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

Emil Krupa
Eliška Žáková
Zuzana Krupová
Jiří Bauer

ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO UKAZATELE KVALITY SPERMATU A LIBIDO KANCŮ

2023 CERTIFIKOVANÁ METODIKA

ISBN 978-80-7403-295-0

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

Odhad genomických plemenných hodnot pro ukazatele kvality spermatu a libido kanců

Autoři

Ing. Emil Krupa, Ph.D.

Ing. Eliška Žáková, Ph.D.

Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.

Ing. Jiří Bauer, Ph.D.

Oponenti

Doc. Ing. Karel Mach, CSc.

Emeritní docent, fakulta agrobiologie, potr. a přírodních zdrojů
Česká zemědělská univerzita, Praha

Ing. Zdeňka Majzlíková

Česká plemenářská inspekce, Praha

Metodika je výsledkem řešení projektu NAZV QK1910217

Předkladatel: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

se sídlem Přátelství 815, 104 00 Praha Uhříněves

zastoupený Dr. Ing. Pavlem Čermákem, ředitelem

Tel.: 00420 267 009 511 (ústředna)

Fax: 00420 267 710 779

www: http:/www.vuzv.cz

e-mail: vuzv@vuzv.cz

Zástupcem autorského týmu je Ing. Emil Krupa, Ph.D.

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

6056/2023-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 ukazatele kvality spermatu a libido kanců

Autor / autoři: **Ing. Emil Krupa, Ph.D., Ing. Eliška Žáková, Ph.D., Ing. Zuzana Krupová, Ph.D., Ing. Jiří Bauer, 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: **2023**

Metodika byla vypracována v rámci výzkumného projektu č. **NAZV QK1910217**

„Vytvoření referenční populace a vývoj postupů pro odhad genomických plemenných hodnot znaků prasat zařazených do Českého národního šlechtitelského programu“.

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy: Ing. Zdenka Majzlíková

Funkce zástupce odborného útvaru státní správy: ředitelka

V Praze dne 22. 8.2023

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

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

Souhlas ředitele Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V ....PRAZE..... dne ....22. 8. 2023....

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

Obsah

I. Cíl metodiky 6
II. Vlastní popis metodiky 6
II.1. Úvod 6
II.2. Vstupní parametry pro genetické hodnocení 7
II.2.1. Hodnocené znaky kvality spermatu a libido 7
II.2.2 Odhad genetických / genomických parametrů 8
II.3. Genetické parametry 13
II.4. Odhad plemenných hodnot 14
II.5 Technické provedení odhadu plemenných hodnot 15
II.A. Příloha 24
III. Srovnání novosti postupů 24
IV. Popis uplatnění metodiky 24
V. Ekonomické aspekty 25
VI. Seznam citované literatury 25
VII. Seznam publikací, které předcházely metodice 26
VIII. Jména oponentů 26
IX. Dedikace 26

I. Cíl metodiky

Cílem předkládané metodiky bylo zhodnotit a kvantifikovat všechny dostupné vlivy působící na reprodukční znaky kanců a následně vypracovat postup pro odhad genomických parametrů a genomických plemenných hodnot pro znaky kvality spermatu (objem spermatu, koncentrace spermií, jejich motilita, počet abnormálních spermií, počet funkčních a počet všech spermií) a libido kanců zařazených ve šlechtitelském programu CzePig, a to na základě využití SNP dat.

II. Vlastní popis metodiky

II.1. Úvod

Inseminace prasnic se stala velmi užitečným nástrojem využívaným v chovu prasat. Vedle klasických produkčních a reprodukčních vlastností prasnic zde hrají důležitou roli vlastnosti spermatu a libido kanců. Důraz na lepší kvalitu a kvantitu spermatu může být přínosný jednak z hlediska ekonomiky inseminačních stanic (González-Peña et al., 2015) i v kontextu rentability integrovaného systému chovu prasat (Krupa et al., 2020). Bylo např. zjištěno, že kanci s vyšším celkovým počtem spermií měli geneticky lepší libido a pohyblivost spermií (Chang et al., 2017). Zlepšení těchto funkčních znaků by proto mohlo ovlivnit odvětví chovu prasat v jeho komplexnosti.

Odhad plemenných hodnot znaků kvality spermatu a hodnocení libida má za cíl odrážet genetický potenciál zvířat v těchto vlastnostech. Odhadnuté genetické parametry užitkových vlastností prasat poskytují užitečné informace pro vytvoření komplexního šlechtitelského schématu u čistokrevných otcovských (Ogawa et al., 2022) a mateřských plemen (Diniz et al., 2014; Wolf a Smital, 2009) a různých linií prasat, tj. kříženců (Marques et al., 2017; Smital et al., 2005). Studie zaměřené na genetické hodnocení kvality spermatu se liší rozsahem i způsobem vyjádření produkce a kvality spermatu. Přímo měřené znaky jsou reprezentovány zejména objemem spermatu, koncentrací spermií vyjádřenou v procentech (Wolf a Smital, 2009), pohyblivosti spermií, nebo a progresivní pohyblivostí spermií (Marques a kol., 2018). Dále jsou zkoumány abnormální spermie jako celkový počet (Marques et al., 2018) a v procentech (Wolf a Smital, 2009; Marques et al., 2017), podíl morfologicky normálních spermií (alternativa k výše uvedeným; Ogawa et al., 2022) a různé charakteristiky definující morfologické abnormality spermií (Zhao et al., 2019). Znaky odvozené z přímých měření zahrnují celkový počet spermií v ejakulátu (Ogawa et al., 2022; Wolf a Smital, 2009), i logaritmicky transformovaný celkový počet spermií (Marques a kol., 2017), počet funkčních spermií a počet inseminačních dávek (Smital et al., 2005).

V současné době se jeví jako základní úkol genetického hodnocení implementovat molekulární informace do rutinního šlechtitelského procesu, aby se zvýšil genetický pokrok těchto znaků. Detekce a aplikace nových kandidátních genů charakterizujících kvalitu spermatu pro maskérově asistovanou selekci začíná být využívána k tomu, aby přinesla informace pro selekci kanců v jejich raném věku (Diniz et al., 2014). Molekulární techniky otevírají možnost hlubšího studia a pochopení genetických mechanismů, drah a komplexních procesů stojících za produkcí spermatu a kvalitativními znaky (např. Ogawa et al., 2022), a to i s ohledem na sezónní variabilitu znaků u zvířat (Gòdia et al., 2019). Znaky kvality spermatu se staly součástí šlechtitelského cíle a selekčního indexu (CPH) otcovských plemen prasat v ČR v roce 2021 (Krupová et al., 2021). Začlenění do šlechtění předcházel průzkum preferencí těchto znaků u lokálních šlechtitelů (Krupová et al., 2017) a výpočet jejich přímého ekonomického významu, tj. ekonomických vah (Krupa et al., 2020). Dřívější genetické hodnocení (Wolf a Smital, 2009)

rovněž poukazovalo na to, že by se měl klást optimální důraz na související (korelované) plemenné hodnoty. V současné době probíhá v ČR pro znaky kvality spermatu rutinní genetické hodnocení metodou BLUP za využití animal modelu, a to na základě prací Smital et al. (2005) a Wolf a Smital (2009).

Technická poznámka:

Odhad plemenných hodnot se provádí v operačním systému LINUX. Celkový přehled technického postupu při odhadu plemenných hodnot pro znaky kvality spermatu je uveden v kapitole II.5.

II.2. Vstupní parametry pro genetické hodnocení

II.2.1. Hodnocené znaky kvality spermatu a libido

Zdrojem dat jsou soubory fenotypových hodnot a rodokmenu poskytnuté Svazem chovatelů prasat, z.s. (SCHP) a data obsahující SNP, která byla pořízena v rámci řešení projektu NAZV – QK1910217. Data pro odhad genetických parametrů, která poskytl SCHP, byla rutinně shromažďována z inseminačních stanic v letech 2010 a 2022 pro genetické hodnocení v rámci programu CzePig – českého národního programu pro šlechtění prasat. Celkem bylo v hodnoceném období vykonáno 109 836 odběrů spermatu. Data obsahují ejakuláty a sexuální chování kanců (libido) dvou mateřských plemen (české bílé ušlechtilé – CBU, česká landrace – CL), a tří otcovských plemen (duroc – DC, bílé otcovské – BO a pietrain – PN). Následně byly z původního souboru dat vytvořeny dvě skupiny dle plemene, tj. mateřská (M) a otcovská (O) plemena. Data byla shromážděna na dvanácti inseminačních stanicích.

Celkem bylo analyzováno sedm znaků popisujících reprodukci kanců. Za základní znaky byly považovány:

- objem spermatu (OB) měřený v mililitrech
- koncentrace spermií (KO) měřená jako 10^3 buněk na mm^3
- pohyblivost (MO) měřená jako podíl spermií pohybujících se přímočaře
- abnormální spermie (AB) měřené jako podíl deformovaných nebo jinak defektních spermií
- libido (LI) vyjadřující ochotu skočit na fantomovou prasnici a měřené subjektivně na pětibodové stupnici, kde 0 = neskočil, 1 = nevyhovující, 2 = podprůměrné, 3 = průměrné, 4 = velmi dobré, 5 = výborné.

Zbylé dva znaky spermatu byly odvozeny od základních znaků:

Celkový počet spermií na jeden odběr kance (CPS) ve 10^9 spermiích jako:

$$TNS = SV * SC / 1000$$

Počet funkčních spermií na jeden odběr kance (PFS) ve 10^9 spermiích jako:

$$NFS = TNS * (MO/100) * (1 - AB / 100)$$

K dispozici byly reprodukční znaky pro 2 249 kanců. Předběžné analýzy znaků a faktorů byly na začátku provedeny v programu R project (analýza variance proběhla v balíku glm R-projekt). Pozorování znaků, které nesplňovaly minimální a maximální hodnoty, byly vyloučeny. Rovněž byli vyřazeni kanci s méně než 3 odběry spermatu. Hlavními faktory, které ovlivňují hodnocené znaky a vysvětlují hlavní podíl variability, byly věk kance při odběru, rok a měsíc odběru, interval mezi dvěma po sobě následujícími odběry a inseminační stanice. Odběry

získané před šestým měsícem věku a po 58 měsících byly vyloučeny. Interval 3 dny mezi dvěma po sobě následujícími odběry jednoho kance byl minimální hranicí pro zahrnutí znaků do vyhodnocení. Vliv věku kance byl rozdělen do tříd. Měsíční intervaly byly předpokládány až do 30 měsíců. Dvouměsíční intervaly byly vytvořeny pro kance s věkem od 31 do 40 měsíců. Pro zbytek dat byly vytvořeny třídy věku: 41-43, 44-47, 48-52 a 53-58 měsíců. Podobně byly třídy vytvořeny pro interval mezi dvěma po sobě následujícími odběry efektu: jednodenní třídy pro interval do 11 dnů. Ostatní denní intervaly byly sloučeny do následujících tříd: 12-13 dnů, 14-15 dnů, 16-20 dnů, 21-30 dnů a více než 30 dnů. Dvě inseminační stanice byly vyloučeny z důvodu nízkého počtu pozorování. Nakonec bylo pro další analýzy použito 82 670 odběrů spermatu od 1 209 kanců rozdělených do dvou skupin dle plemene (M a O).

II.2.2 Odhad genetických / genomických parametrů

Pro potřeby odhadu genetických parametrů byla k dispozici SNP data od 1718 jedinců narozených v letech 2005 až 2022. Jako zdroje DNA byly použity štětiny, zmrazené vzorky krve, vzorky ušní tkáně a vzorky použitých inseminačních dávek (v rutinním provozu se předpokládá využití zejména štětin a v malé míře inseminačních dávek). Všechny analýzy DNA byly provedeny v laboratoři genetiky Českomoravské společnosti chovatelů. DNA byla izolována metodou magnetických kuliček a metodou silikátových kolonek pro vzorky štětin a inseminačních dávek. DNA ze vzorků krve byla izolována pomocí mikroizolační soupravy GeneAll Exgene DNA (Gene-All Biotechnology, Jižní Korea). Po vyhodnocení kvality izolátů DNA (standardní měření koncentrace a čistoty a další kontrolní kroky založené na spektrofotometrii, multiplexní PCR a elektroforéze) byly vybrané izoláty DNA aplikovány na čipy PorcineSNP60 v2 BeadChips (61 565 SNP), resp. na GGP Porcine 50k (50 697 SNP). Průměrná hodnota „call rate“ (vyjadřuje podíl identifikovaných SNP ze všech dostupných SNP na chipu pro každé zvíře) byla 0,99, 0,97 a 0,94 pro štětinky, krevní vzorky a inseminační dávky. V dalších analýzách byla použita zvířata s call rate >0,90 (i v rutinním odhadu plemenných hodnot se počítá s minimálním call rate na úrovni 0,90). V dalších analýzách byly použity pouze ty SNP, které byly identifikovány na obou čipech (dle názvu SNP bylo identifikováno celkem 32 897 SNP, které se nachází na obou čipech). V této studii byly zohledněny pouze SNP mapované na autosomálních chromozomech (tato podmínka bude rovněž implementována i do rutinního odhadu PH). Pro kontrolu kvality a následné analýzy byl použit software PLINK v. 1.9. Dalšími minimálními parametry kvality SNP byla P-hodnotou Hardyho-Weinbergovy rovnováhy >0,0001 a frekvence minoritních alel (MAF) >0,05. Po analýze kontroly kvality všech SNP byla pro další analýzu použita data od 1689 zvířat, která obsahovala 29 850 SNP. Všechny genotypy byly uloženy do databáze TheSNPpit, výkonného databázového systému pro správu rozsáhlých dat SNP.

II.2.3 Zhodnocení vlivů působících na znaky spermatu a libido

U kance mateřských plemen začal odběr v průměru ve věku 313 dnů, bylo celkově provedeno 54,79 odběrů za 411,67 dní s produkcí spermatu na 1,15 inseminačních stanicích. U kanců otcovských plemen platily uvedené průměrné charakteristiky: začátek odběrů ve věku 338 dní, na inseminační stanici pobývali 489,31 dnů, během tohoto období bylo provedeno 65,00 odběrů na 1,10 inseminační stanici. U obou skupin kanců proběhl nejvyšší počet odběrů v měsících březen a duben a v tomto období byly rovněž zaznamenány nejkratší intervaly mezi jednotlivými odběry. Základní informace o hodnocených souborech a vlastnostech jsou shrnuty v tabulce 1.

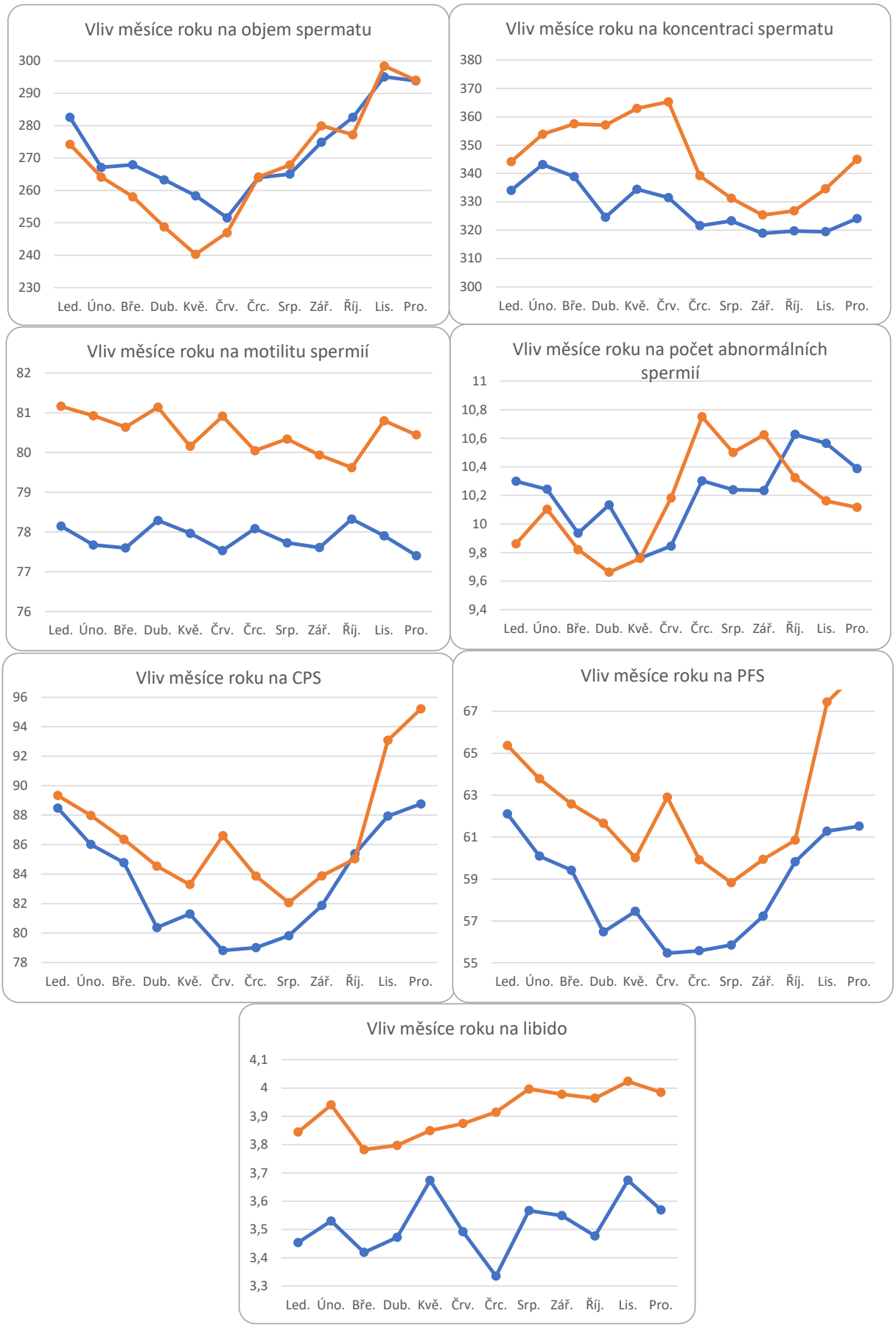
Tabulka 1. Základní statistiky objemu spermatu (OB), koncentrace spermatu (KO), motility (MO), počtu abnormálních spermií (AB), celkového počtu spermií (CPS), počtu funkčních spermií (PFS) a libida (LI) pro hodnocené soubory dat

Ukazatel (jednotka)	**M (mateřská plemena)**			**O (otcovská plemena)**		
	n kanců (n odběrů)	**Prům.**	**Stand. odch.**	**n kanců (n odběrů)**	**Prům.**	**Stand. odch.**
OB (ml)	591 (32 333)	271,29	107,28	377 (24 468)	250,60	97,93
KO ($10^{-3}/mm^3$)	590 (32 079)	357,29	148,90	376 (24 172)	399,75	152,26
MO (%)	591 (32 188)	77,16	6,56	377 (24 320)	76,95	7,46
AB (%)	586 (31 411)	10,25	5,00	375 (23 746)	9,87	5,36
CPS	590 (32 025)	90,99	40,22	376 (24 134)	94,89	39,32
PFS	590 (31 824)	63,16	28,14	376 (23 942)	65,91	27,76
LI	591 (32 384)	3,62	1,22	377 (24 505)	3,61	1,17

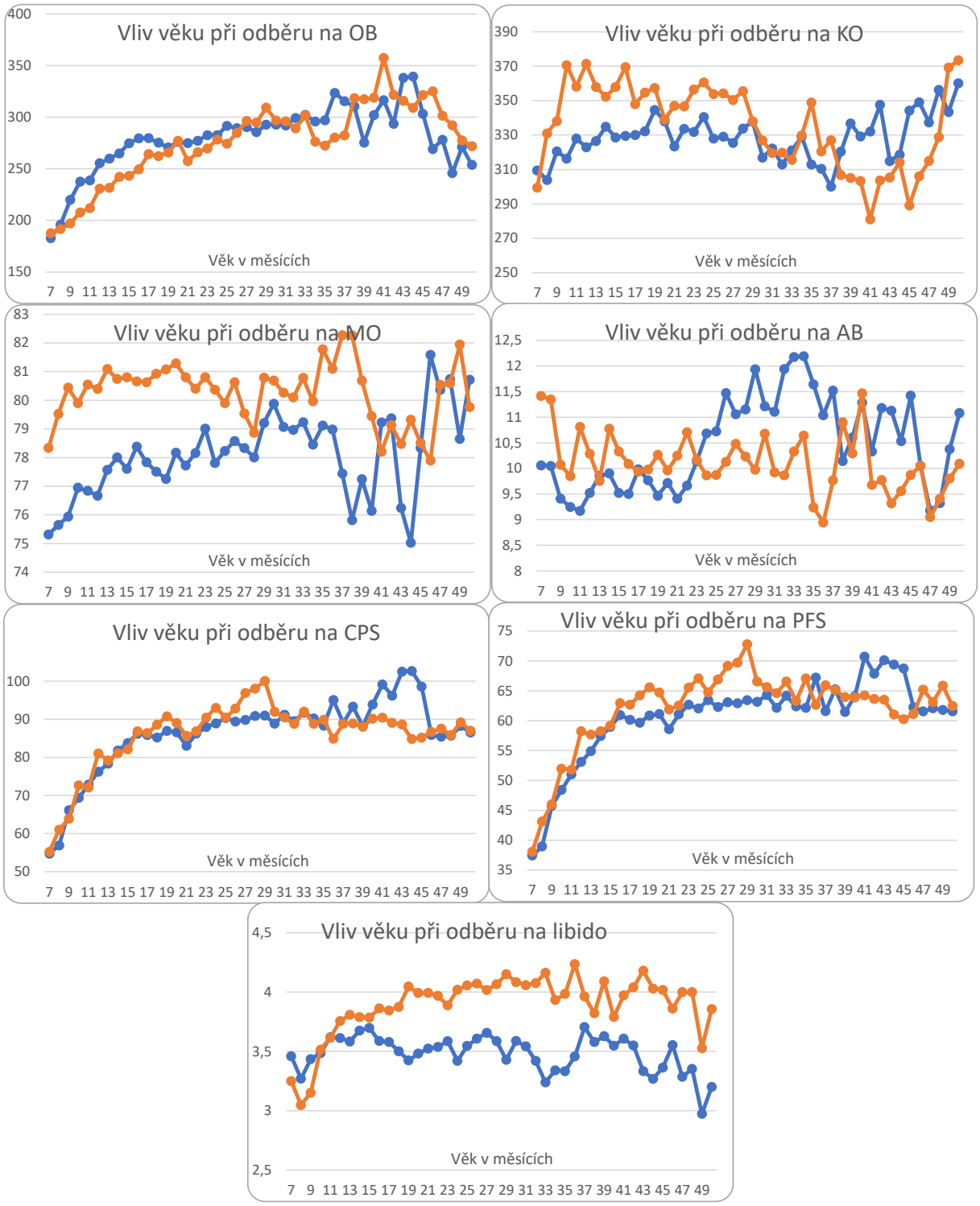
Rozdíly v průměrných hodnotách mezi soubory dat jsou patrné téměř u všech znaků. Kanci mateřských plemen dosahují vyšší objem spermatu a mírně vyšší pohyblivost, resp. počet abnormálních spermií. Na druhé straně kanci otcovských plemen dosáhli vyšší koncentrace spermií, a v důsledku toho dosáhli vyššího celkového počtu spermií a počtu funkčních spermií. Průměrná hodnota libida byla u obou souborů přibližně stejná.

Průměrný měsíční trend pro každý hodnocený znak v souborech dat za posledních dvaačtyřicet let (2010-2022) je shrnut v grafech č. 1. V průběhu roku došlo u všech datových souborů k poklesu OB od ledna do května, poté následovalo období nárůstu objemu až do prosince. Podobné trendy byly pozorovány také u CPS a PFS. Libido kanců otcovských plemen dosahovalo v průběhu roku vyšších hodnot než u kanců mateřských plemen. Na grafech č. 2 je znázorněn vliv věku kance při ejakulaci (v měsících) na jednotlivé hodnocené znaky. Přibližně do věku 41 měsíců dochází u všech kanců k nárůstu objemu spermatu. Po dosažení tohoto věku dochází k poklesu objemu. Za ideální věk kance pro produkci spermatu lze z hlediska většiny sledovaných znaků považovat interval mezi 18 a 28 měsíci věku. K výraznému nárůstu dochází pouze u znaku AB a u kanců mateřských plemen. Jako optimální se jeví interval 6 dnů mezi dvěma po sobě následujícími ejakulacemi. Kratší interval má obecně negativní vliv na hodnocené znaky. Prodloužení intervalu sice vede k částečnému zlepšení některých znaků (KO, CPS), ale zároveň vede ke zhoršení pohyblivosti spermií a libida. Vliv intervalu mezi následujícími odběry shrnují grafy č. 3.

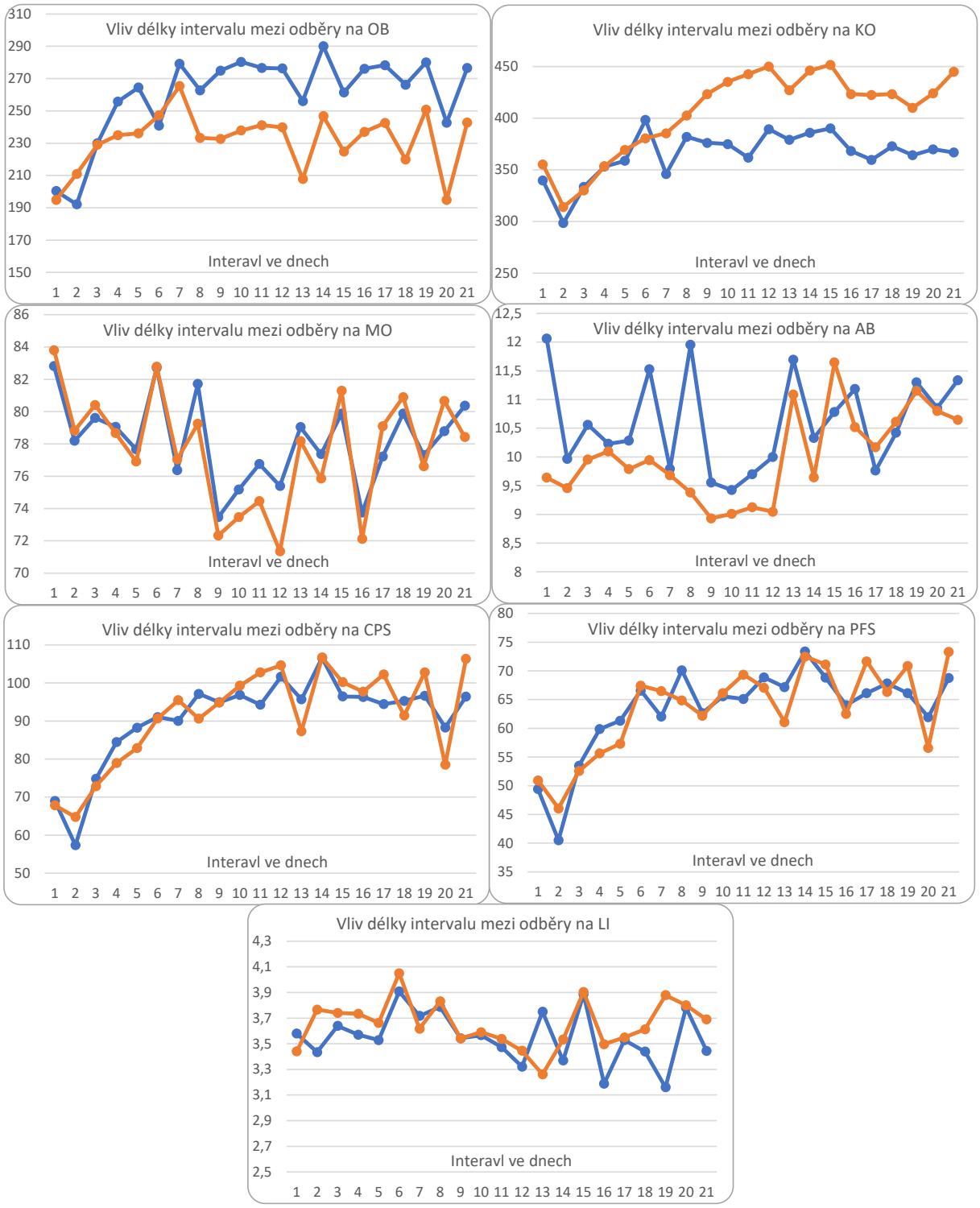
Grafy 1: Průměrné měsíční trendy pro každý znak a datový soubor (modrá čára = datový soubor M, oranžová čára = datový soubor O).



Grafy 2: Vliv stáří kance v měsících na jednotlivé znaky a datové soubory (modrá čára = datový soubor M, oranžová čára = datový soubor O)



Grafy 3: Vliv intervalu mezi dvěma odběry na jednotlivé znaky a datové soubory (modrá čára = datový soubor M, oranžová čára = datový soubor O)



Tabulky 2 a 3 ukazují vypočtené podíly zachycené variability vysvětlené použitými efekty pro každý hodnocený znak. Podíl vysvětlené variability zachycené modelem se u jednotlivých znaků a souborů dat lišil. Nejvyššího podílu bylo dosaženo pro znak pohyblivost (MO) v obou souborech dat (více než 60 %). Naopak nejnižší hodnoty byly pozorovány pro počet

abnormálních spermií kanců otcovských plemen (méně než 15 %). Obecně lze říci, že dostupné vlivy zachytily vyšší podíly variability u kanců mateřských plemen (kromě znaku OB) než u kanců otcovských plemen. Největší část variability byla vysvětlena kombinovaným efektem inseminační stanice a roku odběru spermatu. Rovněž je zapotřebí zmínit, že všechny efekty v každém modelu byly vysoce statisticky významné.

Tabulka 2. Podíl variance (v procentech) vysvětlený různými vlivy na objem spermií (OB), koncentraci spermatu (KO), motilitu (MO), počet abnormálních spermií (AB), celkový počet spermií (CPS), počet funkčních spermií (PFS) a libido (LI) a pro kance mateřských plemen (datový soubor M).

Ukazatel	OB	KO	MO	AB	CPS	PFS	LI
Měsíc odběru	1,82	0,36	0,07	0,07	0,67	0,62	0,20
Věk při odběru	5,80	0,61	0,64	2,34	4,03	3,85	1,38
Interval mezi dvěma odběry	3,28	1,77	4,86	0,72	4,95	4,47	1,00
Inseminační stanice-rok odběru	14,18	37,95	55,80	22,33	27,08	26,72	22,77
Plemeno	1,17	0,22	0,66	0,04	0,20	0,06	2,73
Residualní variance	73,75	59,09	37,98	74,49	63,08	64,28	71,93

Tabulka 3. Podíl variance (v procentech) vysvětlený různými vlivy na objem spermií (OB), koncentraci spermatu (KO), motilitu (MO), počet abnormálních spermií (AB), celkový počet spermií (CPS), počet funkčních spermií (PFS) a libido (LI) a pro kance otcovských plemen (datový soubor O).

Ukazatel	OB	KO	MO	AB	CPS	PFS	LI
Měsíc odběru	1.69	0.98	0.18	0.24	1.65	1.72	0.22
Věk při odběru	8.77	1.11	1.06	1.65	5.52	4.57	0.67
Interval mezi dvěma odběry	2.35	4.47	6.46	0.49	4.67	3.70	0.44
Inseminační stanice-rok odběru	16.63	20.28	52.73	12.89	16.25	16.88	17.00
Plemeno	3.31	0.50	0.54	0.04	1.50	1.25	0.31
Residualní variance	67.25	72.67	39.02	84.69	70.40	71.87	81.36

II.3. Genetické parametry

Genetické parametry reprodukčních znaků kanců byly odhadnuty pomocí metody ssGBLUP (single step genomic best linear unbiased prediction) a to zvlášť pro soubory dat: (M) tj. pro kance mateřských plemen (CBU, CL) a soubor (O), který zahrnoval kance otcovských plemen. Základní znaky spermatu a libido byly hodnoceny společně pomocí pětiznakového modelu zvířete. Jednoznakové modely byly použity pro odvozené znaky kvality spermatu (CPS, PFS). Pro každou metodu a soubor dat byl statistický model vytvořen následujícím způsobem:

$$Y_{ijklmno} = ym_i + age_j + int_k + sy_l + breed_m + p_n + a_n + e_{ijklmno},$$

kde y představuje hodnocený reprodukční znak kance měřený na o-tém odběru spermatu n-tého kance, m-tém plemeni, l-tý efekt inseminační stanice a roku odběru, k-tý efekt třídy intervalu mezi následnými odběry kanců, j-tý efekt třídy věku kance při odběru, i-tý efekt roku a měsíce odběru. P_n je trvalý enviromentální efekt kance, a_n je aditivní genetický efekt kance a $e_{ijklmno}$ představuje reziduální efekt. Genetické parametry byly odhadnuty pomocí metody VCE,

která je implementována v programu BLUPF90+. Výpočet byl terminován, když konvergoval k hodnotě 10^{-12} nebo byl dosažen (kritérium konvergence) při maximálně 2000 iteracích (průměrný počet iterací potřebných ke splnění kritéria konvergence byl ve všech odhadech menší než 750).

V tabulkách 4 a 5 jsou uvedeny odhadnuté genomické parametry pro hodnocené znaky. Koeficienty dědivosti (na diagonále) dosahovali pro mateřská a otcovská plemena podobných hodnot, kromě KO a LI. Samostatně jsou uvedeny znaky CPS a PFS. Nad diagonálou jsou uvedeny genomické korelace pro znaky, které byly odhadovány pětiznakovým animal modelem.

Tabulka 4. Koeficienty heritability (na diagonále) a genomické parametry (and diagonálou) pro hodnocené znaky mateřských plemen (soubor M)

	OB	KO	MO	AB	LI
OB	0,27	-0,58	-0,44	-0,15	0,46
KO		0,10	0,40	-0,02	-0,27
MO			0,14	-0,41	0,43
AB				0,23	-0,56
LI					0,12
CPS					0,15
PFS					0,15

Tabulka 5. Koeficienty heritability (na diagonále) a genomické parametry (and diagonálou) pro hodnocené znaky otcovských plemen (soubor O)

	OB	KO	MO	AB	LI
OB	0,25	-0,70	-0,24	0,24	0,40
KO		0,27	0,55	-0,41	-0,51
MO			0,11	-0,35	-0,52
AB				0,22	0,27
LI					0,31
CPS					0,12
PFS					0,15

II.4. Odhad plemenných hodnot

Odhad plemenné hodnoty se provádí programem BLUPF90+ (Misztal et al., 2018). Struktura modelové rovnice je popsaná v kapitole II.3. Všechny efekty kromě aditivně genetického efektu zvířete, permanentního efektu zvířete a zbytkového efektu jsou pevné. U aditivně genetického efektu zvířete se zohledňuje příbuzenská matice, která v sobě kombinuje rodokmenovou a genomickou matici příbuznosti. Pro všechny znaky byla spočtena spolehlivost plemenných hodnot pomocí programu ACCF90 (Misztal et al., 2018). Průměrná spolehlivost hodnocená na celým souboru dosahovala v závislosti na znaku 20–33 %. Spolehlivost odhadu plemenných hodnot hodnocená pouze u kanců dosahovala 33–59 %.

II.5 Technické provedení odhadu plemenných hodnot

II.5.1 Datový a rodokmenový soubor

Ke správnému běhu programu pro odhad plemenných hodnot jsou zapotřebí následující soubory: soubor rodokmenů, soubor dat a soubor SNP. Rodokmenový soubor by musí být uložen ve formátu: identifikace zvířete, otce a matky. Jednotlivé položky ve větě musí být odděleny mezerou. Pro všechny znaky se může použít jeden datový soubor, který obsahuje všechna požadovaná data. Data musí být v souboru uložena ve formátu: amcislo, měsíc odběru, věk při odběru, interval mezi odběry, OB, KO, MO, AB, CPS, PFS, inseminační stanice – rok odběru, plemeno zvířete. Jednotlivé položky v datové větě musí být odděleny mezerou. Sestavení jednotlivých efektů do intervalových skupin je popsáno v kapitole II.2.1. Každý znak, nebo efekt musí mít přiřazenou nějakou hodnotu. Pokud není uvedena, resp. není známa hodnota znaku, pak se místo 0 udává hodnota -9.

Před spuštěním odhadu plemenných hodnot se nejprve provede formování efektu inseminační stanice-rok v datovém souboru (program FORMHYS).

Soubor SNP dat bude ve správném formátu exportován z databáze TheSNPpit. Před každým spuštěním odhadu plemenných hodnot se provede kontrola kvality souboru SNP dat programem QCF90 (Misztal et al., 2018). Program se spouští s několika parametry:

qcf90.exe --snpfile snp.txt --pedfile matice --save-clean --qc cra maf hwe

kde první parametr je název vstupního souboru snp, druhým je název vstupního souboru rodokmenů, třetí říká programu aby uložil očištěný soubor SNP ve formátu nazevSNPsouboru_clean (ten je pak vstupním souborem pro program na odhad plemenných hodnot a pro zjednodušení je přejmenován na snp.txt), čtvrtý (--qc) definuje parametry pro kontrolu kvality SNP, pátý parametr (cra) udává minimální hranici pro „call rate“ zvířat (defaultně je nastaven na hodnotu 0,9), šestý (maf) udává hodnotu pro minor allele frequency (defaultně nastavená na hodnotu 0,05) a poslední (hwe) udává hodnotu pro Hardy-Weinberg rovnováhu (defaultně nastaveno na 0,150). Dalším volitelným parametrem je pořadí jedinců v rodokmenu (--ped-position a,s,d), defaultně je pořadí jedinců v rodokmenu zvíře, otec, matka.

Následně, program RENUMF90 (Misztal et al., 2018) bude použit k naformátování vstupních souborů pro potřeby odhadu plemenných hodnot. Program se spouští spolu s názvem parametrického souboru (příklady souborů jsou uvedeny níže).

Vstupní parametrický soubor programu RENUMF90 pro 5znakový model a mateřská plemena:

```
#-----------------------------------------------------------------------------
# kvalita spermatu 5 znak
# file for BLUPF90 family f programs.
#amcisloKan, mesicOdb, VPO, intOdb, objem, konc, motilita, abnsp, cps, pfs, libido, StanRok, plemeno
#104401104 2 39 8 175 520 80 13 91 63.336 4 42010 4800
#-----------------------------------------------------------------------------
DATAFILE
datSperm.dat
TRAITS
5 6 7 8 11
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1
```

```
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
   5015.      -1907.       1.784       2.182       4.784
  -1907.       8559.       10.07     -0.2151E-01 -0.6803
   1.784       10.07       11.17     -0.2773      0.1135
   2.182     -0.2151E-01 -0.2773       12.86      0.3385E-01
   4.784     -0.6803      0.1135      0.3385E-01  0.4772
#-----------------------------------------------------------------------------
EFFECT
2 2 2 2 2 cross number #mesic odberu
EFFECT
3 3 3 3 3 cross number #vek pri odberu
EFFECT
4 4 4 4 4 cross number #interval mezi odbery
EFFECT
12 12 12 12 12 cross number #stanice-rok
EFFECT
13 13 13 13 13 cross number #plemeno
#-----------------------------------------------------------------------------
#nahodne faktory
#-----------------------------------------------------------------------------
#geneticky faktor
EFFECT                    ##1 zvire
  1 1 1 1 1  cross alpha
  RANDOM
    animal
  OPTIONAL
    pe
  FILE
    matice
  FILE_POS
     1 2 3 0 0              ## 2 a 3 bez GG
  SNP_FILE
    snp.txt
  PED_DEPTH
    6                    ##trasuje 6 generaci; 0 = all pedigree
#  INBREEDING
#   pedigree
(CO)VARIANCES
   2585.      -1109.      -36.82      -17.70       9.155
  -1109.       1415.       24.43      -1.822      -3.957
  -36.82       24.43       2.691      -1.604      0.2771
```

```
  -17.70      -1.822      -1.604       5.589     -0.5208
   9.155      -3.957      0.2771     -0.5208      0.1542
(CO)VARIANCES_PE
   1853.      -1125.       9.133       3.647       4.815
  -1125.       4211.      -17.38      -10.83     -0.1548
   9.133      -17.38       5.928     -0.3257     -0.1932
   3.647      -10.83     -0.3257       5.896     -0.9987E-01
   4.815     -0.1548     -0.1932     -0.9987E-01  0.6335

OPTION SNP_file snp.txt
OPTION AlphaBeta 0.85 0.15
OPTION tunedG 0
OPTION missing -9
OPTION remove_all_missing
OPTION conv_crit 1e-10
OPTION maxrounds 2000

#-------------------------------------------------------------------------------
```

Vstupní parametrický soubor programu RENUMF90 pro 5znakový model a otcovská plemena:

```
#-------------------------------------------------------------------------------
# kvalita spermatu 5 znak
# file for BLUPF90 family f programs.
#amcisloKan, mesicOdb, VPO, intOdb, objem, konc, motilita, abnsp, cps, pfs, libido, StanRok, plemeno
#104401104 2 39 8 175 520 80 13 91 63.336 4 42010 4800
#-------------------------------------------------------------------------------
DATAFILE
datSperm.dat
TRAITS
5 6 7 8 11
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
   3938.      -2005.      -1.615       7.043       3.841
  -2005.      0.1123E+05   17.40      -14.88      -2.563
  -1.615       17.40       14.61     -0.9532      0.2580E-01
   7.043      -14.88     -0.9532       17.61     -0.7988E-02
   3.841      -2.563      0.2580E-01 -0.7988E-02  0.4862
#-------------------------------------------------------------------------------
EFFECT
2 2 2 2 2 cross number #mesic odberu
```

```
EFFECT
3 3 3 3 3 cross number #vek pri odberu
EFFECT
4 4 4 4 4 cross number #interval mezi odbery
EFFECT
12 12 12 12 12 cross number #stanice-rok
EFFECT
13 13 13 13 13 cross number #plemeno
#-------------------------------------------------------------------------------
#nahodne faktory
#-------------------------------------------------------------------------------
#geneticky faktor
EFFECT                    ##1 zvire
  1 1 1 1 1  cross alpha
  RANDOM
    animal
  OPTIONAL
    pe
  FILE
    matice
  FILE_POS
     1 2 3 0 0              ## 2 a 3 bez GG
  SNP_FILE
    snp.txt
  PED_DEPTH
    6                    ##trasuje 6 generaci; 0 = all pedigree
#  INBREEDING
#   pedigree
(CO)VARIANCES
   1857.     -2176.     -17.00      27.61      11.20
  -2176.      5190.      64.65     -76.72     -23.66
  -17.00      64.65      2.673     -1.494    -0.5560
   27.61     -76.72     -1.494      6.860     0.4632
   11.20     -23.66    -0.5560     0.4632     0.4200
(CO)VARIANCES_PE
   1633.     -363.1      3.842     -23.03      3.161
  -363.1      2712.      20.25      95.27      3.992
   3.842      20.25      7.158     0.3832     0.3030
  -23.03      95.27     0.3832      6.713    -0.4604
   3.161      3.992     0.3030    -0.4604     0.4594

OPTION SNP_file snp.txt
OPTION AlphaBeta 0.85 0.15
```

```
OPTION tunedG 0
OPTION missing -9
OPTION remove_all_missing
OPTION conv_crit 1e-10
OPTION maxrounds 2000

#-------------------------------------------------------------------------------
```

Vstupní parametrický soubor programu RENUMF90 pro znak CPS a mateřská plemena:

```
#-------------------------------------------------------------------------------
# kvalita spermatu 1 znak
# file for BLUPF90 family f programs.
#amcisloKan, mesicOdb, VPO, intOdb, objem, konc, motilita, abnsp, cps, pfs, libido, StanRok, plemeno
#104401104 2 39 8 175 520 80 13 91 63.336 4 42010 4800
#-------------------------------------------------------------------------------
DATAFILE
datSperm.dat
TRAITS
9
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
  700.0
#-------------------------------------------------------------------------------
EFFECT
2 cross number #mesic odberu
EFFECT
3 cross number #vek pri odberu
EFFECT
4 cross number #interval mezi odbery
EFFECT
12 cross number #stanice-rok
EFFECT
13 cross number #plemeno
#-------------------------------------------------------------------------------
#nahodne faktory
#-------------------------------------------------------------------------------
#geneticky faktor
EFFECT                    ##1 zvire
 1  cross alpha
 RANDOM
```

```
  animal
 OPTIONAL
  pe
 FILE
  matice
 FILE_POS
   1 2 3 0 0              ## 2 a 3 bez GG
 SNP_FILE
  snp.txt
 PED_DEPTH
  6                    ##trasuje 6 generaci; 0 = all pedigree
#  INBREEDING
#   pedigree
(CO)VARIANCES
  175.3
(CO)VARIANCES_PE
  316.9

OPTION SNP_file snp.txt
OPTION AlphaBeta 0.85 0.15
OPTION tunedG 0
OPTION missing -9
OPTION remove_all_missing
OPTION conv_crit 1e-10
OPTION maxrounds 2000
```

Vstupní parametrický soubor programu RENUMF90 pro znak PFS a mateřská plemena:

```
#-----------------------------------------------------------------------------
# kvalita spermatu 1 znak
# file for BLUPF90 family f programs.
#amcisloKan, mesicOdb, VPO, intOdb, objem, konc, motilita, abnsp, cps, pfs, libido, StanRok, plemeno
#104401104 2 39 8 175 520 80 13 91 63.336 4 42010 4800
#-----------------------------------------------------------------------------
DATAFILE
datSperm.dat
TRAITS
9
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
  351.1
```

```
#-----------------------------------------------------------------------------
EFFECT
2 cross number #mesic odberu
EFFECT
3 cross number #vek pri odberu
EFFECT
4 cross number #interval mezi odbery
EFFECT
12 cross number #stanice-rok
EFFECT
13 cross number #plemeno
#-----------------------------------------------------------------------------
#nahodne faktory
#-----------------------------------------------------------------------------
#geneticky faktor
EFFECT                    ##1 zvire
  1  cross alpha
  RANDOM
    animal
  OPTIONAL
    pe
  FILE
    matice
  FILE_POS
     1 2 3 0 0              ## 2 a 3 bez GG
  SNP_FILE
    snp.txt
  PED_DEPTH
    6                    ##trasuje 6 generaci; 0 = all pedigree
#  INBREEDING
#   pedigree
(CO)VARIANCES
   88.37
(CO)VARIANCES_PE
   156.3

OPTION SNP_file snp.txt
OPTION AlphaBeta 0.85 0.15
OPTION tunedG 0
OPTION missing -9
OPTION remove_all_missing
OPTION conv_crit 1e-10
OPTION maxrounds 2000
```

Pro jednoznakové modely otcovských plemen je potřebné v parametrickém souboru zaměnit hodnoty pro RESIDUAL_VARIANCE, (CO)VARIANCES a pro (CO)VARIANCES_PE na 777.9, 145.6 a 325.9 (pro CPS), resp. na 387.4, 95.22 a 149.7. Výsledkem spuštění programu RENUMF90 jsou: přeformátovaný rodokmenový soubor (renadd06.ped), přeformátovaný datový soubor (renf90.dat) a parametrický soubor (renf90.par). Soubor SNP dat se nemění.

Vygenerovaný soubor (renf90.par) pro 5znakový model a mateřská plemena.

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
        5
NUMBER_OF_EFFECTS
        7
OBSERVATION(S)
   1   2   3   4   5
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 6 6 6 6 6       12 cross
 7 7 7 7 7       30 cross
 8 8 8 8 8       12 cross
 9 9 9 9 9       86 cross
 10 10 10 10 10        2 cross
 11 11 11 11 11      7514 cross
 11 11 11 11 11       7514 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
   5015.0     -1907.0      1.7840      2.1820      4.7840
  -1907.0      8559.0      10.070    -0.21510E-01 -0.68030
   1.7840      10.070      11.170    -0.27730     0.11350
   2.1820    -0.21510E-01 -0.27730      12.860     0.33850E-01
   4.7840    -0.68030     0.11350     0.33850E-01  0.47720
 RANDOM_GROUP
    6
 RANDOM_TYPE
 add_an_upginb
 FILE
renadd06.ped
(CO)VARIANCES
   2585.0     -1109.0     -36.820     -17.700      9.1550
  -1109.0      1415.0      24.430     -1.8220     -3.9570
  -36.820      24.430      2.6910     -1.6040     0.27710
  -17.700     -1.8220     -1.6040      5.5890    -0.52080
```

```
  9.1550     -3.9570     0.27710    -0.52080     0.15420
RANDOM_GROUP
   7
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
  1853.0     -1125.0      9.1330      3.6470      4.8150
 -1125.0      4211.0     -17.380     -10.830    -0.15480
  9.1330     -17.380      5.9280    -0.32570    -0.19320
  3.6470     -10.830    -0.32570      5.8960    -0.99870E-01
  4.8150    -0.15480    -0.19320    -0.99870E-01  0.63350
OPTION SNP_file snp.txt
OPTION SNP_file snp.txt
OPTION AlphaBeta 0.85 0.15
OPTION tunedG 0
OPTION missing -9
OPTION conv_crit 1e-10
OPTION maxrounds 2000
```

Nakonec, pro samotný odhad plemenných hodnot se spouští program BLUPF90+ (Misztal et al., 2018) s příslušným parametrickým souborem, který se vytvořil jako výstup programu RENUMF90 (vždy se jmenuje renf90.par).

blupf90++.date renf90.par

Výslední soubor s odhadnutými plemennými hodnotami se jmenuje solutions. Příklad souboru:

```
trait/effect level  solution
  1  1      1      67.57827095
  2  1      1      74.09184736
  3  1      1      15.17773756
  4  1      1       2.15237560
  5  1      1       0.69897653
  1  1      2      52.65363679
  2  1      2      83.78988865
  3  1      2      15.05426454
  4  1      2       2.12201134
  5  1      2       0.72050558
  1  1      3      45.64082841
  2  1      3      80.86876954
  3  1      3      15.27125973
  4  1      3       2.02936614
  5  1      3       0.66210947
```

První řádek obsahuje názvy sloupců v souboru s výsledky. První sloupec obsahuje číslo znaku, které je uvedeno v par souboru pro odhad plemenných hodnot (renf90.par). Interpretace hodnot v souboru je následující: v souboru renf90.par je uvedeno že v modelu je celkem 5 znaků (číslovány od 1 do 5) a celkem sedm efektů (číslovány od 6 do 11, 11 je dva krát, protože reprezentuje jednak efekt zvířete, ale i permanentní efekt zvířete). V souboru solutions jsou znaky číslovány od 1 do 5, ale i efekty jsou číslovány od 1 (kde číslo jedna reprezentuje číslo šest v renf90.par). Druhý řádek tedy obsahuje hodnotu BLUE efektu pro první úroveň prvního efektu a pro první znak (tedy pro leden efektu měsíc znaku OB). První plemenná hodnota se proto bude nacházet na řádku který identifikuje znak 1 (OB), efekt 6 (zvíře) a úroveň 1 (první zvíře v seznamu) např.:

```
1  6     1     97.25543365.
```

Poslední číslo reprezentuje plemennou hodnotu. Program RENUMF90 přečísluje všechny znaky a efekty tak, aby začínali číslem 1. Tedy i originální identifikace zvířete je změněna a začíná číslem 1. Pro správnou intepretaci je potřebné zpětně spárovat originální identifikaci zvířete s interní identifikaci zvířete, kterou si program RENUMF90 vytvořil. Obě identifikace jsou uloženy v rodokmenovém souboru, vytvořeném programem RENUMF90 (v našem případě to bude soubor renadd06.ped). Příklad souboru:

```
1468 1582 2334 2000 0 2 0 0 3 106190065
```

Kde, první číslo je interní (přečíslovaná) identifikace zvířete a poslední číslo je originální identifikace zvířete.

II.A. Příloha

Součástí metodiky nejsou žádné přílohy.

III. Srovnání novosti postupů

Navržený postup genomického hodnocení pro základní (OB, KO, MO, AB,) a odvozené (CPS, PFS) znaky kvality spermatu a pro libido (LI) je v podmínkách České republiky zcela nový. Využití informací SNP dat nebylo zatím v našich podmínkách pro rutinní odhad plemenných hodnot prasat použito. Navíc, genetické a genomické hodnocení libida bylo u tuzemské populace prasat uskutečněno poprvé. Zavedení do rutinní předpovědi plemenných hodnot vychází ze světových poznatků v oblasti šlechtění prasat i z potřeb vyplývajících z genetického vývoje ukazatelů v populacích mateřských i otcovských plemen v České republice. Odhadnuté koeficienty dědivosti dosahovali nižších až středních hodnot. Dá se tedy předpokládat, že pokračující selekce založena na genomických plemenných hodnotách bude mít pozitivní, resp. stabilizující efekt. Z našich výsledků i z hodnocení jiných autorů vyplývá, že mezi hodnocenými znaky je marginální genetický vztah. Dalším úkolem bude zhodnotit genetický vztah mezi znaky spermatu a produkčními, resp. reprodukčními znaky prasat a zapracování do komplexního hodnocení zvířat na základě selekčního indexu. Podle dostatečné genetické variability a dědivosti lze tedy předpokládat uspokojivou odezvu na selekci.

IV. Popis uplatnění metodiky

Předkládána metodika tvoří základ pro rutinní předpověď genomických plemenných hodnot zvířat mateřských a otcovských plemen prasat chovaných v České republice pro znaky kvality spermatu a libida kanců. Navrhovaný metodický postup bude využíván Svazem chovatelů

prasat z. s., který zabezpečí její další zpracování, zavedení, uplatnění a zveřejnění pro chovatele prasat. Výpočet bude převáděn pravidelně jednou týdně.

V. Ekonomické aspekty

Náklady na zavedení metodiky jsou minimální, veškeré programy pro výpočet genetických parametrů byly vyvinuty v rámci řešení výzkumného projektu NAZV QK1910217 s názvem „Vytvoření referenční populace a vývoj postupů pro odhad genomických plemenných hodnot znaků prasat zařazených do Českého národního šlechtitelského programu“. Data použitá pro analýzu jsou již součástí existující databáze a jsou vlastnictvím SCHP z.s., resp. chovatelů zapojených do programu CzePig. Konkrétní ekonomický přínos ze zavedení předkládané metodiky se bude projevovat postupně, v průběhu šlechtitelského procesu a bude nepřímý. V souladu s doporučením Rady vlády pro výzkum uživatel metodiky nevytváří těmito činnostmi přímý zisk. Vytvářením podkladů a řízením šlechtitelské práce dochází k zvýšení kvality plemenářské práce a zlepšují se tak základní předpoklady pro ekonomické přínosy pro jednotlivé chovatele.

VI. Seznam citované literatury

SCHP (2022). Svaz chovatelů prasat, z.s. http://www.schpcm.cz.

Diniz D.B., Lopes M.S., Broekhuijse M.L.W.J., Lopes P.S., Harlizius B., Guimarães S.E.F., Duijvesteijn N., Knol E.F., Silva F.F. (2014). A genome-wide association study reveals a novel candidate gene for sperm motility in pigs. Animal Reproduction Science, 151(3), 201–207.

González-Peña D., Knox R.V., MacNeil M.D., Rodriguez-Zas S.L. Genetic gain and economic values of selection strategies including semen traits in three- and four-way crossbreeding systems for swine production. J. Anim. Sci. 2015.93:879–891.

Groeneveld E. and Lichtenberg H. (2016). The SNPpit – a high performance database system for managing large scale SNP data. PLOS ONE, 2016.

Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C.A.M., Vattikuti S., Purcell S.M., Lee J.J. (2015). Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets. GigaScience 4: 7.

Chang H.L., Lai Y.Y., Wu M.C., Sasaki O. (2017). Genetic correlations between male reproductive traits and growth traits in growth performance tested Duroc, Landrace and Yorkshire breed boars. Anim Sci Journal, 88(9):1258-1268.

Krupa E., Krupova Z.; Wolfová M., Zakova E. (2017). Estimation of economic values for traits of pig breeds in different breeding systems: II. Model application to a three-way crossing systém. Liv. Sci., 205: 70 – 78.

Krupova Z., Zakova E., Krupa E., Michalickova M. (2017). New breeding objectives for the Czech pig population. Indian Journal of Animal Science, 87(6): 114 – 117.

Krupova Z., Zakova E., Krupa E., Pribyl J. (2021): Selekční indexy prasat s novými funkčními znaky. Certifikovaná metodika. VUŽV Praha Uhříněves, 27 s. ISBN: 978-80-7403-253-0.

Marques D.B.D., Lopes M.S., Broekhuijse M.L.W.J., Guimarães S.E.F., Knol E.F., Bastiaansen J.W.M., Silva F.F., Lopes P.S. (2017). Genetic parameters for semen quality and quantity traits in five pig lines. Journal of Animal Science, 95:4251–4259.

Marques D.B. D., Bastiaansen J. W. M., Broekhuijse M. L. W. J., Lopes M. S., Knol E. F., Harlizius B., Guimarães S. E. F., Silva F. F., Lopes P. S. (2018). Weighted single-step GWAS and gene network analysis reveal new candidate genes for semen traits in pigs. Genet Sel Evol 50:40.

Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Masuda Y., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z. (2018). Manual for BLUPF90 Family Programs. University of Georgia. Available online: http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation (accessed on 16 December 2022).

Ogawa S., Kimata M., Tomiyama M., Satoh M. (2022). Heritability and genetic correlation estimates of semen production traits with litter traits and pork production traits in purebred Duroc pigs. Journal of Animal Science, 100: 1–10.

R Core Team (2018). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL https://www.R-project.org/.

Smital J., Wolf J., De Sousa L.L. (2005). Estimation of genetic parameters of semen characteristics and reproductive traits in AI boars. Animal Reproduction Science, 86, 119–130

Wolf J., Smital J. (2009). Effects in genetic evaluation for semen traits in Czech Large White and Czech Landrace boars. Czech J. Anim. Sci., 54(8): 349-358

Zhao Y., Gao N., Cheng J., El-Ashram S., Zhu L., Zhang C., Li Z. (2019). Genetic Parameter Estimation and Genomic Prediction of Duroc Boars' Sperm Morphology Abnormalities. Animals, 9: 710.

VII. Seznam publikací, které předcházely metodice

Krupa E., Žáková E., Krupová Z., Bauer J., Moravčíková N. Genomic selection of pigs in Czech Republic (2023). Book of abstracts from 1st EAAP Regional Meeting 2023, Slovak University of Agriculture, Nitra 26-28 April 2023, 2p.

Krupa E., Žáková E., Krupová Z., Bauer J., Moravčíková N. (2023). Assessment of genetic parameters for boar fertility traits. Animals (submitted)

VIII. Jména oponentů

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

Ing. Zdeňka Majzlíková, Česká plemenářská inspekce, Praha

IX. Dedikace

Metodika je výsledkem řešení výzkumného projektu NAZV QK1910217 s názvem „Vytvoření referenční populace a vývoj postupů pro odhad genomických plemenných hodnot znaků prasat zařazených do Českého národního šlechtitelského programu “.

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

Název: Odhad genomických plemenných hodnot pro ukazatele kvality spermatu a libido kanců

Autoři: Ing. Emil Krupa, Ph.D. (50 %)
Ing. Eliška Žáková, Ph.D. (20 %)
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (20 %)
Ing. Jiří Bauer, Ph.D. (10 %)

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

Ing. Zdeňka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha

ISBN 978-80-7403-295-0
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