvětví, jako jsou právě zdravotní znaky. Předkládaná metodika zapadá do systému šlechtění proti výskytu zdravotních poruch a nemocí u dojeného skotu a významně podpoří jeho další rozvoj.

4. Popis uplatnění certifikované metodiky

Svaz chovatelů holštýnského skotu ČR, z.s. Holstein CZ je uznaným chovatelským sdružením a nositelem jedné společné Plemenné knihy holštýnského skotu (PK) pro celou ČR, vydává potvrzení o původu zvířat a stanovuje chovný cíl a standard plemene, stanovuje parametry pro výběr plemenných zvířat a prosazuje intenzifikaci šlechtění a dosažení rentability chovu. Rozhodnutím Ministerstva zemědělství ČR je Svaz uznaným chovatelským sdružením pro holštýnské plemeno skotu. Předkládaná metodika poskytne informace využitelné pro šlechtění holštýnského skotu v ČR založené na přímém sledování výskytu ovariálních cyst, a umožní odhad plemenných hodnot pro tento znak.

5. Ekonomické aspekty

Předpokládané ekonomické přínosy pro uživatele se pohybují na úrovni 0 Kč ve formě hospodářského výsledku v průběhu následujících pěti let v důsledku očekávané delší odezvy na šlechtění. V souladu s doporučením Rady vlády pro výzkum uživatel metodiky nevytváří těmito činnostmi přímý zisk. Vytvářením podkladů a řízením šlechtitelské práce dochází ke zvýšení kvality plemenářské práce u chovatelů holštýnského skotu a zlepšují se tak základní předpoklady pro ekonomické přínosy pro jednotlivé chovatele.

6. Seznam použité literatury

Heringstad B. Genetic analysis of fertility-related diseases and disorders in Norwegian Red cows. J. Dairy Sci. 2010, 93(6):2751–2756. https://doi.org/10.3168/jds.2009-2879

Hooijer G.A., Lubbers R.B., Ducro B.J., van Arendonk J.A., Kaal-Lansbergen L.M., et al. Genetic parameters for cystic ovarian disease in Dutch Black and White dairy cattle. J. Dairy Sci. 2001, 84(1):286-91. https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(01)74478-5

Jamrozik J., Kistemaker G.J., Van Doormaal B.J., Baes C.F., and Miglior F. Genomic evaluation for resistence to fertility disorders in Canadian dairy breeds. Proc. of the 2021 Interbull Meeting, Leeuwarden, The Netherlands.

Kelton D.F., Lissemore K.D., and Martin R.E. Recommendations for recording and calculating the incidence of selected clinical diseases of dairy cattle. J. Dairy Sci. 1998, 81(9):2502-2509. https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)70142-0

Koeck A., Loker S., Miglior F., Kelton D.F., Jamrozik J., et al. Genetic relationship of clinical mastitis, cystic ovaries, and lameness with milk yield and somatic cell score in first-lactation Canadian Holstein. J. Dairy Sci. 2014, 97(9):5806-5813. https://doi.org/10.3168/jds.2013-7785

Koivula M., Nielsen U., Strandén I., Aamand G., Mäntysaari E. Nordic Holstein single-step test day model using left truncated genomic data. *Interbull Bulletin* No. 57. Montréal, Canada, May 30 – June 3, 2022. 37–41.

Legarra A., Aguilar I., Misztal I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. J Dairy Sci. 2009, 92:4656-4663. https://doi.org/10.3168/jds.2009-2061

Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D.A.L., Masuda Y., Aguilar I., et al. Manual for BLUPF90 family programs. University of Georgia. 2018. Available at: http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation

Pryce J.E., Hayes B.J., Goddard M.E. Genotyping dairy females can improve the reliability of genomic selection for young bulls and heifers and provide farmers with new management tools. Proc. 38th ICAR Biennial Session, Cork, Ireland. 28 May – 1 June, 2012, 8 p.

SAS (2016): Release 9.4 (TS1M1) of the SAS® System for Microsoft® Windows®. SAS Institute, Inc., Cary, USA.

Silvia W.J., Hatler T.B., Nugent A.M., and Laranja da Fonseca L.F. Ovarian follicular cysts in dairy cows: An abnormality in folliculogenesis. Domestic Animal Endocrinology. 2002, 23(1-2):167–177. https://doi.org/10.1016/S0739-7240(02)00154-6

Thomasen J.R., Liu H., Sørensen A.C. Genotyping more cows increases genetic gain and reduces rate of true inbreeding in a dairy cattle breeding scheme using female reproductive technologies. J Dairy Sci. 2020, 103:597-606. https://doi.org/10.3168/jds.2019-16974

Vanholder T., Opsomer G., and De Kruif A. (2006) Aetiology and pathogenesis of cystic ovarian follicles in dairy cattle: a review. Reprod. Nutr. Dev. 46:105-119. https://doi.org/10.1051/rnd:2006003

7. Seznam publikací, které předcházely metodice

7.1 Certifikovaná metodika

ZAVADILOVÁ, Ludmila, BAUER, Jiří, FLEISCHER, Petr, KRPÁLKOVÁ, Lenka, KAŠNÁ, Eva, STANĚK, Stanislav a ŠLOSÁRKOVÁ, Soňa. Struktura, sestavení a udržování databáze onemocnění dojeného skotu v rámci kontroly užitkovosti. VÝZKUMNÝ ÚSTAV ŽIVOČIŠNÉ VÝROBY, v.v.i. V UHŘÍNĚVSI a VÝZKUMNÝ ÚSTAV VETERINÁRNÍHO LÉKAŘSTVÍ V BRNĚ. Česká republika. Certifikovaná metodika 3837/2017 - ČPI. 2017-05-17.

7.2 Vědecké publikace

Kašná, E., Fleischer, P., Zavadilová, L., Šlosárková, S. Genetic evaluation of reproductive and metabolic disorders and displaced abomasum in Czech Holstein cows. *Acta Universitatis Agriculturae et Sylviculturae Mendelianae Brunensis*, 2019, 67(4):939-946.

Zavadilová, L., Kašná, E., Krupová, Z., Klímová, A. Health traits in current dairy cattle breeding: A review. *Czech Journal of Animal Science*, 2021, 66, (07): 235–250.

7.3 Příspěvky na konferencích

Kašná E., Zavadilová L., Krupová Z. Genetic evaluation of cystic ovarian disease in Czech Holstein cattle. *Proc. Of WCGALP, Rotterdam, The Netherlands,* 3 – 8 July, 2022. 4 p.

Kašná E., Zavadilová L., Kučera J., Šplíchal J. Genomic evaluation of reproductive disorders in Czech Holstein cattle. *Interbull Bulletin* No. 57. Montréal, Canada, May 30 – June 3, 2022. 42–47.

Kašná E., Zavadilová L., Šlosárková S., Fleischer P., Kučera J. Genetické hodnocení reprodukce u českého strakatého skotu. *In: Příspěvek J. G. Mendela ke šlechtění hospodářských zvířat, Sborník ze semináře.* Praha Uhříněves, Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i., s. 32–37.

Kašná, E., Zavadilová, L., Krupová, Z. Genetické hodnocení reprodukčních a metabolických poruch u holštýnských dojnic. *In: Generace za generací: Sborník ze semináře u příležitosti 90. narození prof. Václava Jakubce*, DrSc. 2020, Praha Uhříněves, Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i., s. 22–29.

Kašná, E. 2019. Využití Deníku nemocí a léčení – analýza nasbíraných údajů o diagnózách. In: „Genomika a šlechtění na zdravotní znaky u dojeného skotu“ - sborník ze semináře pro chovatelskou veřejnost. 26. června 2019, Hradištko pod Medníkem. s. 4-8.

Kašná, E., Fleischer, P., Zavadilová, L., Šlosárková, S. 2019. Genetic evaluation of reproductive and metabolic disorders and displaced abomasum in Czech Holstein cows. In: ASD 2019 – Book of Abstracts. Prague: Czech University of Life Sciences Prague. S. 35. ISBN 978-80-213-2590-8

Zavadilová, L., Kašná, E., Klímová, A. Spolehlivost genomických plemenných hodnot pro znaky zdraví u holštýnských dojnic. In *Aktuální směry ve šlechtění hospodářských zvířat.* 2021, Praha Uhříněves: Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i., s. 29–38.

7.4 Odborné články

Kašná, E., Zavadilová, L., Krupová, Z., Klímová, A. Poruchy reprodukce ve šlechtění dojeného skotu. *Chovatelské listy*, 2021, (1):12-16.

Kašná, Eva. 2019. Šlechtění na zvýšení odolnosti proti nemocem. In: Průvodce šlechtěním dojeného skotu proti nemocem. Rady pro chovatele. Agrární komora České republiky, Praha. 48 stran. ISBN 978-80-88351-07-8

Kašná, E., Zavadilová, L., Fleischer, P., Šlosárková, S., Krupová, Z. Aktuální stav a přípravy přímého šlechtění dojeného skotu na vyšší odolnost vůči vybraným nemocem. Chovatelské listy, 2019, (1): 6-10.

8. Jména oponentů a názvy jejich organizací

Ing. Zdenka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha

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

9. Dedikace

Metodika vznikla s podporou Národní agentury pro zemědělský výzkum Ministerstva zemědělství ČR, projektu QK1810253.

10.Přílohy

10.1 Databáze

Při odhadu genomických plemenných hodnot jsou slučována data z několika centrálních databází. Byly využity tyto:

1. Deník nemocí a léčení – číslo dojnice; číslo chovu; datum otelení; datum diagnózy; DIM; číslo diagnózy
2. kkuv, kmrp25 – doplnění pořadí laktace a vrstevnic podle čísla stáje; datum narození; měsíc a rok vyřazení
3. kdb001 – původ jedince (jedinec, otec, matka)
4. kgen001 – genotypovaná zvířata

10.2 Postup úpravy a hodnocení dat

1. Načtení dojnic s ovariálními cystami z Deníku
2. Vyřazení dojnic s DIM diagnózy >305 dnů
3. Doplnění informace o plemeni z kdb001; vyřazení dojnic jiných plemen než H75-H100
4. Doplnění pořadí laktace/otelení a vrstevnic H75-H100 z kkuv podle čísla stájí
5. Zavedení proměnné *cysty* s hodnotami 1 pro „nemocné“ a 0 pro „zdravé“ krávy
6. Vyřazení údajů krav s *cysty* = 0, které byly vyřazeny dříve, než dokončily alespoň 150. den laktace.
7. Efekt chov*rok otelení -> vyřazení chovů*roků otelení s výskytem cyst <0,01
8. Efekt sezóna*chov*rok otelení; sezóna ZIMA (září –únor), LÉTO (březen – srpen)
9. Výpis souboru fenotypů (kráva – sezóna*stádo*rok otelení – pořadí otelení – *cysty*) *cys.dt*
10. Výpis souboru rodokmenů (kráva – otec – matka) *rodo.rk*
11. Výpis souboru genotypovaných zvířat *snp*
12. Přečíslování vypsaných souborů programem RENUMF90 (parametrický soubor 10.3)
13. Odhad genomických plemenných hodnot programem BLUP90IOD2 (parametrický soubor 10.4)
14. Odhad spolehlivostí plemenných hodnot programem ACCF90GS (parametrický soubor 10.5)

10.3 Parametrický soubor pro RENUMF90

```
# parametricky soubor pro renum CYSTY
DATAFILE
cys.dt
TRAITS
4
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1              # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
0.072962
EFFECT
2 cross alpha   #poradi laktace
EFFECT
3 cross alpha   #hys
EFFECT
1 cross alpha   #animal
RANDOM
animal
OPTIONAL
pe
FILE
rodo.rk
SNP_FILE
snp
(CO)VARIANCES
0.0016537
(CO)VARIANCES_PE
0.0019717
OPTION missing -999
OPTION saveDiagG            #ulozeni diagonaly pro ACC
```

10.4 Parametrický soubor pro BLUPF90IOD

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           1
NUMBER_OF_EFFECTS
           4
OBSERVATION(S)
    1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 2         3 cross
 3       422 cross
 4    194183 cross
 4     194183 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.72962E-01
 RANDOM_GROUP
     3
 RANDOM_TYPE
 add_an_upginb
 FILE
renadd03.ped
(CO)VARIANCES
  0.16537E-02
 RANDOM_GROUP
     4
 RANDOM_TYPE
 diagonal
 FILE
(CO)VARIANCES
  0.19717E-02
OPTION SNP_file vse
OPTION missing -999
#OPTION saveDiagG
```

10.5 Parametrický soubor pro ACC90GS

```
# BLUP90IOD2 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           1
NUMBER_OF_EFFECTS
           4
OBSERVATION(S)
    1
WEIGHT(S)
 EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 2         3 cross
 3       422 cross
 4    194183 cross
 4     194183 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.72962E-01
 RANDOM_GROUP
```

```
     3
 RANDOM_TYPE
 add_an_upginb
 FILE
renadd03.ped
(CO)VARIANCES
  0.16537E-02
 RANDOM_GROUP
     4
 RANDOM_TYPE
 diagonal
 FILE

(CO)VARIANCES
  0.19717E-02
OPTION SNP_file vse
OPTION missing -999
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION cg 2
OPTION anim 3
OPTION pe 4
OPTION model animal
```

10.6 Genomické plemenné hodnoty

10.6.1 Popis použitého souboru

Genomické plemenné hodnoty byly odhadnuty na souboru, který zahrnoval údaje o holštýnských kravách chovaných ve stádech evidujících výskyt této zdravotní poruchy v Deníku nemocí a léčení. Do vlastního vyhodnocení bylo zahrnuto 56 995 krav s podílem holštýnského genotypu od 75 % výše (H75 – H100), které dosáhly 97 680 laktací s laktační incidencí ovariálních cyst 9.18 %. Otelily se v letech 2017 až 2022. CYS byly sledovány v období od otelení do 305. dne laktace, která musela trvat minimálně 150 dní u laktací, kde se CYS nevyskytly, a nejméně 30 dnů u krav otelených v roce 2022, kde byla tato podmínka rozvolněna, aby se do výpočtu dostala data o mladých genotypovaných prvotelkách.

Tab. 4. Struktura záznamů v Deníku nemocí a léčení využitelných k hodnocení výskytu ovariálních cyst

kód	Diagnóza	četnost	%
2.05.02.04.	Ovariální cysta	1 695	7,40
2.05.02.04.01.	Folikulární cysta na vaječnících	431	1,88
2.05.02.04.02.	Luteální cysta na vaječnících	158	0,69
2.05.02.04.03.	Cysty = Syndrom ovariálních cyst	17 127	74,80
2.05.02.04.04.	Cysta na levém vaječníku	1 366	5,97
2.05.02.04.05.	Cysta na pravém vaječníku	2 115	9,24
2.05.02.04.06	Prasknutí cysty	4	0,02

10.6.2 Metoda odhadu genomických plemenných hodnot

Pro odhad genomických plemenných hodnot byl použit jednoznakový lineární animal model a jednokroková metoda genomického odhadu ssGBLUP (Misztal et al. 2018). Variančně-kovarianční matice byla odhadnuta metodou AIREML, výsledné parametry jsou uvedeny v Tab. 3. Genetické parametry pro výskyt ovariálních cyst.

Modelová rovnice měla tvar:

$$CYS_{ijkl} = \mu + PO_i + HYS_j + a_k + pe_l + e_{ijl},$$

Kde CYS_{ijkl} – je zaznamenaný výskyt ovariálních cyst v období od otelení do 305. dne laktace, vyjádřený jako 0/1; μ – populační průměr; PO_i – pevný vliv i-tého pořadí otelení se třemi hladinami: 1 – první, 2 – druhé, 3 – třetí a další; HYS_j – pevný vliv j-tého stáda x roku x období (422 hladin, 79 chovů, roky otelení 2017 – 2022, 2 období září – únor, březen – srpen); a_k – náhodný přímý genetický vliv k-tého jedince (rodokmen sestaven do 3. generace předků; podle použité genomické matice se počet jedinců pohyboval v intervalu 135 205 – 194 183 jedinců); pe_l – náhodný vliv trvalého prostředí l-té matky (56 995 krav); e_{ijkl} – náhodný reziduální vliv.

Základní editace a příprava datových souborů, zpracování výsledků a statistické vyhodnocení bylo provedeno programem SAS 9.4. (SAS. 2016). Pro odhad genetických parametrů a plemenných hodnot byl použit programový balík BLUPF90 (Misztal et al. 2018).

10.6.3 Genomická matice

Při odhadu genomické plemenné hodnoty byly postupně zařazovány do výpočtu různé skupiny genotypovaných zvířat, protože vzhledem ke struktuře zdravotních dat (relativně krátké období sledování, malý podíl sledujících chovů, který dosahuje cca 1/3 chovů v kontrole užitkovosti) nebylo jasné, zda budou dostačujícím podkladem pro stabilní odhad při propojení se všemi dostupnými genotypy.

1. Genotypovaní býci

První skupinou zařazenou do odhadu byli genotypovaní býci, včetně mladých býčků – kandidátů selekce. Jejich věková struktura je uvedena v Tab. 1. Průměrná spolehlivost odhadu po zařazení genotypovaných býků vzrostla oproti konvenčnímu odhadu jen nepatrně (< 1 p.b.), významně však narostla spolehlivost plemenných hodnot býků, kteří figurovali jako otcové dojnic s fenotypem (8 p.b.), a také mladých býčků – kandidátů selekce – narozených v letech 2021-2022 (viz Tab. 5). Rozdělení plemenných hodnot zůstalo velmi podobné s mírným posunem průměru směrem k nule (viz Obr.

2. Genotypovaní býci a genotypované krávy s vlastním fenotypem

Genotypy býků byly doplněny genotypy krav, které měly vlastní fenotypový údaj (záznam o výskytu ovariálních cyst; věková struktura krav s genotypem i fenotypem viz Tab. 5), anebo se vyskytovaly v rodokmenu zvířat s vlastním fenotypovým údajem (celkem 12 734 plemenic). Zařazení krav s fenotypem nepatrně zlepšilo celkovou spolehlivost odhadu (< 1 p.b.), vzrostla také průměrná spolehlivost odhadu u genotypovaných zvířat. Významný byl zejména nárůst spolehlivosti odhadu u krav s fenotypem, kde krávy bez genotypu měly spolehlivost cca poloviční ve srovnání s kravami genotypovanými (Tab. 5). Průměrná plemenná hodnota se opět posunula směrem k normálnímu rozdělení s průměrem 0 (obr. 2).

3. Genotypovaní býci, genotypované krávy s vlastním fenotypem a genotypované jalovice

Do genomické matice byly přidány genotypované jalovice – kandidátky selekce – s rokem narození 2021-2022, celkem 15 247 zvířat. Zařazení jalovic vedlo k mírnému poklesu průměrné spolehlivosti odhadu GEPH býků, a to jak v průměru, tak u otců krav s fenotypem, což lze připisovat rozšíření počtu jedinců v rodokmenu napojených na jalovice s minimální informací o fenotypu. Mírně (o 1 p.b.) poklesla i průměrná spolehlivost odhadu GEPH u mladých býčků, kde dosáhla 14 %, zatímco u mladých jalovic byla na úrovni 17,5 %, což lze považovat za výsledek jejich lepšího propojení s populací. Po zařazení genomických jalovic se průměrná GEPH výrazně nezměnila, došlo však k poklesu jedinců s nulovým odhadem GEPH (jedinci figurující jako předci v poslední generaci, s menším propojením, minimem přiřazených informací a nízkou spolehlivostí odhadu) pod 15 %.

4. Kompletní genomická matice

Zapojení kompletní genomické matice vedlo k mírnému navýšení průměrné spolehlivosti odhadu, k dalšímu poklesu průměrné spolehlivosti u býků a nárůstu spolehlivosti u krav. V podstatě všechny parametry (průměrná GEPH, průměrná spolehlivost) zůstaly srovnatelné s předchozím odhadem. Pozitivně lze vnímat, že počet jedinců s minimální spolehlivostí dále klesl pod 12 %.

5. Genomická matice ořezaná zleva

Vlivem selekce dochází k vychýlení plemenných hodnot (rozdíl mezi odhadem PH a modelovanou fenotypovou hodnotou) a zvířata genotypovaná v období vzdáleném od současné populace mohou zkreslovat genetické trendy. Toto vychýlení lze překonat různými způsoby, mimo jiné oříznutím genomických dat prostřednictvím vyřazení dříve narozených jedinců (Koivula et al. 2022). V našich datech jsme vyřadili genotypované jedince narozené před rokem 2005, což byli zejména AI býci a jedinci bez udaného roku narození. Ořezání matice vedlo k mírnému nárůstu průměrné spolehlivosti odhadu, a to zejména ve skupině býků, kde se odrazilo vyřazení starých jedinců s malým podílem informací.

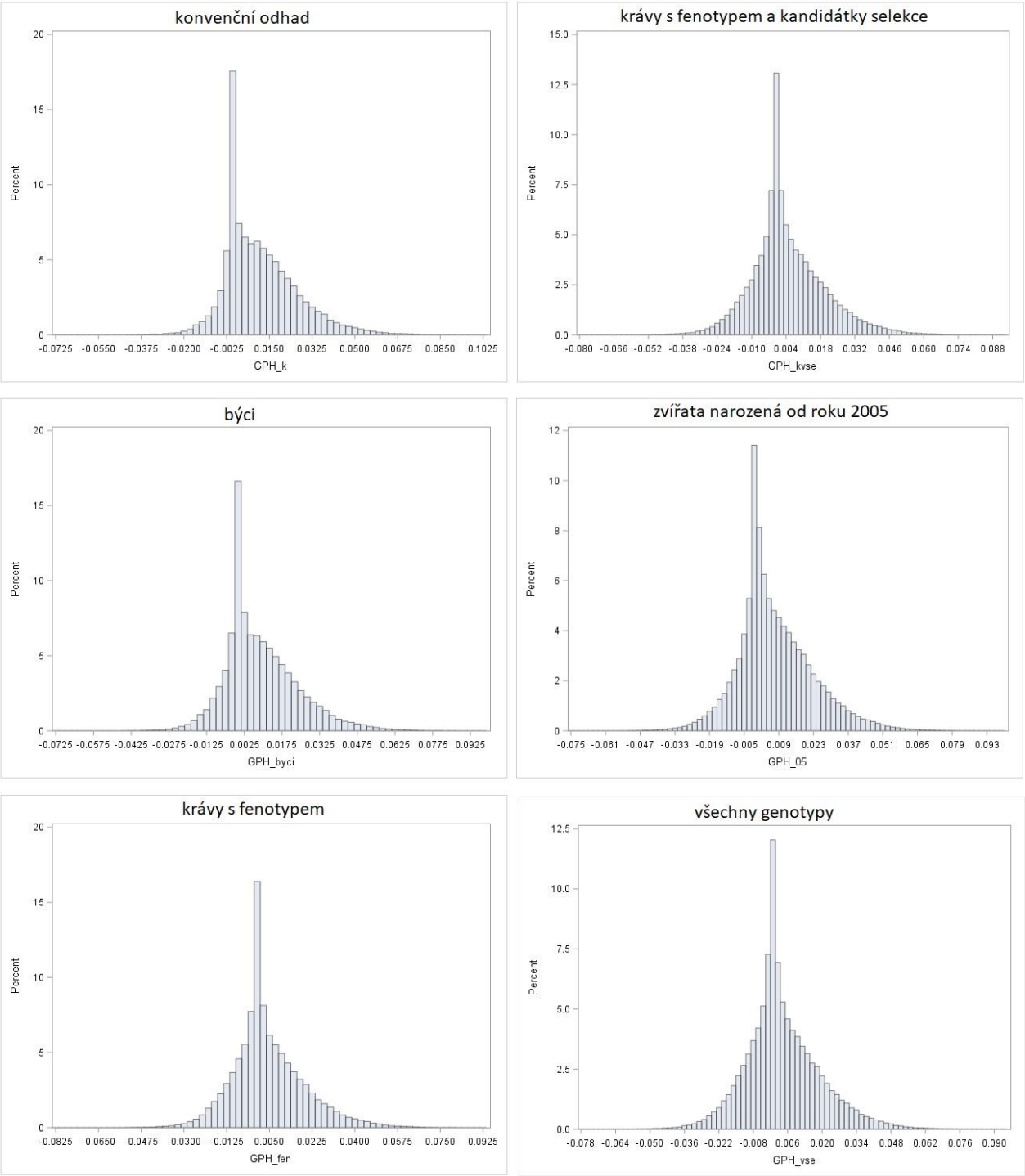
Tab. 5. Spolehlivosti odhadu genomických plemenných hodnot (v závorce počty zvířat v jednotlivých kategoriích)

Genomická matice	Konvenční	Býci	Býci, krávy s fenotypem	Býci, krávy s fenotypem, selekční kandidáti	Všechny genotypy	Genotypovaná zvířata narozená od roku 2005
Průměr	0,067	0,071	0,076	0,083	0,092	0,094
Býci	0,010 (8 795)	0,119 (8 795)	0,108 (8 851)	0,091 (8 956)	0,088 (9 206)	0,098 (7 526)
Býci – otcové	0,164 (1 185)	0,242 (1 185)	0,242 (1 185)	0,228 (1 185)	0,231 (1 185)	0,229 (1 185)
Krávy	0,068 (126 410)	0,068 (126 410)	0,074 (126 777)	0,083 (159 518)	0,092 (184 977)	0,093 (181 096)
Krávy s F	0,102 (56 995)	0,110 (56 995)	0,115 (56 995)	0,117 (56 955)	0,120 (56 995)	0,119 (50 995)
- krávy F+G	x	x	0,203 (6 622)	0,192 (6 622)	0,190 (6 622)	0,187 (6 622)
- krávy F bez G	x	x	0,104 (50 373)	0,107 (50 373)	0,111 (50 373)	0,110 (50 373)
Genotypovaní	x	0,167 (5 607)	0,178 (12 734)	0,159 (31 049)	0,169 (45 604)	0,171 (44 471)
Selekční kandidáti	x	0,152 (314)	0,155 (314)	0,175 (15 561)	0,171 (15 561)	0,170 (15 561)
- býčci	0,029 (314)	0,152 (314)	0,155 (314)	0,141 (314)	0,134 (314)	0,134 (314)
- jalovice	x	x	x	0,175 (15 247)	0,172 (15 247)	0,171 (15 247)

Tab. 6. Odhadované genomické plemenné hodnoty pro výskyt ovariálních cyst

	N	Průměr ± SD	PH minimum	PH maximum
Konvenční	135 205	0,011 ± 0,015	-0,073	0,103
SNP býci	135 205	0,009 ± 0,015	-0,073	0,098
SNP býci, krávy F	135 628	0,004 ± 0,015	-0,082	0,093
SNP býci, krávy, jalovice	168 474	0,005 ± 0,015	-0,081	0,092
SNP vše	194 183	0,004 ± 0,015	-0,078	0,094
SNP 2005	188 622	0,007 ± 0,015	-0,075	0,099

Obr. 2. Rozdělení genomických plemenných hodnot se zařazením různých skupin genotypovaných zvířat



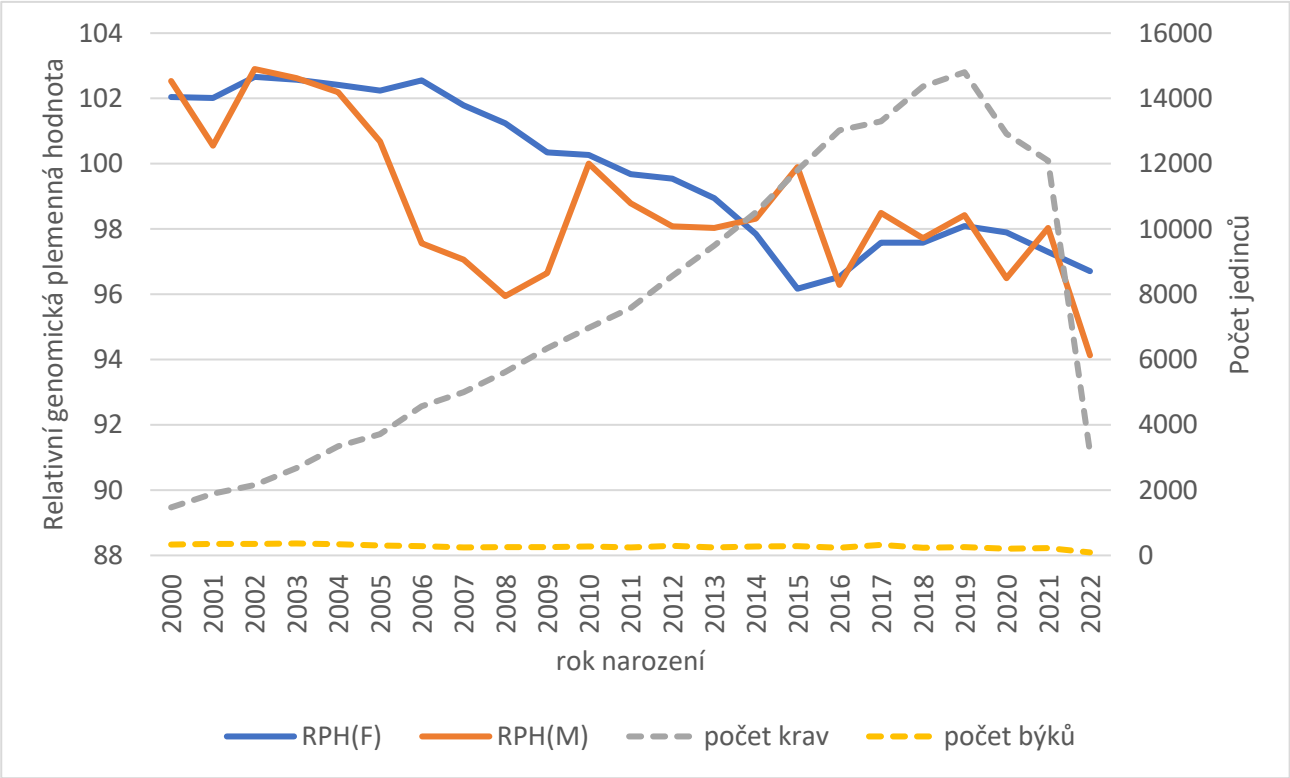
Souhrnem lze konstatovat, že nejvýraznější vliv mělo zavedení genomických údajů býků a krav s vlastním fenotypem, ať už na průměrnou spolehlivost odhadu, tak na spolehlivost odhadu jednotlivých skupin. Zařazení různých skupin genotypovaných krav nevedlo k výrazným změnám, odhady byly prakticky srovnatelné. To vyjadřují i korelace mezi GEPH získanými jednotlivými odhady. Nejmenší je korelace konvenčních PH se všemi GEPH, zatímco odhady s různou kombinací genotypovaných krav jsou vzájemně korelovány z 96 a více procent (Tab. 7).

Tab. 7 Korelace mezi genomickými plemennými hodnotami tříděnými podle skupin genotypů

	Konvenční	Býci	Krávy F	Krávy vše	Vše > 2004	Vše
Konvenční	1,00	0,96	0,89	0,89	0,90	0,87
býci			0,94	0,93	0,92	0,91
Krávy F				0,99	0,96	0,97
Krávy vše					0,96	0,97
Vše > 2004						0,98
vše						1,00

Průměrné relativní GEPH podle ročníku narození byly vyneseny do grafu pro znázornění genetického trendu. Při průměru GEPH 100 lze konstatovat postupné zhoršování genetického založení pro odolnost vůči ovariálním cystám, které se dlouhodobě pohybuje pod průměrem jak v samčí, tak i v samičí části populace (viz Obr. 3).

Obr. 3. Genetický trend pro odolnost vůči ovariálním cystám



10.6.4 Fenotypový projev dcer hodnocených býků

Z výše uvedených býků s GEPH se spolehlivostí nad 0,05 byly vytvořeny skupiny dolního a horního percentilu (P10, P90) a dolního a horního kvartilu (Q25, Q75). Skupina s geneticky daným nízkým výskytem CYS zahrnovala býky s relativní GEPH nad 107 (Q75) resp. 117 (P90). Skupina s geneticky daným vysokým výskytem CYS zahrnovala býky s relativní GEPH pod 79 (P10) resp. 89 (Q25). Vybráno bylo 113 býků pro percentily a 282 býků pro kvartily. Všechny skupiny býků měly v průměru podobnou spolehlivost odhadu GEPH (viz Tab. 8).

Tab. 8. Výskyt dcer s CYS u býků podle relativních plemenných hodnot s minimální spolehlivost 0,05.

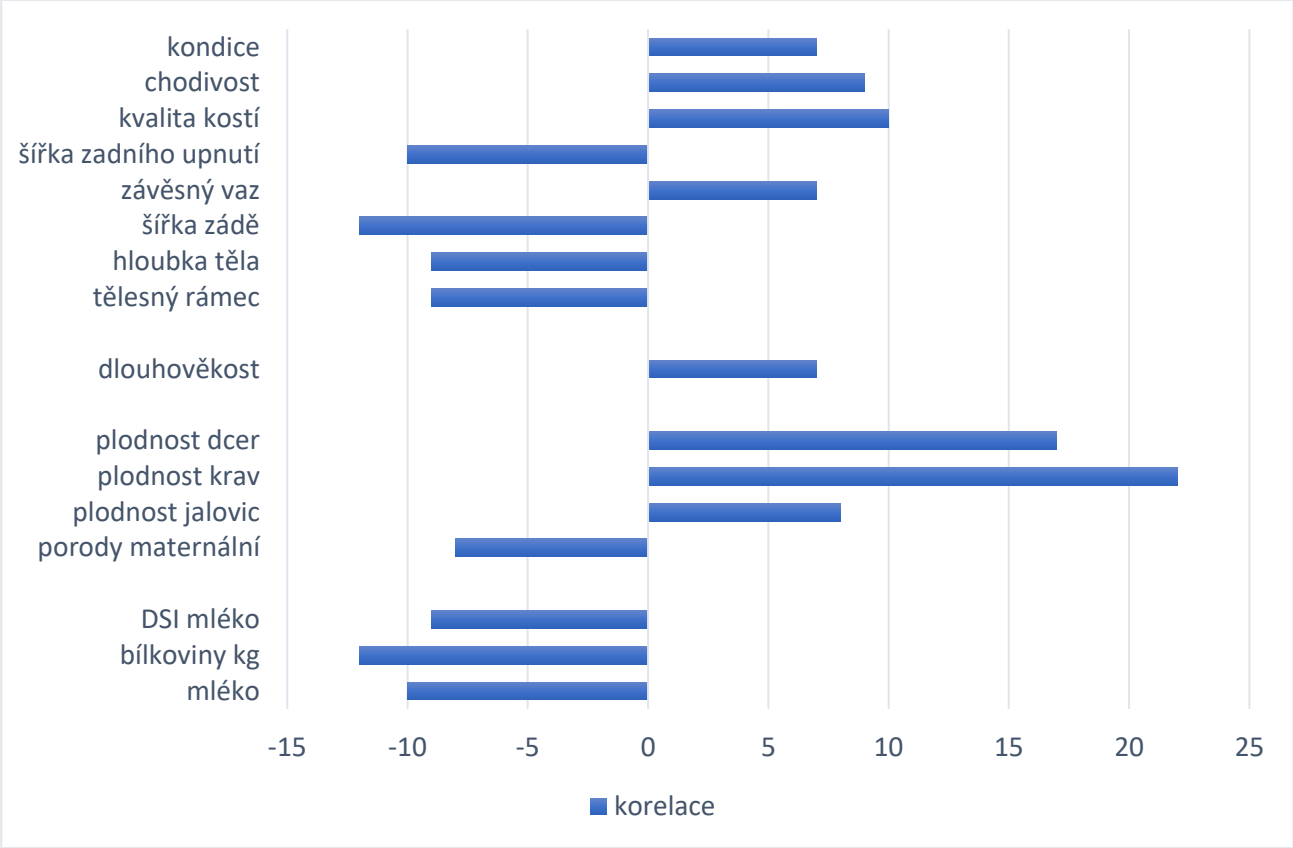
	N	Spolehlivost	Low	Průměr	Top
P10	113	0,27	0,14	0,08	0,06
Q25	282	0,25	0,12	0,08	0,06

U potomků nejlepších býků najdeme shodně po 6 % dcer s výskytem ovariálních cyst (2 % pod průměrem souboru). U potomků nejhorších býků je to 12-14 % dcer postižených CYS, což je 4 – 6 % nad průměrem populace.

10.6.5 Korelace GEPH s plemennými hodnotami pro vlastnosti v rutinním odhadu

Korelace mezi plemennými hodnotami slouží jako aproximace genetických korelací mezi vlastnostmi. Její hodnota je však závislá na spolehlivosti odhadu plemenných hodnot, proto je třeba posuzovat získané výsledky s rozvahou. Statisticky významné korelace se znaky mléčné užitkovosti, plodnosti, exteriéru a s dlouhověkostí ilustruje Obr. 3.

Obr. 3. Korelace GEPH pro CYS s ostatními vlastnostmi v rutinním odhadu



Nejvyšší zjištěné korelace (> 20 %) byly zjištěny mezi CYS a plodností krav (dcer, jalovic), a odpovídají očekávanému stavu, kdy genetické založení pro vyšší odolnost vůči vzniku cyst se pojí s genetickým založením pro vyšší plodnost. I na úrovni korelace plemenných hodnot se ukazuje nepříznivá genetická vazba mezi CYS a produkcí mléka či bílkovin (kg)., negativní vazba se odrazila i ve vztahu CYS k dílčímu selekčnímu indexu pro produkci mléka. Slabší ale statisticky průkazná negativní vazba byla zjištěna mezi CYS a maternálním průběhem porodu. Slabší pozitivní vazba byla mezi odolností vůči CYS a dlouhověkostí.

Několik statisticky významných korelací bylo nalezeno mezi CYS a znaky exteriéru. Genetické založení pro vyšší odolnost vůči CYS bylo v korelaci s genetickým založením pro menší tělesný rámec, mělčí trup, užší záď, výraznější závěsný vaz, užší zadní upnutí, jemně utvářené kosti, vyšší tělesnou kondici a chodivost.

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

Název: Odhad genomických plemenných hodnot pro odolnost vůči vzniku ovariálních cyst se zahrnutím krav s domácím fenotypem do referenční populace

Autoři: Ing. Eva Kašná, Ph.D. (60 %)
Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. (25 %)
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (15 %)

Oponenti: Ing. Zdeňka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha

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

Dedikace: Certifikovaná metodika byla vypracována v rámci řešení projektu NAZV QK1810253.

ISBN 978-80-7403-280-6

Vydáno bez jazykové úpravy.

© 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