Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.
Oddělení genetiky a šlechtění hospodářských zvířat

AKTUÁLNÍ SMĚRY VE ŠLECHTĚNÍ HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT

Sborník ze semináře

2023 Praha Uhříněves

ISBN: 978-80-7403-310-0

Editace a organizace

Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. zavadilova.ludmila@vuzv.cz

Dr. Ing. Jitka Kyseľová kyselova.jitka@vuzv.cz

Poděkování

Seminář vznikl za podpory Ministerstva zemědělství,

institucionální podpory MZE-RO0723.

Obsah

Úvod

Ludmila Zavadilová....4

Variabilita genů *TLR* přirozené imunity u skotu a funkční dopady

Karel Novák....7

Odhad genomických plemenných hodnot s referenční populací zahrnující krávy s domácí užitkovostí

Eva Kašná, Ludmila Zavadilová, Zuzana Krupová, Luboš Vostrý, Josef Přibyl....18

Vyhodnocení obecné odolnosti u dojnic

Ludmila Zavadilová, Eva Kašná, Jan Vařeka....27

Genomické plemenné hodnoty pro sonografické měření nejdelšího zádového svalu u plemene Aberdeen Angus

Zdeňka Veselá, Michaela Brzáková, Alena Birovaš, Alexandra Novotná, Luboš Vostrý....47

Genomické hodnocení prasat – kvalita spermatu

Emil Krupa, Eliška Žáková, Zuzana Krupová, Nina Moravčíková , Jiří Bauer....61

« Evropská síť pro fenomiku hospodářských zvířat - EU-LI-PHE»....71

Úvod

Ludmila Zavadilová

Ve čtvrtek 23. listopadu 2023 se uskutečnil ve Výzkumném ústavu živočišné výroby, v.v.i. v Praze Uhříněvsi seminář Aktuální směry ve šlechtění hospodářských zvířat, který již tradičně pořádá oddělení genetiky a šlechtění hospodářských zvířat. Nahrávky přenášek jsou k dispozici na webových stránkách VÚŽV Uhříněves. K semináři je vydáván tento sborník s odbornými příspěvky a přednáškami.

Cílem semináře bylo seznámit odbornou, chovatelskou i vědeckou, veřejnost s výsledky výzkumu uskutečněného na oddělení v roce 2023. Na semináři byly představeny výsledky výzkumu zaměřené na šlechtění dojeného a masného skotu i prasat při využití genomických postupů. Zatímco u masného skotu se Ing. Zdenka Veselá, Ph.D. zaměřila na využití genomické selekce u plemene aberdeen angus, konkrétně u sonograficky měřeného nejdelšího zádového svalu, Ing. Eva Kašná, Ph.D. představila postup a výhody zapojení krav s domácí užitkovostí do genomické referenční populace při genomické selekci dojeného skotu. Dvě přednášky po přestávce navazovaly tematicky. Nejprve se Ing. Emil Krupa, Ph.D. věnoval možnostem a praktickému využití genomiky ve šlechtění českých populací prasat. Dr. Karel Novák, CSc. pak představil geny přirozené imunity u skotu a celé spektrum jejich využití ve šlechtění skotu.

Ing. Kašná přednesla výsledky projektu NAZV QK1810253, ve kterém byla řešena problematika rozšíření referenční genomické populace o krávy s domácí užitkovostí s cílem navýšit spolehlivost národního genomického hodnocení dojeného skotu. V průběhu pěti let řešení projektu byly optimalizovány postupy odběru biologického materiálu, následné izolace DNA a zjištěny SNP genotypy cca 45 tisíc krav a jalovic. Na základě SNP genotypů byla odhadnuta vysoká homozygotnost holštýnské populace charakterizovaná genomickým koeficientem příbuznosti FROH mezi 0,035 a 0,111. Genotypy krav a jalovic byly propojeny s genotypy býků a vytvořena matice genomické příbuznosti, která je využívána při predikci genomických plemenných hodnot (GEPH) znaků a vlastností zahrnutých v selekčním indexu české populace holštýnského skotu. Byl posouzen vliv zapojení samičích SNP genotypů do referenční populace, který prokázal navýšení spolehlivosti GEPH v rozmezí 2-5 %.

Práce Ing. Zdenky Veselé ukázala, jak se výzkum odvíjí od požadavků chovatelů. Přestože se v České republice stále kvalita masa neodráží v jeho ceně, mnoho chovatelů masného skotu upřednostňuje zvířata s lepšími kvalitativními ukazateli. Jedná se především o producenty jatečných zvířat, kteří realizují systém prodeje masa ze dvora. Z toho důvodu bylo v roce 2019 v rámci řešení projektu QK1910059 a na základě zájmu ze strany chovatelů plemene Aberdeen Angus spuštěno pravidelné roční sonografické měření vlastností souvisejících s kvalitou masa. Toto hodnocení provádí odborná hodnotitelka podle metodologie Breedplan. Nyní je ohodnoceno okolo 2 500 čistokrevných jedinců plemene aberdeen angus. Hodnocení se provádí ve věku 200–500 dní. Současně od roku 2018 dochází ke hromadnému genotypování masného skotu v ČR, kde je nyní k dispozici 33 tis. genotypovaných zvířat, z toho okolo 8 tis. plemene Aberdeen Angus. To vše umožňuje předpověď genomických plemenných hodnot pro sonografické měření nejdelšího zádového svalu, které jsou použitelné pro šlechtění právě na kvalitativní ukazatele masa.

V rámci přednášky Ing. Emila Krupy byl představen projekt NAZV QK1910217, zaměřený na vytvoření referenční populace potřebné ke genomickému hodnocení prasat v ČR, na kterém se podílí VÚŽV, v.v.i. Praha, Svaz chovatelů prasat, ČZU a ČMSCH, a.s. . Primárním cílem bylo genotypování zvířat, ale v rámci

řešení projektu proběhl i vývoj metod analýz DNA pro prasata, vývoj softwaru pro výpočet ekonomických vah pro selekční indexy, vývoj nových a revize stávajících selekčních indexů, návrh hodnocení paternity prasat z SNP dat, a hodnocení kvality masa v návaznosti na kančí pach. Proběhly také první odhady genomických parametrů a plemenných hodnot pro znaky kvality spermatu kanců, které ukázaly pozitivní vliv u genomických plemenných hodnot zejména na spolehlivosti jejich odhadu.

Závěrečná přednáška Dr. Karla Nováka se upozornila i na to, že i když je dnes genomická selekce na základě genotypovacích arrayí převládajícím přístupem ve šlechtění hospodářských druhů, lze nalézt slabá místa této technologie. I přes integraci dat funkční genetiky do odhadu plemenných hodnot dochází k negativním dopadům na zdravotní a reprodukční znaky. Je zřejmé, že zahrnutí konkrétních genů spojených s těmito znaky může negativní trendy omezit. V tomto kontextu je prováděn screening genů spojených s vrozenou imunitou v populaci českého strakatého skotu. Hodnocení nalezených variant v asociačních studiích ukazuje jejich vliv nejenom na zdravotní znaky, ale zejména na znaky reprodukce.

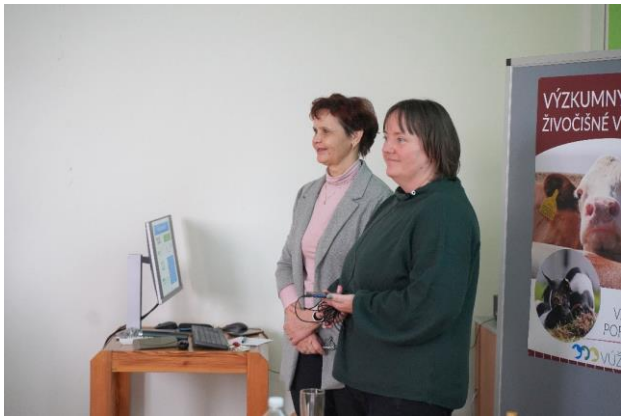
Účastníků semináře bylo okolo čtyř desítek jak místních, tak ze zemědělských či chovatelských organizací např. z ČMSCH as., i z univerzit jako je ČZU či JU. Diskuze probíhala po každé přednášce, nejvíce se hovořilo o typech genomických čipů, které se aktuálně využívají pro odhady genomických plemenných hodnot, o významu imputace (dopočtení) genomických dat, a odhadech spolehlivosti plemenných hodnot – jak je upřesňovat a zlepšovat. Zástupci z ČMSCH také podtrhli důležitost vložit na SNP čipy geny, u kterých vědecký výzkum prokáže jejich funkční význam, tj. projevují se v určité konkrétní vlastnosti hospodářských zvířat. Genomické čipy jsou tvořeny SNP, SNiPy, které zastupují „geny“, bodová místa na genomu (DNK, dezoxyribonukleové kyselině). Znalost hodnot SNP u jednotlivých zvířat zvyšuje přesnost odhadu genomického založení zvířete, genomická plemenné hodnoty (GEPH), která pak slouží jako selekční kritérium, pro výběr otců a matek další generace hospodářských zvířat. Pro odhad plemenných hodnot je nutná i znalost užitkovosti, fenotypu zvířete. Podle struktury a množství SNiPů na čipech je také možné rozvíjet postupy pro odhad plemenných hodnot i pro vlastnosti hospodářských zvířat, pro které nejsou ještě k dispozici velké databáze fenotypových údajů nutné pro spolehlivý odhad GEPH. Mluvilo se také o přesnosti a způsobech měření fenotypových dat, např. ultrazvukových měření nejdelšího zádového svalu masného skotu, kde více svazů chovatelů masného skotu využívá jednoho zkušeného posuzovatele. Příspěvek Ing. Evy Kašné byl velice pěkným exkurzem do vývoje metod šlechtění podle genomických markerů přes QTL až po genomiku. Věnovala se také neblahému vlivu inbreedingu u "české populace" holštýnských býků, jak naznačil aktuální výzkum kolektivu prof. Luboše Vostrého. Prof. Josef Přibyl vyzdvihl historii šlechtění a významné postavení českých šlechtitelů v poválečném období, kdy struktura šlechtitelských programů byla přebírána některými evropskými zeměmi např. Holandskem. I v moderním období je stále tedy na co navazovat, jak také dokazuje prvenství České republiky v zavedení jednokrokové metody genomického odhadu (ssGBLUP) mezi evropskými státy. V oblasti genomického šlechtění u prasat je asi největším limitem prozatím malý počet genotypovaných zvířat v porovnání se skotem. Důvodem je celkově menší populační základna u českých plemen prasat a neexistující dotační tituly. Situace by se v tomto ohledu ale měla rychle změnit. Dr. Karel Novák poukázal na některé známé limity celogenomového hodnocení, které nedokáže postihnout další faktory genetického založení zvířete, především je to zatím panující neadresnost SNiPů a zmínil se také o poznatcích prof. Misztala (University of Georga, USA), který poukázal ve dřívějších přednáškách na významnou schopnost genomiky urychlit a zintenzivnit šlechtitelský pokrok a tudíž nutnost použití genomické metody společně s takovými selekčními indexy, které berou do úvahy kromě produkční znaků i přežitelnost, zdravotní stav a

reprodukční schopnosti zvířat. Jinak se pozitivní dopady genomické selekce na produkci projeví silně záporně na reprodukci a životaschopnosti zvířat.

Na semináři byla také představena «Evropská síť pro fenomiku hospodářských zvířat – EU-LI-PHE», akce iniciativy COST, ve které oddělení genetiky a šlechtění HZ výzkumného ústavu živočišné výroby, v.v.i. zastupuje ČR. Znalost fenotypu zvířat je limitujícím faktorem ve všech oblastech genetiky a genomiky hospodářských zvířat. Cílem akce je proto vyvinout, integrovat, organizovat a implementovat technologie, nástroje, metody, přístupy, modely, odborné znalosti a zdroje užitečné pro zjišťování a interpretaci fenomu zvířat s cílem získat nové vědecké poznatky a aplikace v odvětvích živočišné výroby.

Jak seminář prokázal, oddělení genetiky a šlechtění se intenzivně věnuje tématům prakticky použitelným v českém chovatelském prostředí, českých zemědělcům tak zásadně pomáhá udržet si konkurenceschopnost v chovatelství na mezinárodní úrovni.

Seminář organizovaly Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. a Dr. Ing. Jitka Kyseľová, která seminář uvedla a moderovala.



Variabilita genů *TLR* přirozené imunity u skotu a funkční dopady

Karel Novák

Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i. oddělení genetiky a šlechtění HZ,
Praha – Uhříněves, 10400,
novak.karel@vuzv.cz

Dedikace: Příspěvek vznikl za podpory Ministerstva zemědělství, institucionální podpora MZE-RO0723.

Souhrn: I když je dnes genomická selekce na základě genotypovacích arrayí převládajícím přístupem ve šlechtění hospodářských druhů, lze nalézt slabá místa této technologie. Celková diverzita je redukována na základě haplotypové vazby na soubor náhodně zvolených diagnostických polymorfismů, což může vést k přehlédnutí celkového potenciálu genofondu v populaci. I přes dodatečnou integraci dat funkční genetiky je konstatována negativní koselekce na zdravotní a reprodukční znaky. Je zřejmé, že zahrnutí konkrétních genů spojených s těmito znaky může negativní trendy omezit. V tomto kontextu je prováděn screening diverzity genů spojených s vrozenou imunitou v populaci českého strakatého skotu. Hodnocení nalezených variant v asociačních studiích ukazuje vliv nejenom na zdravotní znaky, ale zejména na znaky reprodukce v případě testovaných *TLR* genů z antibakteriální řady. Tyto údaje komplementují publikovaný vliv těchto primárně imunitních genů na samičí reprodukční znaky u modelových druhů – myši a člověka. Další geny pro členy toll signální dráhy s potenciálem pro šlechtění jsou *MYD88* a dva geny pro subjednotky transkripčního faktoru NFkapaB. Zejména bude sledován jejich předpokládaný vliv na resilienci u fyziologických znaků.
Klíčová slova: zdravotní znaky; reprodukce skotu; resilience; koselekce

Summary: Although genomic selection based on genotyping arrays is a prevailing approach to breeding in farm species, weak points of this technology can be detected. Since the total diversity is reduced to the subset of arbitrarily chosen diagnostic polymorphisms, the potential of the present gene pool can be overlooked. Despite the additional inclusion of the data from functional genomics, negative co-selection in health and reproduction traits has been stated. Including particular genes linked to these traits in genetic evaluation can reduce the negative trends. In this context, screening for the diversity of genes associated with innate immunity is carried out in the Czech Red Pied cattle population. Evaluation of the found gene variants in association studies demonstrated not only the effect on health traits but also a pronounced effect on the female reproductive traits in the case of the tested *TLR* genes from the anti-bacterial series. This data complements the published effect of these primarily immune genes on the reproductive traits in model species like mice and humans. Additional genes with the breeding potential are *MYD88* and two genes coding for the subunits of the transcription factor NFkappaB. Particularly, their effect on resilience in physiological traits will be tested.
Kewwords: health traits; cattle reproduction skotu; resiliency; co-selection

Úvod – zdravotní znaky v kontextu genomické selekce

Využití variant v jednotlivých genech, byť ekonomicky významných, je třeba posuzovat v celkovém kontextu genomické selekce (GS) u hospodářských druhů.

Dnešní řešení genomické selekce jako kompromis

Nástup genomického šlechtění byl umožněn metodou genotypování v rozsahu celého genomu. Protože v úvodních srovnávacích zkouškách genotypovacích čipů (arrayí) pro skot v letech 2009 – 2010 podporovaných projektem USDA (Rincon a kol., 2011) byla zvolena technologie firmy Illumina, došlo k určité standardizaci této metody. Tím byl v podstatě určen další vývoj na více než deset let.

Obvykle je proto sledována variabilita 50.000 jednonukleotidových polymorfismů (SNP) rozmístěných na 30 chromozómech genomu. Průměrná vzdálenost mezi markery je tudíž 60.000 bází. Vazba mezi příčinnými geny a markery se potom využívá pro výpočet plemenné hodnoty pro jednotlivé markery. Součet efektů jednotlivých diagnostických SNP přes celý genom udává plemennou hodnotu pro konkrétní zvíře, což umožňuje intenzivní selekci na jednotlivé fenotypové znaky (Klímová a kol., 2020). Náhodným faktorem ale zůstává rozhodnutí, které znaky budou v selekci upřednostňovány. Toto kritérium nelze určit objektivně, ale spíše vychází z ekonomického významu znaku a je vybíráno většinou hlasů příslušného chovatelského svazu.

Na druhou stranu je třeba si uvědomit, že pomocí padesáti tisíc regresních rovnic není možné plně popsat organismus vyššího živočicha. Na této úrovni komplexity nelze popsat ani konformaci a funkční vlastnosti jedné molekuly proteinu. Tudíž genomická selekce je založena na zjednodušení.

V současné době využívané spektrum SNP není ani úplný popis genetické variability. Na každý přímo určovaný SNP připadá asi 200 dalších SNP, které se pouze snažíme dosadit na základě předpokládané vazby v haplotypech (Abdel-Shafy a kol., 2014). Proto je dnešním trendem popsat kompletní haplotypovou strukturu v rámci jednotlivých plemen. I když jsou první publikace v tomto směru u plemen Angus a Brahman (Low a kol., 2021) a probíhají navazující projekty, využití ověřené haplotypové struktury na celogenomové úrovni není zatím běžnou záležitostí.

Alternativa WGS

Druhým směrem, který se snaží kompenzovat tento nedostatek, je celogenomové sekvenování (WGS). Potom lze samozřejmě určit každý nukleotid a každý SNP, ale zříkáme se základní výhody genotypování na čipech, a tou je ekonomická úspornost. Ta byla hlavní příčinou pro rychlé celosvětové rozšíření tohoto přístupu.

Další výhodou, která vedla k rozšíření selektivního genotypování na čipech, byla snadnost interpretace poměrně omezeného objemu informací. V případě údajů z genomických čipů se jedná o desítky kilobytů, nikoliv od stovky gigabytů pro genom jednoho zvířete, tudíž informatická náročnost je o sedm řádů nižší než v případě celogenomového sekvenování.

I v rámci pracoviště VÚŽV byla snaha na zjevnou neúplnost informací ze standardních čipů reagovat. V souladu s tím jsou prvními celogenomovými sekvencemi vyššího organismu v rámci České republiky sekvence dvou býků plemene česká červinka, které byly získány 4. února 2018. Souběžně byly získány kompletní sekvence dvou jedinců českého strakatého skotu, býků Atak a Oliver. První tuzemské genomy pro vyšší živočichy byly referovány v přednáškách na EAAP 2018 v Dubrovníku (Novák a kol., 2018b) a na konferenci Genetické dny v ČB 2018 (Novák a kol., 2018a). Výsledky byly i součástí úplné publikace (Novák a kol., 2019).

Skrytý nedostatek GS – nejednoznačnost výsledku

Zjevným rizikem genomické selekce je dávno známý jev Wrightovy adaptivní krajiny („fitness landscape“), popsaný již v r. 1932 (Wright, 1932). Výsledek souběžné selekce v populaci založený na několika genech může být různý v závislosti na výchozích frekvencích alel. I v jednoduchém příkladu se dvěma geny, každý se dvěma alelami, můžeme dospět do několika různých lokálních maxim – konečných stavů – v závislosti na počátečním nastavení frekvencí a selekčních hodnot pro různé alely (obr. 1).

Je vidět, že evoluce, byť i poháněná genomickou selekcí, v důsledku nemusí nutně směřovat k nejvyššímu píku, tj. píku s nejvyšší hodnotou fitness - v daném případě vrchol B. Na druhou stranu se z jednoho lokálního maxima do druhého při pokračování dosavadního selekčního tlaku přejít nedá. Či-li šlechtitel může dojít k názoru, že selekce dosáhla maxima, k dalšímu zlepšování již nedochází a možnosti počáteční diverzity se již vyčerpaly. Nemusí to být pravda, existují i další lokální maxima, a některá i vyšší. Proces selekce určený počátečními podmínkami nás ale dovedl do nejbližšího lokálního maxima. Současný mechanický výběr zdánlivě nejproduktivnějších genotypů v sobě toto riziko obsahuje. Pokud je sledována celá diverzita u jednotlivých zvířat populace, lze v případě hrozící ztráty známé lepší alelické varianty z populace získat varovný signál a selekční kroky korigovat. Je to další důvod pro adresné sledování konkrétních příčinných polymorfismů v rozhodujících genech pro daný znak.

Otázka nastavení priorit v GS

Za největší riziko současné genomické selekce je potřeba považovat špatné nastavení priorit – selekčních cílů. Pokud se řídíme samotnou užitkovostí či další znaky jsou zahrnuty v selekčním indexu pouze okrajově, bude selekce dalších znaků stagnovat či dokonce v důsledku negativní koselekce bude docházet k jejich zhoršování.

Je třeba brát v úvahu, že zvířata do chovu nejsou volena pouze na základě čisté užitkovosti. Údaje o dalších vlastnostech uváděné v katalozích potvrzují, že mléčná nebo masná užitkovost nejsou jediná kritéria. Významnými znaky jsou i odolnost k chorobám či reprodukční znaky. V případě exportu do subtropických či dokonce tropických oblastí je rozhodující schopnost adaptace na vysokou teplotu – čili resilience na teplotní šoky. Tento fakt lze ilustrovat úspěchem variant tradičních plemen skotu připravených introgresí mutace slick (Denicol a kol., 2021). Pro export do oblastí zamořených trypanosomiázou je podstatná odolnost k protozoárním infekcím atd.

Změna pohledu na formální metody – D. Boichard

Na nedostatky formálního přístupu ke genomické selekci upozornil zřejmě jako první prof. Didier Boichard coby dlouholetý vedoucí oddělení živočišné genetiky francouzského ústavu pro živočišnou výrobu (Boichard a kol., 2016). Konstatoval, že masivní použití chipů pro identifikaci hledaných kauzálních genů bylo po několika letech od nástupu této technologie neefektivní. Poukázal na to, že při zpracování informací z genotypování na čipech převládne statistický šum, který pohltí esenciální informaci o lokalizaci příčinných genů, pokud se je snažíme identifikovat. Vzhledem k vysokému počtu souběžně testovaných genetických variant je nezbytné uplatnit Bonferroniho korekci, což vede ke ztrátě většiny informací. Tento efekt se projevuje i při genomické selekci. Navrhovaným řešením pro nalezení příčinných genů je kombinování informací o funkcích kandidátních genů se statistickými údaji z genotypování pomocí formálních markerů. Tím je možné podle Bayesova principu získat dodatečný nezávislý důkaz pro předpokládanou kauzální úlohu a tím oddělit smysluplnou informaci od převažujícího šumu.

Tato myšlenka byla podpořena na vedoucích světových pracovištích. Přibližně od r. 2016 – 2017 Laboratoř pro genomiku a zlepšování živočichů - centrální pracoviště USDA v Beltsvillu v USA a Centrum pro kvantitativní genetiku a genomiku Univerzity v Aarhusu v Dánsku začaly získávat na tento přístup tzv. „funkční genomiky“ projekty. Byl to např. projekt USDA „Incorporate Functional Annotation Data in Cattle GWAS and Genomic Selection“ (od 1.1.2021 do 31.12.2023) a realizovaly se první publikace. V Beltsville byl spojujícím autorem zejména Dr. George E. Liu (Fang a kol., 2020), v Aarhusu zejména Dr. Zexi Cai ze skupiny prof. B. Guldbrandsena (Cai a kol., 2019).

Projevy negativní koselekce

I přes funkčně genomický přístup se ovšem genomické šlechtění nestalo dokonalým.

Zřejmě prvním, kdo na to upozornil, byla prof. Este van Marle-Köster z katedry šlechtění a genetiky živočichů z Univerzity v Pretorii. Se spolupracovnicí Carinou Visser publikovaly článek, který obracel pozornost na souběžné zhoršování reprodukčních znaků v důsledku GS (van Marle-Köster & Visser, 2021). Seminář o směrech v genomické selekci na pracovišti v Pretorii vedla na oddělení genetiky a šlechtění VÚŽV 25.5.2023 studentka této katedry Hannah Kruger.

Druhým významným odborníkem, který na tento negativní trend v uplatnění genomické selekce upozornil, byl prof. Ignacy Misztal ze Státní univerzity v Georgii, jeden ze zakladatelů genomické selekce. Na negativní vliv genomické selekce na další znaky ze skupiny označované jako fitness, zejména reprodukční znaky, byla zaměřena jeho přednáška na poslední světové genomické konferenci Plant and Animal Genome - PAG 30 (Misztal & Lourenco, 2023). Tento pohled prof. Misztal rovněž zařadil do prezentace na zásadním semináři v ČMSCH dne 30.5.2023 (Misztal, 2023).

Důraz na přirozenou imunitu jako cestu ke zlepšení současné GS

Na základě uvedených trendů lze konstatovat, že genomická selekce v současné podobě poskytuje prostor pro zlepšení. Jedním ze směrů je využití přirozené variability v genech určujících přirozenou imunitu pro doplnění současné GS šlechtěním na zdravotní znaky. Je nasnadě zaměřit se na signální dráhu spojenou s tzv. toll-like receptory, TLR (obr. 2). Imunitní funkce těchto receptorů byla původně popsána u laboratorní mouchy drozofily v r. 1996 (Lemaitre a kol., 1996), nicméně tyto receptory působí v celé živočišné říši. U skotu je známo deset různých typů kódovaných příslušnými geny.

Toll-like receptory jsou na počátku hlavní signální dráhy, která přenáší signál z mikrobního podnětu - ligandu - na úroveň transkripce u několika stovek dalších genů. To se projevuje jako pleiotropie účinku posledního článku dráhy, kterým je transkripční faktor NF-κB, jehož dvě subjednotky jsou kódovány geny *NFKB1* a *NFKB2*. Tím se vysvětluje pozorování, že genetická variabilita v článcích toll signální dráhy projevuje, kromě primární funkce v imunitě, i řadou vedlejších efektů na další znaky.

Materiál a metodika

Polymorfismus TLR v populaci ČESTR

Aktivity pracoviště byly zaměřeny zejména na dokumentaci polymorfismu v populaci ČESTR. Bylo to možné zejména díky spolupráci s Chovatelským družstvem Impuls, které celý projekt umožnilo. DNA byla izolována z archivu inseminačních dávek z portfolia CHD Impls.

Pro hledání variant přítomných genů dráhy byly používány různé modifikace sekvenování nové generace („next generation sequencing“, NGS). K první aplikaci této technologie ve verzi Pacific Biosciences došlo na pracovišti v r. 2013, přičemž samotná práce začala již na podzim r. 2012. Tato metoda

byla kombinována s celogenomovým sekvenováním technologií Illumina X Ten. Bioinformatické zpracování probíhalo standardními metodami.

Jakmile byly nalezeny všechny varianty genů toll signální dráhy přítomné v populaci ČESTR, další postup spočíval v určování přítomnosti již známých variant u jednotlivých zvířat, tj. v individuálním genotypování pomocí metody extenze primeru v komerční verzi SNaPshot.

Asociační studie antibakteriálních TLR *u ČESTR*

Údaje o genotypech jednotlivých zvířat byly využity pro asociační studii se souborem údajů pro vybrané znaky zdravotní, užitkové a reprodukční. Jako vstup byly použity plemenné hodnoty býků z databáze Plemdat.

Výsledky a diskuse

Asociační studie antibakteriálních TLR1, -2 a -6 u ČESTR

Pro *TLR1, -2* a *-6* z antibakteriální řady již byly výsledky publikovány (Bjelka & Novák, 2020). Výsledky této asociační studie jsou na obr. 4.

I když primárním cílem bylo nalézt souvislost se zdravotním stavem, byla spíše pozorována korelace genových variant s reprodukčními znaky. Spektrum účinku mutací v jednotlivých genech na sledované znaky bylo překvapivě obdobné. Je předpokládána souvislost se známou skutečností, že proteiny TLR 1, 2 a 6 tvoří jeden funkční komplex (obr. 5), takže pokud funkci narušuje mutace v některé ze tří komponent, výsledek na fenotypové úrovni by se měl projevovat stejně.

Asociační studie antibakteriálních TLR4 a TLR5 u ČESTR

Asociační studie byla rozšířena na další geny z antibakteriální série, jmenovitě na *TRL4* a *TLR5*. I v tomto případě bylo možné pozorovat korelace reprodukčních znaků s genetickým polymorfismem. V menší míře koreloval *TLR* polymorfismus se znaky mléčné užitkovosti, oproti předpokladu byla pozorována minimální souvislost se zdravotními znaky.

Je výsledek překvapivý?

Výsledek není v rozporu s paralelními výsledky u modelových organismů. Vliv polymorfismu u genů *TLR* byl popsán přesvědčivě u modelu myši (Wahid a kol., 2015) a u člověka (Lim a kol., 2017). Je dokonce podkladem pro vývoj specifických léčiv interagujících s TLR4 a ovlivňujících průběh porodu (Kadam a kol., 2017).

Na druhé straně u skotu existovala doposud pouze ojedinělá pozorování, např. v laboratoři Athlon Institute (Mullen a kol., 2018).

Problém nekódujících SNP s efektem – důsledek haplotypů?

Problémy se objevují, pokud jsou empirické výsledky porovnány s výpočtem předpovězenými efekty sledovaných mutací v genech *TLR*. Většina polymorfismů (SNP), které mají vliv na sledované znaky, by ve skutečnosti žádný vliv mít neměla: jsou to často mutace synonymní nebo vůbec nekódující. Dostatečným vysvětlením se zdá být předpoklad, že pozorované mutace jsou v genetické vazbě se skutečnými kauzálními mutacemi, které mohou být lokalizovány v těch regulačních oblastech, které zatím nebyly prověřovány. Tato argumentace také vedla k projektu rozčlenění genomů hlavních plemen na haplotypy (Low a kol., 2021) zmíněnému výše - je to určitě krok ke zpřesnění asociačních studií. V případě

populace ČESTR byla kompletní haplotypová struktura zejména v kódujících oblastech genů antibakteriálních *TLR* vyřešena v práci Samaké & Novák (2023).

Možné využití ve šlechtění a další perspektivní geny toll signální dráhy

Přítomnost prokazatelně výhodnějších variant *TLR* lze zahrnout do hodnocení zvířat, optimálně jako komponentu selekčního indexu, byť s nízkou vahou.

Na pracovišti byla vyvinuta detekční souprava na určování variant *TLR* s předpokládaným efektem, která umožňovala racionální genotypování na varianty *TLR* skotu v nespecializovaných laboratořích. Souprava byla kryta užitným vzorem a jednalo se o výstup projektu TAČR TG01010082 (dílčí projekt 8.15, „Validace a komercionalizace genetických markerů infekční odolnosti skotu“, trvání 1.10.2015 - 30.9.2017). Technicky schůdné mohou být i soupravy pro genotypování na tuto skupinu genů přímo v terénu.

Navazující práce je zaměřena na zbývající složky toll signální dráhy skotu. Jsou to geny, které kódují další členy toll signální dráhy, nejenom samotné toll-like receptory. Tyto bílkoviny zajišťují přenos signálu do buněčného jádra, odkud je podnět přenášen k dalším buňkám a vyvolává aktivaci dalších genů, které již kódují samotnou imunitní odpověď.

Zajímavé a klíčové jsou zejména dvě složky toll signální dráhy, MyD88 a NF-κB. MyD88 je kofaktor, který se váže na vnitrobuněčnou část proteinů TLR a přenáší dále signál. Má vysoce konzervovanou tzv. TIR oblast. Zkratka označuje výskyt motivu sdíleného geny *TLR*, geny pro interleukin-1 receptor a (rostlinnými) rezistenčními geny (Zipfel a kol., 2004). Protein MyD88 tuto TIR oblast sdílí s toll-like receptory, kde je umístěna na vnitrobuněčné části receptoru a zprostředkuje interakci s adaptérem MyD88 (obr. 6). Oblast je evolučně velice stará a funkčně konzervovaná, takže v zásadě obsahuje minimální počet mutací (Gay a kol., 2011). Pokud je jakákoliv mutace přesto přítomná, má výrazný dopad na fenotyp.

Protože NF-κB je transkripční faktor, který v závislosti na aktivaci toll signální dráhy aktivuje dále několik set dalších genů, změny v molekule tohoto faktoru nohou ovlivnit desítky dalších, i neimunitních, znaků na úrovni organismu. Online databáze Univerzity v Bostonu pro NF-κB uvádí nejméně čtrnáct skupin genů, které tento faktor reguluje (https://www.bu.edu/nf-kb/gene-resources/target-genes/). Nebude překvapující, pokud tato pleiotropie nalezne uplatnění i ve šlechtění.

Za významnou okolnost volby těchto proteinů pro detailní studium lze považovat fakt, že oba proteiny jsou spojovány s odolností vůči stresovým faktorům, s tzv. resiliencí (Thompson-Crispi a kol., 2014; Laghouaouta a kol., 2022). Jedná se o znak, resp. typ znaků, který je sledovaný nejenom ve šlechtění, ale i v lidské medicíně.

Seznam literatury

Abdel-Shafy H., Bortfeldt R.H., Regens J., Brockmann G.A. (2014) Single nucleotide polymorphism and haplotype effects associated with somatic cell score in German Holstein cattle. *Genetics Selection Evolution* 46, 35.

Bjelka M., Novák K. (2020) Association of *TLR* gene variants in a Czech Red Pied cattle population with reproductive traits. *Veterinary Immunology and Immunopathology* 220, 109997.

Boichard D., Ducrocq V., Croiseau P., Fritz S. (2016) Genomic selection in domestic animals: Principles, applications and perspectives. *Comptes Rendus Biologies* 339, 274–277.

Cai Z.X., Guldbrandtsen B., Lund M.S., Sahana G. (2019) Prioritizing candidate genes for fertility in dairy cows using gene-based analysis, functional annotation and differential gene expression. *BMC Genomics* 20, 255.

Denicol A.C., Carmickle A.T., Pereira J., Ferreira F.C., Larson C.C., Sosa F., Jansen L., Haimon M.L., Hansen P.J. (2021) Physiological responses to heat stress of Holstein heifers carrying the *SLICK1* allele of the prolactin receptor (PRLR) gene. *Journal of Animal Science* 99, 137.

Fang L.Z., Cai W.T., Liu, S.L., Canela-Xandri O., Gao Y.H., Jiang J.C., Rawlik K., Li B.J., Schroeder S.G., Rosen B.D., Li C.J., Sonstegard T.S., Alexander L.J., Van Tassell C.P., VanRaden P.M., Cole J.B., Yu Y., Zhang S.L., Tenesa A., Ma L., Liu G.E. (2020) Comprehensive analyses of 723 transcriptomes enhance genetic and biological interpretations for complex traits in cattle. *Genome Research* 30, 790-801.

Gay N.J., Gangloff M., O'Neill L.A.J., (2011) What the myddosome structure tells us about the initiation of innate immunity. *Trends in Immunology* 32, 104–109.

Kadam L., Gomez-Lopez N., Mial T.N., Kohan-Ghadr H.R., Drewlo S., (2017) Rosiglitazone regulates TLR4 and rescues HO-1 and NRF2 expression in myometrial and decidual macrophages in inflammation-induced preterm birth. *Reproduction Science* 24, 1590-1599.

Klímová A., Kašná E., Machová K., Brzáková M., Přibyl J., Vostrý L. (2020) The use of genomic data and imputation methods in dairy cattle breeding. *Czech Journal of Animal Science* 65, 445-453.

Laghouaouta H., Fraile L., Suárez-Mesa R., Ros-Freixedes R., Estany J., Pena R.N. (2022) A genome-wide screen for resilient responses in growing pigs. *Genetics Selection Evolution* 54, 50.

Lemaitre B., Nicolas E., Michaut L., Reichhart J.M., Hoffman J.A. (1996) The dorsoventral regulatory gene cassette spatzle/Toll/cactus controls the potent antifungal response in *Drosophila* adults. *Cell* 86, 973–983.

Lim R., Barker G., Lappas M. (2017) TLR2, TLR3 and TLR5 regulation of pro-inflammatory and pro-labour mediators in human primary myometrial cells. *Journal of Reproductive Immunology* 122, 28-36.

Low W.Y., Tearle R., Liu R., Koren S., Rhie A., Bickhart D.M., Rosen B.D., Kronenberg Z.N., Kingan S.B., Tseng E., Thibaud-Nissen F., Martin F.J., Billis K., Ghurye J., Hastie A.R., Lee, J., Pang A.W.C., Heaton M.P., Phillippy A.M., Hiendleder S., Smith T.P.L., Williams J.L. (2021) Haplotype-resolved genomes provide insights into structural variation and gene content in Angus and Brahman cattle. *Nature Communications* 11, 2071.

Misztal I. (2023) Current research and advances in BLUPF90 programs. Seminář: Genetic Evaluation and Breeding of Farm Animals in the Czech Republic, ČMSCH, Hradištko, 30.5.2023.

Misztal I., Lourenco D. (2023) Positive and negative impacts of genomic selection. PAG 30 – Plant and Animal Genome Conference, San Diego, 13.-18.1.2023. https://intlpag.org/31/program/program-overview

Mullen M.P., McClure M.C., Kearney J.F. (2018) Relationships between a *TLR4* allele associated with IBK and production traits in dairy cattle. 69th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Dubrovnik, 27-31.8.2018, Book of Abstracts, Wageningen Academic Publishers, poster 66.38.

Novák K., Bjelka M., Kyselová J., Czerneková V., Hofmannová M., Samaké K., Valčíková T., (2018a) Diversity of innate immunity genes in the production population of the Czech Red Pied cattle. XXVIIIth Genetic Days 2018, Jihočeská univerzita, České Budějovice, s. 15-16.

Novák K., Bjelka M., Samaké K., Valčíková T. (2019) Potential of TLR-gene diversity in Czech indigenous cattle for resilience breeding as revealed by hybrid sequencing. *Archives Animal Breeding* 62, 477-490.

Novák K. Kyselová J., Czerneková V., Mátlová V. (2018b) Genomic data as a prerequisite for efficient conservation programme of the Czech Red cattle. Book of Abstracts of the 69th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Wageningen Academic Publishers, s. 167.

Samaké K., Novák K. (2023) Haplotype disequilibrium in the *TLR* genes of Czech Red Pied cattle. *Diversity* 15, 811.

Rincon G., Weber K.L., Van Eenennaam A.L., Golden B.L., Medrano J.F. (2011) Hot topic: performance of bovine high-density genotyping platforms in Holsteins and Jerseys. Journal of Dairy Science 94, 6116-6121.

Thompson-Crispi K.A., Sargolzaei M., Ventura R., Abo-Ismail M., Miglior F., Schenkel F., Mallard B.A. (2014) A genome-wide association study of immune response traits in Canadian Holstein cattle. *BMC Genomics* 15, 559.

van Marle-Köster E., Visser C. (2021) Unintended consequences of selection for increased production on the health and welfare of livestock. *Archives Animal Breeding* 64, 177-185.

Wahid H.H., Dorian C.L, Chin P.Y., Hutchinson M.R., Rice K.C., Olson D.M., Moldenhauer L.M., Robertson S.A. (2015) Toll-like receptor 4 is an essential upstream regulator of on-time parturition and perinatal viability in mice. *Endocrinology* 156, 3828-3841.

Wilke, C. (2004) Fitness-landscape-cartoon.png. Zveřejněno na: https://en.wikipedia.org/wiki/Fitness_landscape#/media/

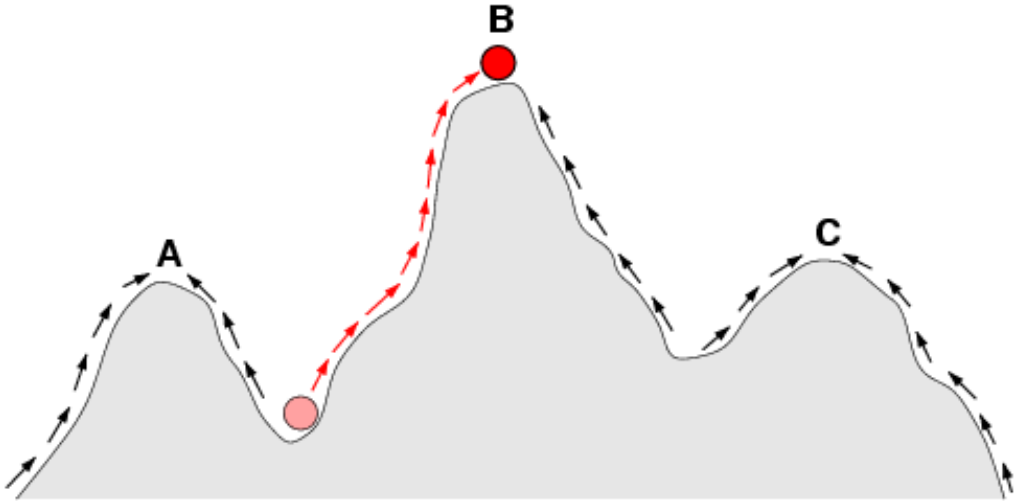
Wright S. (1932) The roles of mutation, inbreeding, crossbreeding, and selection in evolution. Proceedings of the Sixth International Congress on Genetics 1, 355–366.

Yang L., Seki E. (2012) Toll-like receptors in liver fibrosis: cellular crosstalk and mechanisms. *Frontiers in Physiology* 3, 138.

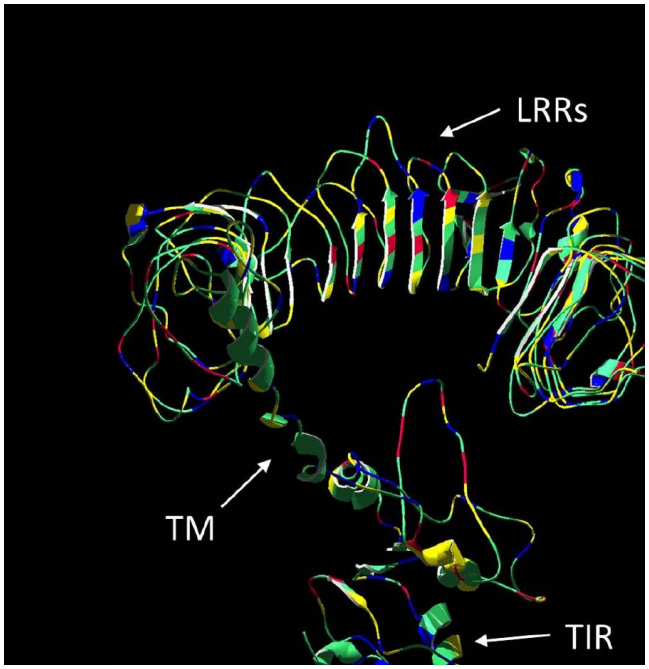
Zipfel C., Robatzek S., Navarro L., Oakeley E.J., Jones J.D.G., Felix G., Boller T. (2004) Bacterial disease resilience in *Arabidopsis* through flagellin perception. *Nature* 428, 764–767.

Tabulky a grafy

Obr. 1. Příklad Wrightovy adaptivní krajiny (Wilke, 2004).

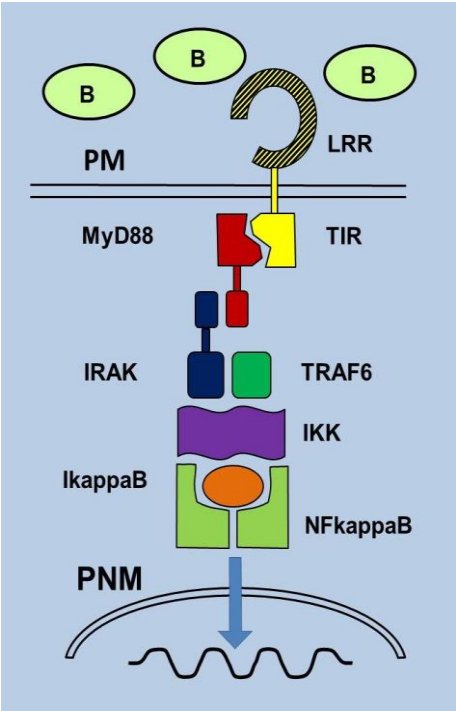


Obr. 2. Struktura bovinního receptoru TLR4.



LRR – opakování bohatá na leucin, TM – transmembránová oblast, TIR – konzervovaná oblast homologie s interleukinem-1.

Obr. 3. Signální dráha toll receptorů (zjednodušeno).



PM – plazmatická membrána, PNM – jaderné membrány, LRR – opakování bohatá na leucin v extracelulární části molekuly TLR.

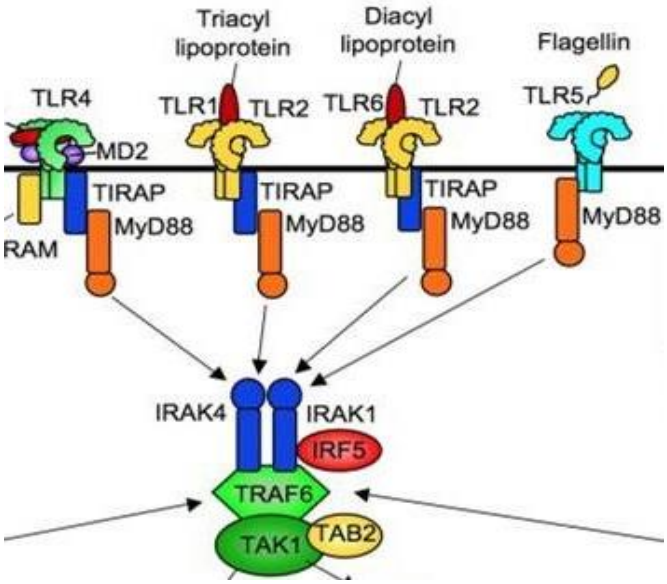
Obr. 4. Korelace variant genů *TLR1*, *-2* a *-6* s plemennou hodnotou (EBV) pro reprodukční a další znaky u ČESTR.

Gene	SNP	Trait					
		CYS	ERD	CE	CEM	PL	CVI
TLR1	798 C > T	0.416	0.377	0.055	0.008	0.011	0.850
TLR1	1762 G > A	0.180	0.128	0.515	0.662	0.040	0.908
TLR1	2097 T > C	0.693	0.957	0.819	0.199	0.217	0.644
TLR2	115 T > C	0.696	0.633	0.869	0.484	0.190	0.386
TLR2	1009 A > G	0.195	0.489	0.389	0.190	0.967	0.222
TLR2	1044 T > C	0.197	0.380	0.907	0.290	0.953	0.035
TLR2	1047 G > T	0.591	0.594	0.606	0.007	0.433	0.310
TLR2	1060 G > A	0.207	0.398	0.402	0.452	0.764	0.093
TLR2	1313 G > A	0.636	0.532	0.028	0.112	0.370	0.561
TLR2	2546 G > A	0.956	0.684	0.696	0.906	0.385	0.214
TLR2	2565 T > C	0.721	0.579	0.939	0.828	0.808	0.487
TLR2	3206 G > A	0.902	0.407	0.815	0.511	0.867	0.269
TLR6	855 G > A	0.415	0.820	0.812	0.634	0.443	0.340
TLR6	865 G > C	0.624	0.925	0.005	0.239	0.661	0.187
TLR6	990 G > A	0.758	0.719	0.988	0.040	0.289	0.514
TLR6	1337 T > C	0.626	0.814	0.053	0.880	0.090	0.770

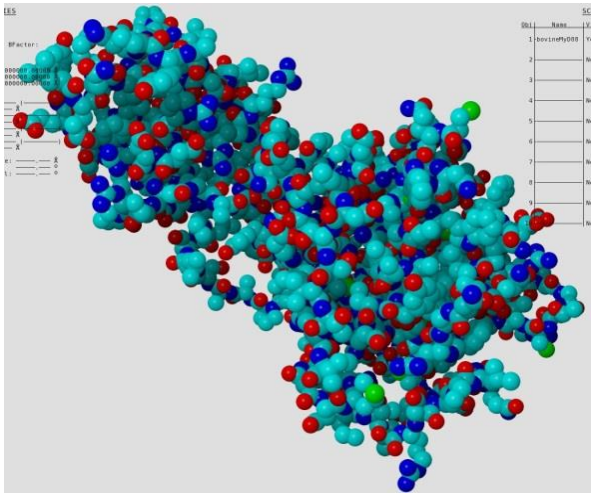
Je uvedena hladina signifikance pro test ANOVA.

Kódování znaků: CYS – výskyt cyst, ERD – index raných reprodukčních poruch, CE – snadnost telení, CEM – maternální snadnost telení, PL – produkční dlouhověkost, CVI – index vitality telat.

Obr. 5. Model funkčního komplexu produktů genů *TLR1*, *-2* a *-6* (podle Yang & Seki, 2012).



Obr. 6. Adaptér a hlavní interaktor bovinních toll-like receptorů - myeloidní diferenciační faktor MyD88 (autor Kalifa Samaké).



Odhad genomických plemenných hodnot s referenční populací zahrnující krávy s domácí užitkovostí

Eva Kašná, Ludmila Zavadilová, Zuzana Krupová, Luboš Vostrý, Josef Přibyl

Dedikace: Příspěvek byl vypracován v souladu s plánem uplatněných výsledků (PUV-QK1810253/01) v rámci řešení projektu NAZV QK1810253.

Souhrn

V rámci projektu NAZV QK1810253 byla řešena problematika rozšíření referenční populace o krávy s domácí užitkovostí s cílem navýšit spolehlivost národního genomického hodnocení dojeného skotu. V průběhu pěti let byly optimalizovány postupy odběru biologického materiálu, následné izolace DNA a zjištěny SNP genotypy cca 45 tisíc krav a jalovic. Na základě SNP genotypů byla odhadnuta vysoká homozygotnost holštýnské populace charakterizovaná genomickým koeficientem příbuznosti F_{ROH} mezi 0,035 a 0,111. Genotypy krav a jalovic byly propojeny s genotypy býků a vytvořena matice genomické příbuznosti, která je využívána při predikci genomických plemenných hodnot (GEPH) znaků a vlastností zahrnutých v selekčním indexu české populace holštýnského skotu. Byl posouzen vliv zapojení samičích SNP genotypů do referenční populace, který ukázal navýšení spolehlivosti predikce GEPH v rozmezí 2-5 %.

Klíčová slova: dojený skot; jednokroková genomická predikce; genomická plemenná hodnota

Summary

The project NAZV QK1810253 addressed the issue of expanding the reference population to include cows with domestic performance to increase the reliability of the national genomic evaluation of dairy cattle. The procedures for collecting biological material, subsequent DNA isolation and SNP genotyping of approximately 45,000 cows and heifers were optimised over five years. Based on the SNP genotypes, a high homozygosity of the Holstein population was estimated, characterised by a genomic inbreeding coefficient F_{ROH} between 0.035 and 0.111. Female genotypes were combined with bull genotypes, and a genomic relationship matrix was created, which is used to predict genomic breeding values (GEBV) of traits included in the selection index of the Czech Holstein cattle population. Including genotypes led to a 2-5% increase in GEBV prediction reliability.

Keywords: dairy cattle; single-step GBLUP; genomic breeding value

Úvod

Národní hodnocení chovných zvířat má dopad na výsledky všech chovatelů. Klíčové je rozpoznání zvířat s žádoucím genetickým založením pro vlastnosti zahrnuté v chovném cíli, které je předpokladem pro další zvelebování populace. Významné zpřesnění plemenářské práce přinesla genomická selekce, která předpokládá, že lze nalézt genetické markery propojené s geny, jež ovlivňují projev konkrétních znaků a vlastností. Plošné nasazení informací o DNA ve šlechtění hospodářských zvířat umožnil podle Meuwissena a kol. (2016) pokrok ve třech oblastech: (1) ve vývoji genomické selekce (Meuwissen a kol. 2001; VanRaden 2008; Aguilar a kol. 2010), (2) v objevu obrovského množství jednonukleotidových polymorfismech (SNP, single nucleotide polymorphisms), a (3) rozvoji vysokopropustných technologií (Illumina, Affymetrix), které umožnily efektivní a levnější genotypování zvířat pro desítky tisíc SNP, když první generace SNP čipů pro různé druhy zvířat obsahovala typicky ~ 50 000 SNP. Predikce genomických plemenných hodnot (GEPH), tedy vlastního genetického založení zvířat, byla v genomické selekci provedena na základě SNP efektů odhadnutých v referenční populaci, tj. skupině zvířat se známým genotypem a fenotypem. Referenční populace u dojeného skotu sestávaly zprvu především z prověřených genotypovaných býků, jejichž plemennou hodnotu bylo možné odhadovat s vysokou spolehlivostí (Meuwissen a kol. 2016). Zohlednění genomické informace vedlo k dalšímu navýšení spolehlivosti hodnocení, které bylo zčásti dané i tím, že se zpřesnily údaje o původu zvířat – podle Wellera a kol. (2017) byl v dobách před využitím genomiky nesprávně uveden otec u 5 až 12 % zvířat. Dostatečná přesnost odhadu (cca 75 % pro znaky produkce) GEPH mladých selektovaných býků vedla ke zkrácení generačního intervalu, což se stalo základním prvkem zrychlování genetického pokroku – hovořilo se jeho zdvojnásobení (Wiggans et al. 2011). Např. v USA se po šesti letech genomické selekce zvýšila selekční intenzita u znaků s nízkou dědivostí a rychlý nárůst prodělaly v populacích dojeného skotu genetické trendy pro plodnost, délku života a zdraví vemene (Garcia-Ruiz et al. 2016). Genomika také umožnila rozšíření selekčních indexů o těžko měřitelné vlastnosti, jako je efektivní příjem krmiv nebo produkce metanu, když vlastní nákladné měření je provedeno v referenční populaci a výsledky jsou přepočteny na základě odhadovaných efektů SNP (Pryce a kol. 2015).

Navýšení přesnosti genomického hodnocení bylo podmíněno kromě velikosti referenční populace také vazbou genotypovaných zvířat s ostatními negenotypovanými zvířaty. Vlivem klesajících cen genotypizace začal růst podíl genotypovaných krav, a v současné době největší podíl genotypovaných zvířat představují mladé jalovice. Pokud je cílem zvětšení referenční populace navýšení přesnosti genomické predikce, pak může genotypování dospělých krav s vlastní užitkovostí pomoci: podle Kempera a kol. (2015) přidání 10 000 krav vedlo k cca 5-8% nárůstu přesnosti v závislosti na hodnoceném znaku. Srovnatelný výsledek publikovali Lourenco a kol. (2015), kteří upozornili, že na předpověď plemenných hodnot má vliv nejen velikost, ale také složení referenční populace, která by měla zahrnovat jak starší zvířata s velkým podílem fenotypových informací a vyšší spolehlivostí odhadu konvenčních plemenných hodnot, tak i velký objem mladých zvířat.

V České republice byla v roce 2015 Interbullem validována pro předpověď GEPH jednokroková metoda ssGBLUP. Spolehlivost hodnocení je však nepříznivě ovlivněna trvalými dovozy zahraničních plemeníků, kteří jsou méně provázáni s domácí populací a kontrolou užitkovosti. Zahraniční býci jsou navíc šlechtěni do jiných výrobních a ekonomických podmínek. Domácí hodnocení je významné také proto, že zohledňuje působení interakce genotyp × prostředí. Za účelem navýšení přesnosti domácího genomického hodnocení byl proto v roce 2018 zahájen projekt NAZV QK1810253, zaměřený na zapojení genotypů domácích dojnic bezprostředně navázaných na kontrolu užitkovosti. Projekt měl čtyři navazující

cíle pokrývající všechny oblasti, tj. (1) optimalizace odběru biologických vzorků a jejich izolaci v kvalitě vhodné pro SNP a NGS technologie, (2) hodnocení genomické diverzity domácí populace, srovnání samčí a samičí části populace, jejich srovnání s dalšími světovými populacemi, sestavení smíšené matice příbuznosti **H** se zahrnutím genomické příbuznosti **G**, (3) sestavení referenční populace krav a (4) predikce genomických plemenných hodnot s referenční populací krav.

Materiál a metodika

Hodnocení se zaměřilo na populaci holštýnského skotu, kde bylo v době započetí projektu k dispozici cca 1 000 SNP genotypů krav. Svazem chovatelů holštýnského skotu v ČR, z.s., byly průběžně poskytovány další stanovované genotypy mladých zvířat, které byly na Plemdatu, s.r.o., sestavovány do souboru kgen001 s prvky 0 (homozygot), 1 (heterozygot), 2 (alternativní heterozygot) a 5 (neznámá nebo chybějící hodnota). Plemdat dále poskytl soubory rodokmenů hodnocených zvířat kdb001 (jedinec, otec, matka, datum narození, plemeno) a soubory užitkovostí, ze kterých byla využita především databáze kontroly užitkovosti kmrp25, databáze reprodukce a databáze Deníku nemocí.

Úprava dat, jejich statistické hodnocení a posouzení systematických vlivů vnějšího prostředí byly provedeny v programovém balíku SAS® v. 9.4. (SAS Institute Inc.) Pro odhad genetických parametrů a plemenných hodnot byl použit programový balík BLUPF90 (Misztal et al. 2018). Pro hodnocení byla využita jednokroková metoda ssGBLUP, která rozšiřuje genomickou informaci na negenotypovaná zvířata na základě společného rozdělení PH a odhadu genového obsahu u negenotypovaných zvířat podle skutečného genového obsahu u zvířat genotypovaných. To umožňuje modifikace matice příbuznosti **A** na matici **H** tak, že kombinuje rodokmenovou příbuznost s rozdíly mezi rodokmenovou a genomickou příbuzností: $\mathbf{H} = \mathbf{A} + \mathbf{A}_{\Delta}$. Aby bylo možné předpovědět GEPH genotypovaných zvířat bez fenotypů, navrhli Legarra a kol. (2009) odvodit společnou hustotu PH negenotypovaných ($\mathbf{u}_1$) a genotypovaných ($\mathbf{u}_2$) jedinců jako $p(\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2) = p(\mathbf{u}_1 \mid \mathbf{u}_2)p(\mathbf{u}_2)$. Zde je podmíněné rozdělení $p(\mathbf{u}_1 \mid \mathbf{u}_2)$ odvozeno z rodokmenu např. prostřednictvím selekčního indexu a $p(\mathbf{u}_2)$ je založeno pouze na genomické informaci. Kovariance společného rozdělení $\mathbf{u}_1$ a $\mathbf{u}_2$ je dáno maticí **H** s inverzí umožňující snadnější výpočet:

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix},$$

kde $\mathbf{A}_{22}^{-1}$ je inverzí rodokmenové matice příbuznosti pro genotypované jedince. Jak upozorňují Aguilar a kol. (2010), matice **G** je často singulární, a nelze ji proto invertovat bez dalších úprav. Jednou z nich je použití vážené matice **G** navržené VanRadenem (2008): $\mathbf{G} = 0.95\mathbf{G}_b + 0.05\mathbf{A}_{22}$, kde $\mathbf{G}_b$ je hrubá genomická příbuznost. Ta je daná jako $\mathbf{G}_b = \mathbf{ZZ}' / k$, kde **Z** je incidenční matice pro efekty SNP a k škálující parametr navržený VanRadenem (2008) jako $k=2\Sigma p_j(1-p_j)$, který *a priori* předpokládá nezávislost SNP efektů. Protože genomická predikce může být škálována nesprávně, je možné využít další faktor λ, který škáluje rozdíly mezi rodokmenovou a genomickou informací, vkládá hodnotu matice **G** obsažené v **H** do nové hodnoty $\mathbf{G}^* = [\lambda\mathbf{G}^{-1} + (1-\lambda)\mathbf{A}^{-1}_{22}]^{-1}$ a mísí tak genomické informace s rodokmenovými. Když λ = 1 pak $\mathbf{G}^* = \mathbf{G}$; když λ = 0 pak $\mathbf{G}^* = \mathbf{A}_{22}$ a $\mathbf{H} = \mathbf{A}$.

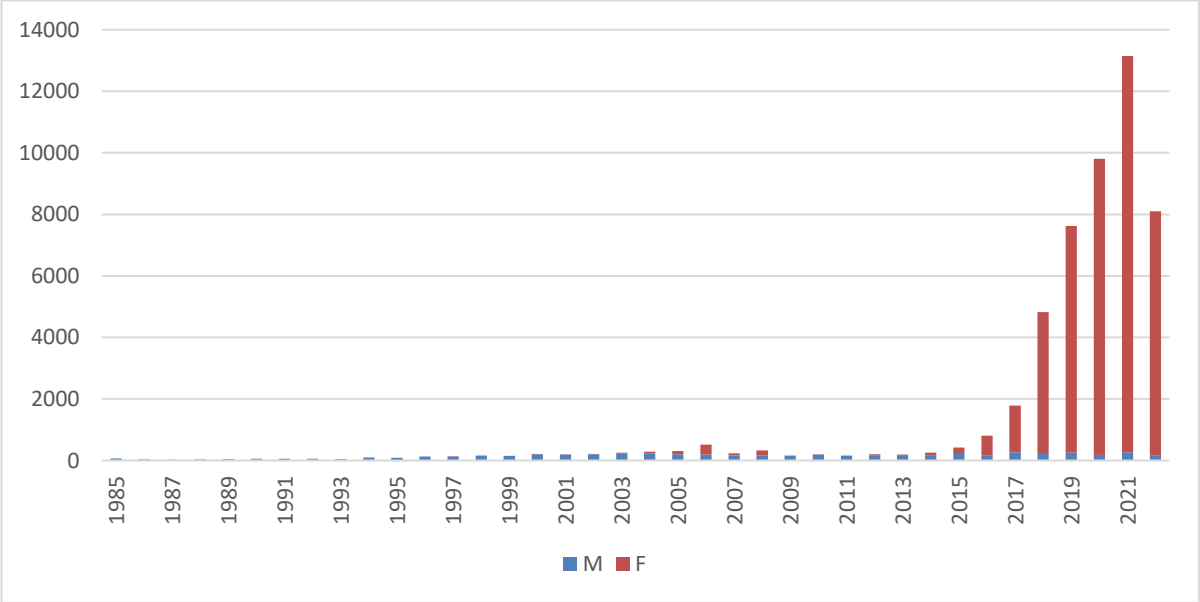
Výsledky a diskuze

Referenční populace

Na začátku řešení projektu bylo v ČR k dispozici cca 1 000 genotypů krav. Počet genotypovaných zvířat se dařilo každý rok navyšovat, a v roce 2022 narostl na téměř 50 tis. jedinců, z toho 45 tis. samic, z

toho 15 tis. genotypovaných jalovic. Přibližně 11 tis. genotypovaných plemenic již ukončilo alespoň prvních 100 dnů laktace, evidováno bylo více než 8 tis. ukončených laktací. Strukturu souboru genotypovaných zvířat podle roku narození a pohlaví uvádí Graf 1.

Aktivity cílené na sestavení referenční populace byly zaměřeny na maximální využití informací ze všech používaných čipů. Byl proveden rozbor rozdílů mezi jednotlivými variantami. Na čipech Illumina 50k V2 a Affymetrix byly dostupné nejucelenější záznamy domácí i zahraniční populace. Druhá varianta čipu Illumina 50k V3 sloužila ke genotypizaci domácí populace krav. Genotypování dojnic na komerčním čipu BovineChip v3 Illumina HTS bylo v roce 2020 postupně převedeno na čip EURO G MD, který při podobné hustotě obsahuje několik dalších SNP pro stanovení QTL. Zpracování a příprava souboru genotypů byly provedeny pomocí vlastního softwaru PxSNP (Klímová a Klíma, 2020). Pro imputaci chybějících SNP byl použit software FImpute (Sargolzaei et al. 2014), který pracuje na principu klouzavého okna sledujícího podobnost mezi haplotypy sledovaných jedinců a referenční populací. Imputace je možná třemi různými způsoby, a to (1) rodokmenová, (2) populační a (3) smíšená. Spolehlivost imputace byla vypočtena stochastickou simulací, která v návazných iteracích opakovaně spouští program FImpute s náhodným výběrem zvířat do referenční populace. Vliv imputace byl ověřen odhadem GEPH na čtyřech znacích exteriéru (tělesný rámec, závěsný vaz, chodivost a kondice). K ověření byla použita databáze 14 tis. genotypů zvířat a databáze fenotypů do roku 2019, která zahrnovala 650 tis. záznamů pro každý hodnocený znak. Pro závěrečný výpočet byla vybrána metoda populační a kombinované imputace. Vliv imputace dat byl ověřen na základě validace genomických plemenných hodnot a odregresovaných plemenných hodnot u mladých býků pomocí procedury GLM/SAS. Validace ukázala, že imputace neměla vliv na předpovědi GEPH. U mladých býků však došlo ke zvýšení spolehlivosti odhadu GEPH průměrně o 1,3 % u tělesného rámce, 1,03 % u závěsného vazu, 0,7 % u chodivosti a 1,1 % u tělesné kondice.



Graf 1: Genotypovaná zvířata podle roku narození (M-býci, F-krávy a jalovice)

Genomická diverzita holštýnské populace

V populaci holštýnského skotu v ČR byl sledován nárůst homozygotnosti a stupeň admixie mezi populacemi v chovatelsky vyspělých zemích. Stupeň nárůstu homozygotnosti vlivem příbuzenské plemenitby byl hodnocen metodou "run of homozygosity" (ROH). Odhady genomického koeficientu příbuzenské plemenitby F_{ROH} se pohybovaly mezi 0,035 a 0,111 v závislosti na délce ROH, a společně

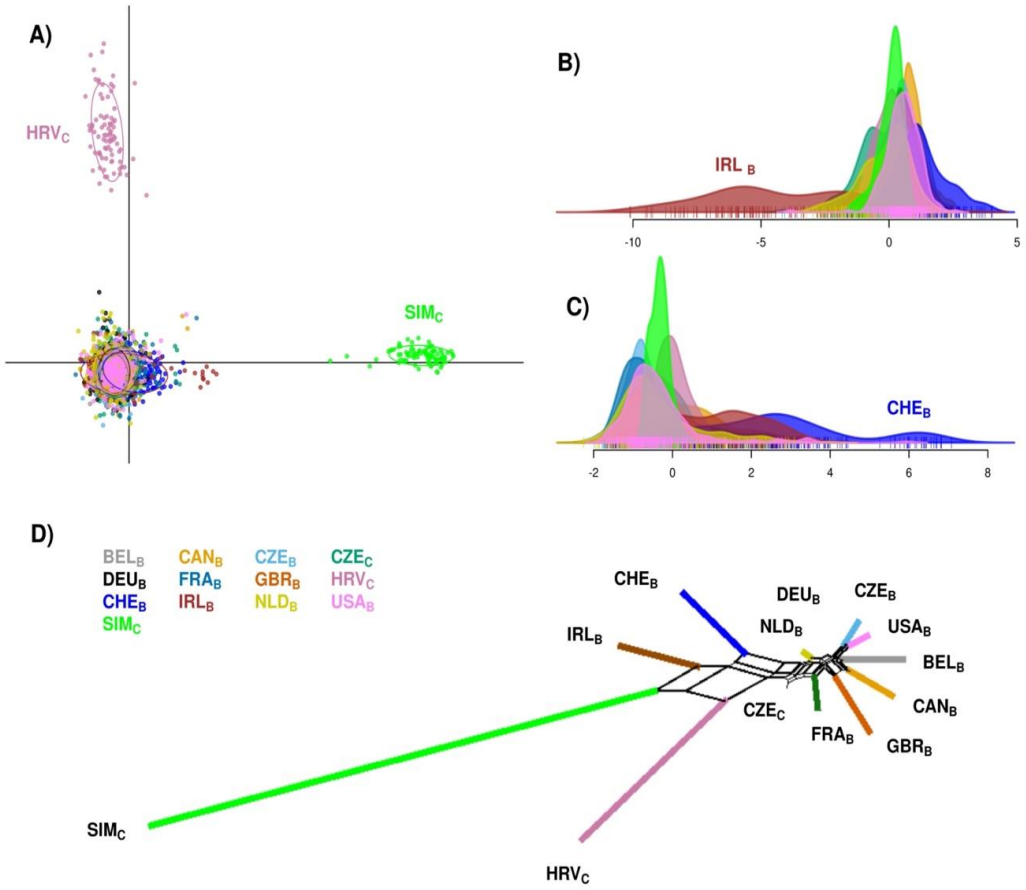
s rodokmenovým koeficientem F_x = 0,06 ukázaly, že k příbuzenské plemenitbě dochází až ve 4. generaci předků. Při studiu homozygotních úseků genomu o délce 4 Mb byly nalezeny selekční signály, úseky DNA, které se u velké části jedinců nachází v homozygotní sestavě. U těchto selekčních signálů, se očekává, že vznikají vlivem fixace genů z důsledku selekce a bývají specifické pro sledované populace. U sledovaných zvířat byly zaznamenány nejsilnější selekční signály na chromozomech BTA10 a BTA20.

Při rozboru admixie na základě fixačního koeficientu F_{ST} byly zjištěny jen malé genetické rozdíly. Největší vzdálenosti byly zjištěny mezi jedinci z Irska a ČR (F_{ST} = 0,023) a Irska a Kanady (F_{ST} = 0,021). Nejmenší genetické rozdíly byly zjištěny mezi jedinci z Německa a Belgie (F_{ST} = 0,0006). Jedinci z ČR byli geneticky nejblíže býkům z USA (F_{ST} = 0,003), kteří jsou hojně využíváni v české plemenitbě. Analýza ukázala velkou genetickou podobnost mezi jedinci z jednotlivých zemí. Podobný výsledek přinesla analýza zaměřená na populační struktury holštýnské metapopulace, založená na SNP genotypech 1 831 jedinců, převážně býků, z Belgie (BLG), Kanady (CAN), Francie (FRA), Chorvatska (HRV), Německa (DEU), Irska (IRL), Nizozemska (NED), Slovinska (SLO), Spojeného království (UK), Švýcarska (CHE) a Spojených států amerických (USA), se zvláštním zájmem o určení jejich genomové podobnosti s jedinci chovanými na území ČR (301 CZE jedinců). Podle očekávání byla mezi studovanými subpopulacemi velmi malá genetická rozdílnost. Při použití 1. a 2. diskriminační funkce došlo k oddělení populace Chorvatska a Slovinska, a při použití 3. a 4. diskriminační funkce došlo k oddělení švýcarské a irské populace. Ostatní populace nebyly oddělitelné. Nejblíže české subpopulaci byla subpopulace USA, relativně nejvíce vzdálená, s výjimkou slovinské, chorvatské, irské a švýcarské subpopulace, byla subpopulace z Nizozemí. Rozdíly mezi subpopulacemi byly minimální a tvorba genetických skupin na základě molekulárně genetických dat by byla prakticky nemožná.

Další analýza se zaměřila na porovnání samčí a samičí subpopulace, do hodnocení byly pro zvýraznění rozdílů zařazeny další světové populace, včetně skupiny krav z Chorvatska a skupina českých strakatých krav. Příbuznost populací byla vyjádřena koeficienty F_{ST}, F_{ROH}, genetickými distancemi dle Nei efektivní velikostí populace, a vícerozměrnými analýzami. Mezi českými býky a kravami byl zjištěn významný rozdíl v hodnotě inbreedingu (0,13 vs. 0,09) a v efektivní velikosti populace (150 vs. 180). Podobně vysoký stupeň inbreedingu ($F_{ROH>2Mb}$=0,111) odhadli v polské populaci holštýnského skotu Szmatoła a kol. (2019). Efektivní velikost s hodnotami nad 100 převyšovala jak minimální hodnotu doporučenou FAO, tak odhady v jiných holštýnských populacích (Sargolzaei a kol. 2008; Doekes a kol. 2018), a vykázala nárůst v posledních 10 generacích. Je pravděpodobné, že budoucí využití vysoce inbredních býků povede postupně k vysoké úrovni inbreedingu v celé populaci, což může vést ke vzniku inbrední deprese. Rozdíly mezi býky a kravami ukázala i fylogenetická síť a bayesovské shlukování (Obr. 1.), kde krávy tvořily odlišný shluk než býci. Pomocí F_{ST} byly identifikovány genomické oblasti, kde byly odlišnosti mezi býky a kravami nejvíce vyjádřeny. Geny v těchto oblastech ovlivňují zejména znaky masa a jatečně upravených těl.

Genomické plemenné hodnoty

Referenční populace rozšířená o genotypy krav byla testována v modelech užívaných k rutinnímu hodnocení znaků (produkce mléka, mléčných složek a obsah somatických buněk) i v nově vyvíjených postupech (délka březosti, zdravotní znaky).



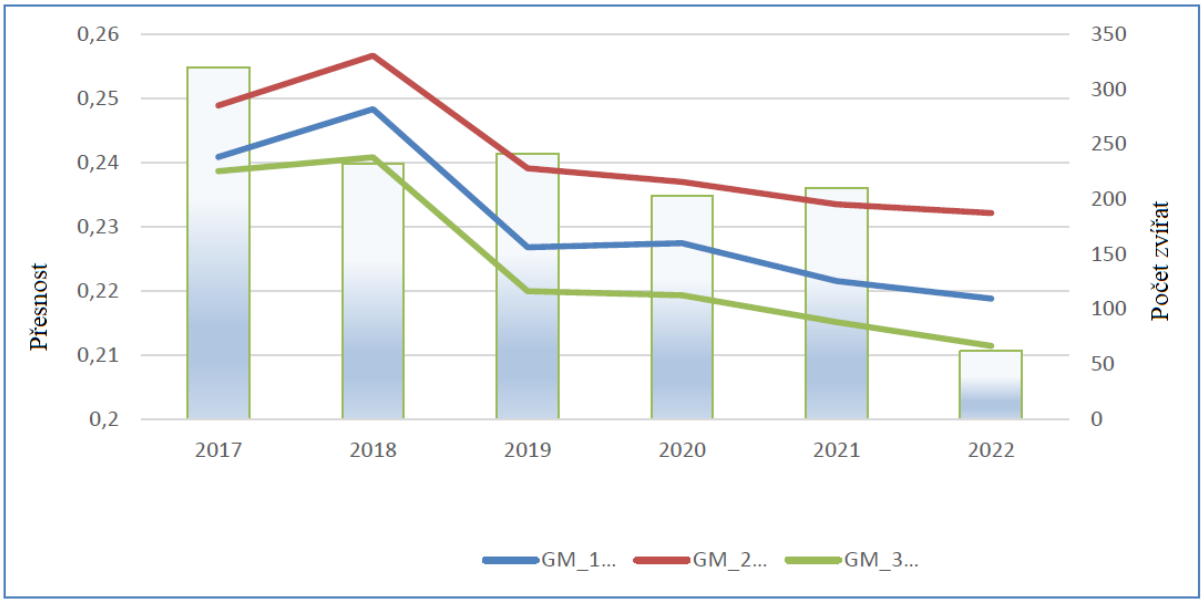
Obr. 1: Vizualizace genetické podobnosti mezi subpopulacemi českých krav (CZEC) a býků (CZEB) spolu s dalšími subpopulacemi holštýnského skotu (Belgie – BELB, Kanada – CANB, Chorvatsko – HRVC, Francie – FRAB, Nizozemí – NLDB, Irsko – IRLB, Velká Británie - GBRB, Německo - DEUB, Švýcarsko - CHEB, USA - USAB) a českého strakatého skotu (krávy, SIMc). A) Rozdílnost prezentovaná pomocí prvních dvou diskriminačních komponent funkce DAPC. B) Rozdílnost prezentovaná třetí diskriminační komponentou DAPC. C) Rozdílnost prezentovaná čtvrtou diskriminační komponentou DAPC. D) Neighbor-Net párové Neiovy genetické distancemi.

Stávající model využívaný k rutinnímu odhadu PH pro znaky produkce mléka byl laděn s ohledem na zakomponování genomické informace. V prvním kroku byly srovnány výpočty různými metodami (tj. programové balíky DMU, BLUPF90 a rutinní výpočet navržený Mgr. Čermákem pro Plemdat). Spolehlivost výsledků PH byla navržena podle hladiny konvergence BLUP řešení. Byl prověřen soubor vstupních užitkovostí a ověřen postup při tvorbě pevných efektů. Na základě aktualizovaného modelu byly vypočteny nové genetické parametry pro RRTDM, který odhaduje PH na základě prvních tří normovaných laktací s prokládáním laktačních křivek pomocí Legendrových polynomů. Byly připraveny kovarianční matice a parametrické soubory pro BLUPF90.
Nové genetické parametry měly vyšší spolehlivost s nejvyšším zlepšením u somatických buněk. Navržený postup byl méně náročný na výpočetní čas. Přestože korelace mezi prověřovanými výpočty vykazovaly shodu výsledků, byly u některých jedinců zjištěny až do dvojnásobku směrodatné odchylky PH. Pro další využití byl doporučen postup založený na Legendrových polynomech třetího stupně, kdy dojde ke

zmenšení soustavy rovnic cca o jednu třetinu, a tím pádem k rychlejšímu výpočtu při zachování spolehlivosti odhadu.

Délka březosti je geneticky spojena s průběhem porodů, ale také se zdravotním stavem krávy, její následnou plodností a délkou produkčního života. Byl připraven postup úpravy vstupních dat, která jsou k dispozici v databázi reprodukce. Délka březosti byla dopočtena z data otelení a data předcházející poslední inseminace. Byly prověřeny pevné efekty a navržen model pro genomické hodnocení, který uvažuje délku březosti jako vlastnost narozeného jedince s ohledem na maternální vliv krávy a opakovatelnost mezi jednotlivými březostmi. Byly odhadnuty genetické parametry se střední přímou dědivostí (0,49) a nízkou maternální dědivostí (0,05). Zařazení genomické informace přineslo výrazné navýšení spolehlivosti u mladých genotypovaných zvířat, která dosáhla hodnoty 64 % u mladých býků a 0,68 u jalovic. Genetický trend ukázal postupné zkracování březosti, které bylo do určité míry kompenzováno prodlužováním maternální složky.

Znaky zdraví jsou v české populaci nově zaváděné. Jejich sledování neprobíhá plošně, údaje o jejich fenotypech jsou zadávány na základě dobrovolnosti cca třetinou chovatelů. Dědivosti znaků zdraví jsou obecně nízké, proto pro jejich využitelnost ve šlechtění může být genomická informace klíčová.



Graf 2: Průměrná přesnost GEPH býků pro odolnost vůči klinické mastitidě odhadovaná s referenční populací zahrnující GM_1 pouze býky, GM_2 býky a krávy s vlastním fenotypem, GM_3 býky a všechny genotypované krávy.

Byl testován dopad složení referenční populace na spolehlivost hodnocení odolnosti vůči klinické mastitidě, nemocem paznehtů a reprodukčním poruchám. Do referenční populace byli postupně zapojováni býci s dcerami a genotypem, mladí býci s genotypem, krávy s genotypem a vlastním fenotypem, jalovice s genotypem. Byl ověřen dopad vyřazení starých zvířat, která již nemusejí odpovídat genetickému složení, z referenční populace.

Obecně vedlo zapojení genomické informace k významnému navýšení spolehlivosti odhadu GEPH u mladých zvířat bez vlastního fenotypu, a to až na dvojnásobek ve srovnání s konvenčním odhadem. Pokud se využily pouze SNP genotypy býků, došlo k významnému nárůstu spolehlivosti GEPH otců krav s fenotypem, a také u mladých býčků – kandidátů selekce. Zařazení genotypovaných krav s vlastním

fenotypem mírně navýšilo průměrnou spolehlivost odhadu v celém souboru zvířat (jedinci s fenotypem + 3 generace předků), narostla zejména spolehlivost odhadu u genotypovaných krav, a to zhruba na dvojnásobek ve srovnání s kravami bez genotypu. V některých případech střední spolehlivosti odhadů mladých krav převyšovaly spolehlivosti mladých býků, což naznačovalo jejich lepší propojení s domácí populací propojenou s kontrolou užitkovosti. Přínos rozšíření referenční populace jersey o genotypy krav konstatovali např. Gao a kol. (2015), kteří zjistili nejvyšší zisk ve spolehlivosti odhadu kombinaci býků se všemi genotypovanými kravami. Pozitivní dopad genotypovaných krav v referenční populaci zjistili na základě simulační studie také Thomasen a kol. (2020), kteří následně zaznamenali nárůst genetického zisku a snížení hodnoty inbreedingu.

Závěr

Genotypování na bovinních SNP čipech umožnilo rozšíření referenční populace o krávy s domácí užitkovostí a doplnění genotypů mladých býků a jalovic. Na základě analýzy genomických údajů byla zjištěna vysoká homozygotnost zejména samčí části populace, která byla blízká holštýnské populaci USA a odzrcadlila tak intenzivní import plemenného materiálu. I relativně nízký podíl genotypovaných zvířat významně ovlivnil hodnocení velkého počtu negenotypovaných jedinců propojených smíšenou maticí příbuznosti **H**. Významný byl zejména příspěvek býků, kteří se s vysokým počtem potomků promítnou ve větším podílu populace. U krav nelze očekávat podobně vysoký příspěvek, zejména když se jedná o navýšení spolehlivosti odhadu nízce dědivých znaků. Při vyšších počtech genotypovaných samičích jedinců v referenční populaci se jejich příspěvek k navýšení spolehlivosti pohyboval v průměru mezi 2 – 5 % a jeho dopad byl významnější u mladých genotypovaných jedinců.

Seznam literatury

Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, Legarra A, Tsuruta S, Lawlor TJ. Hot Topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J Dairy Sci*. 2010 Feb;93(2):743–52. doi:10.3168/jds.2009-273 0

Doekes HP, Veerkamp RF, Bijma P, Hiemstra SJ, Windig JJ. Trends in genome-wide and region-specific genetic diversity in the Dutch-Flemish Holstein-Friesian breeding program from 1986 to 2015. Genet Sel Evol. 2018;50:15. doi:10.1186/s12711-018-0385-y

Gao H, Madsen P, Nielsen US, Aamand GP, Su G, Byskov K, Jensen J. Including different groups of genotyped females for genomic prediction in a Nordic Jersey population. *J Dairy Sci*. 2015 Dec;98(12)9051-9059. doi:10.3168/jds.2015-9947.

Garcia-Ruiz A, Cole JB, VanRaden PM, Wiggans GR, Ruiz-Lopez FJ, Van Tassell CP. Cahnges in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. *PNAS*. 2016 Jun;E3995-E4004. Doi:10.1073/pnas.1519061113/-/DCSupplemental

Kemper KE, Reich CM, Bowmann PJ, Vander Jagt CJ, Cjamberlain AJ, Mason BA, Hayes BJ, Goddard ME. Improved precision of QTL mapping using a nonlinear Bayesian method in multi-breed population leads to greater accuracy of across-breed genomic prediction. *Genet Sel Evol*. 2015;47:29. Doi:101186/s12711-014-0074-4.

Legarra A, Aguilar I, Misztal I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J Dairy Sci*. 2009 Sep;92(9):4656-63. doi: 10.3168/jds.2009-2061.

Lourenco DAL, Tsuruta S, Fragomeni BO, Masuda Y, Aguilar I, Legarra A, Bertrand JK, Amen TS, Wang L, Moser DW, Misztal I. Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. *J Anim Sci.* 2015;93:2653-2662. doi:10.2527/jas2014-8836.

Meuwissen T, Hayes B, Goddard M. Genomic selecton: A paradigm shift in animal breeding. *Anim Front*. 2016 Jan;6(1):6-14. doi:10.2527/af.2016-0002

Misztal I, Tsuruta S, Lourenco DAL, Masuda Y, Aguilar I, Legarra A, Vitezica Z. 2018. Manual for BLUPF90 family programs. University of Georgia. http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation

Pryce JE, Gonzales-Recio O, Nieuwhof G, Wales WJ, Coffey MP, Hayes BJ, Goddard ME. *Hot topic*: Definition and implementation of breeding value for feed efficiency in dairy cows. *J Dairy Sci.* 2015;98(10):7340-7350. doi:10.3168/jds.2015-9621

Sargolzaei M, Schenkel FS, jansen GB, Schaeffer LR. Extent of linkage disequilibrium in Holstein cattle in North America. *J Dairy Sci.* 2008;91:2106-2117. doi:10.3168/jds.2007-0553

Sargolzaei M, Chesnais JP & Schenkel FS. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. *BMC Genomics.* 2014; (15): 478. https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-478

Szmatoła T, Gurgul A, Jasielczuk I, Ząbek T, Ropka-Molik K, Litwińczuk Z, Bugno-Poniewierska M. A comprehensive analysis of Runs of Homozygosity of eleven cattle breeds representing different production types. *Animals*. 2019;9:1024. doi:10.3390/ani9121024.

Thomasen JR, Liu H, Sørensen AC. 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.* 2015 Jan;103(1):597-606. doi:10.3168/jds.2019-16974.

VanRaden PM. Efficient methods to compute genomic predictions. *J Dairy Sci*. 2008 Nov;91(11):4414–23. doi:10.3168/jds.2007-0980

Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i. v Uhříněvsi. PxSNP v1.0. Autoři: Klímová, A. a Klíma, J. Česká republika. Software PxSNP. 2020.

Weller JI, Ezra E, Ron M. *Invited review*: A perspective on the future of genomic selection in dairy cattle. *J Dairy Sci*. 2017 Nov;100(11):8633–44. doi:10.3168/jds.2017-12879

Wiggans GR, VanRaden PM, Cooper TA. The genomic evaluation systém in the United States: past, present, future. *J Dairy Sci*. 2011 Jun;94(6):3202–11. doi:10.3168/jds.2010-3866

Vyhodnocení obecné odolnosti u dojnic

Ludmila Zavadilová, Eva Kašná, Jan Vařeka

Dedikace: Příspěvek vznikl s podporou Národní agentury pro zemědělský výzkum Ministerstva zemědělství ČR, projektu NAZV QK22020280 a institucionální podpory MZE-RO0723.

Souhrn

Cílem příspěvku je výpočet ukazatelů obecné odolnosti u krav a vyhodnocení vlivů na ně působících. Pro stanovení indikátorů obecné odolnosti u krav byla využita data o denních nádojích. Po editaci zůstalo v souboru 254 141 údajů o denních nádojích ze sedmi podniků, z let 2022 až 2023. Podniky využívaly tři technologie dojení, dojírnu, robotickou dojírnu a dojící roboty. Pro výpočet predikované laktační křivky u jednotlivých laktací byla použita regresní funkce popsaná Legendrovými polynomy třetího stupně. Kolísání užitkovosti popsaly celkem čtyři parametry, a to variance denního nádoje, a dále tři ukazatele definované na základě odchylek skutečné užitkovosti od predikované laktační křivky, konkrétně variance, lag-1 autokorelace a šikmost odchylek. Všechny hodnocené ukazatele byly statisticky významně ovlivněny systematickými efekty prostředí jako je podnik (potažmo využitá technologie dojení), rok a období otelení, pořadí laktace a průměrná užitkovost dojnice. Byly také shledány patrné rozdíly mezi hodnocenými plemennými skupinami. Při dalších analýzách, tj. při odhadech genetických parametrů i genomických plemenných hodnot, bude třeba tyto efekty zohlednit v modelových rovnicích.
Klíčová slova: dojený skot; obecná odolnost; laktační křivka; denní dojivost

Summary

The paper aims to calculate indicators of resilience in cows and evaluate the effects on them. After editing, 254,141 data on daily milk yield from seven farms from 2022 to 2023 remained in the file. The farms used three milking technologies: a milking parlour, a robotic milking parlour, and milking robots. A regression function described by Legendre polynomials of the third degree was used to calculate the predicted lactation curve for individual lactations. The yield fluctuations were represented by four parameters in total, namely the variance of daily milk yield, as well as three indicators defined based on deviations of actual yield from the predicted lactation curve, namely variance, lag-1 autocorrelation and skewness of deviations. All evaluated indicators were statistically significantly influenced by systematic effects of the environment, such as the farm (thus the milking technology used), the year and calving season, the order of lactation and the average productivity of the dairy cow. Noticeable differences were also found between the breed groups. In further analyses, i.e., the model equations must consider these effects in estimating genetic parameters and genomic breeding values.
Keywords: dairy cattle; resilience; lactation curve; daily milk yield

Úvod

Rychlý rozvoj technologií a šíření nástrojů precizního zemědělství v chovech hospodářských zvířat vede k bezprecedentnímu nárůstu objemu a dostupnosti dat. Jedná se o výstupy z plně automatizovaných systémů nebo fenotypizačních platforem založených na digitálních snímcích, senzorech, zvucích, bezpilotních systémech a neinvazivním počítačovém vidění, které v kombinaci s bohatými molekulárními informacemi z oblasti genomiky, transkriptomiky, proteomiky či metabolomiky a údaji o chovatelských podmínkách mohou přispět k monitorování a řízení chovu v reálném čase pomocí informací na míru. Tato data jsou dále významným zdrojem informací pro oblast výzkumu: umožňují lépe porozumět složitým interakcím a základním biologickým a fyziologickým procesům u hospodářských zvířat prostřednictvím přesnější definice, standardizace a automatizovaného shromažďování záznamů o ekonomicky významných znacích a vlastnostech, jejichž vývoj je mapován od genové exprese až k finálnímu produktu. Jednou z nově popisovaných vlastností, jejíž hodnocení úzce souvisí s dostupností tohoto typu dat, je obecná odolnost zvířat.

Obecná odolnost je definovaná jako schopnost odolávat nebo být jen minimálně zasažen krátkodobými rušivými vlivy, případně se po jejich odeznění co nejrychleji vrátit do původního stavu (Colditz a Hine, 2016; Berghof a kol. 2019). Četnost takových rušivých vlivů (vlny veder, kvalita krmiva, výskyt patogenů atp.) narůstá v souvislosti s dopady klimatické změny. Je proto důležité zlepšovat obecné odolnosti dojnic, a jednou z možností, jak dosáhnout tohoto cíle, je genetická selekce. Genetická selekce je podmíněna přesnou definicí ukazatelů obecné odolnosti a jejich vyčíslením. Koncept obecné odolnosti úzce souvisí s konceptem robustnosti. Jak robustnost, tak i obecné odolnosti jsou součástí adaptability zvířat. Zatímco robustnost vyjadřuje schopnost zvířete vykázat dobrou užitkovost/výkonnost i v dlouhodobě nepříznivých podmínkách prostředí, obecné odolnosti se vztahuje ke krátkodobě, nárazově působícím stresorům (Colditz a Hine, 2016; Llonch a kol. 2020). Na zvládání krátkodobých rušivých vlivů se podílí celá řada procesů, od jejich vnímání prostřednictvím neurosenzorů, chemosenzorů a imunosenzorů, přes jejich integraci, tvorbu emocí a zapojení fyziologických, behaviorálních, imunitních, kognitivních a morfologických reakcí, které organismus brání proti jejich působení (Colditz a Hine, 2016). Odolnost je tak velmi komplexní vlastnost, která se v praxi vyznačuje stabilními, přiměřeně silnými projevy životních funkcí bez výrazných odchylek od standardního průběhu. Jak upozorňují Llonch a kol. (2020) a potvrzují výsledky Poppe a kol. (2022), odolnost může být spojená s konkrétním typem stresoru, a například dojnice odolná vůči tepelnému stresu nemusí dobře zvládat infekční onemocnění. Klíčové je vybrat měřenou odezvu tak, aby byla dostatečně reprezentativní: Poppe a kol. (2022) doporučují neomezovat se při měření odolnosti pouze na jeden znak, ale doplnit další indikátory s přidanou hodnotou, které pokryjí další možná hlediska obecné odolnosti. Podle Llonche a kol. (2020) je možné mapovat jak strategie, kterými se dojnice vyrovnávají s působením stresoru (např. omezení aktivity, snížení příjmu krmiva), tak i důsledky takto změněného chování (snížená užitkovost, hmotnost, tělesná kondice atp.).

Abychom byli schopní určit rozsah a délku trvání reakce, je nezbytné měřit vybrané vlastnosti dlouhodobě a pokud možno nepřetržitě tak, aby zachytily jedince před, v průběhu i po odeznění působení stresoru. U dojeného skotu se vývoj ukazatelů obecné odolnosti zaměřil hlavně na denní záznamy produkce mléka (Elgersma a kol. 2018; Poppe a kol. 2020; Chen a kol. 2023), které jsou objektivně měřitelné a snadno dostupné ve velkém množství za běžných provozních podmínek.

První studii zaměřenou na využití dat z automatických dojicích systémů pro definování znaků odolnosti dojnic provedli Elgersma a kol. (2018), kteří vyhodnotili tři ukazatele popisující kolísání denního nádoje: (1) počet poklesů užitkovosti za laktaci na základě klouzavého průměru, (2) počet poklesů

užitkovosti na základě regrese a (3) přirozený logaritmus rozptylu denních nádojů krávy LnVar_R do 335 dne laktace. Dědivost znaků poklesu byla 0,08 pro klouzavý průměr a 0,06 pro regresi, dědivost přirozeného logaritmu rozptylu dosáhla hodnoty 0,10. Genetická korelace mezi znaky poklesu (0,87) ukázala na jejich vysokou genetickou podobnost, zatímco genetická korelace obou znaků s přirozeným logaritmem rozptylu (0,32-0,26) ukazuje na geneticky odlišné znaky, a tedy různé složky odolnosti.

Pro nalezení nejlepšího indikátoru odolnosti byly vypočteny parciální genetické korelace a relativní příspěvek ke spolehlivosti odhadu znaků plodnosti, zdraví a dlouhověkosti. Nejsilnější vazba byla nalezena mezi LnVar_R a zdravím vemene, ketózou a dlouhověkostí, a také relativní příspěvek ke spolehlivosti odhadu ukázal, že LnVar_R obsahuje nové informace, které lze využít při predikci zdraví vemene, ketózy a dlouhověkosti, a to i v případě, že je již zohledněn průměrný nádoj a perzistenci laktace.

Nevýhodou předchozího způsobu je to, že nezohledňuje přirozené, fyziologické změny užitkovosti v průběhu laktace. Berghof a kol. (2019) proto navrhli měřit obecnou odolnost na základě odchylek mezi očekávanou a skutečnou užitkovostí (reziduí) v určitém časovém období. Celkem čtyři vybrané indikátory zahrnovaly (1) rozptyl odchylek, který vyjadřuje dopad nepříznivého vlivu. Nízký rozptyl ukazuje na zvířata nezasažená nebo neovlivněná stresorem. (2) Autokorelace, tj. vzájemná závislost odchylek od očekávaného průběhu, odhaluje délku působení nepříznivých vlivů. Pokud je autokorelace blízká 0, následné stavy jsou na sobě nezávislé, a znamená to, že zvířata buď nejsou vystavena stresovým vlivům, nebo jsou schopná se velmi rychle zotavit. Hodnoty autokorelace blížící se +1 vyjadřují podobnost následných stavů a ukazují na pomalé zotavování zvířat vystavených stresovým vlivům. Naopak hodnoty blížící se -1 vyjadřují, že následné stavy jsou v podstatě opačné, a mohou ukázat na velmi rychlou až překotnou reakci na stresory, jakou je např. kompenzační růst. (3) Šikmost odchylek udává směr odchylek produkce od jejich předpokládané výše, tj. snížení produkce u zvířat se zápornou šikmostí, nulový dopad stresorů při šikmosti rovné 0 a pozitivní reakci na vlivy prostředí v případě šikmosti kladné. (4) Sklon reakční normy je často využíván při popisu působení infekčního tlaku (Doeschl-Wilson a kol. 2021) nebo tepelného stresu (Mulder, 2016). Hodnoty blízké nule charakterizují zvířata nezasažená působením nepříznivých vlivů, zatímco strmější sklon reakční normy odpovídá silnějšímu dopadu stresorů.

Využitelnost tří výše navržených indikátorů, tj. LnVar, autokorelace, šikmosti odchylek a pro srovnání také logaritmovaného rozptylu užitkovosti LnVar_R hodnoceného dříve Elgersmou a kol. (2018), ověřili v podmínkách nizozemské populace holštýnského skotu Poppe a kol. (2020). Výsledky byly závislé na metodě predikce očekávané užitkovosti, kde byly srovnány neparametrické metody (klouzavý průměr a pohyblivý medián) s metodami založenými na modelování laktační křivky (Wilminkova laktační křivka, kvantilová polynomiální regresní metoda). Nejzajímavějším ukazatelem byl LnVar, který měl nejvyšší dědivost (h^2=0,20-0,24) a společně s LnVar_R ukázali nejsilnější genetické korelace se znaky zdraví, dlouhověkosti, plodnosti, metabolickými a produkčními znaky, které jsou pro definování toho, co očekáváme od odolných zvířat, klíčové. Dědivost autokorelace byla nízká (h^2=0,06-0,09), a její hodnoty blízké nule byly geneticky propojeny s lepšími parametry zdraví, plodnosti, dlouhověkosti, vyšším příjmem sušiny, vyšším skóre tělesné kondice a nižší produkcí mléka. Jednalo se však o slabé vazby s genetickými korelacemi v intervalu od -0,21 do 0,20. Využitelnost šikmosti odchylek se vzhledem k zanedbatelné dědivosti (0,01-0,02) a nízkým, často nepředvídatelným genetickým korelacím ukázala být omezená. Genetické korelace mezi analyzovanými ukazateli byly nízké, což potvrdilo, že se jedná o geneticky odlišné vlastnosti, a tedy různé složky odolnosti. V případě LnVar, který vyjadřuje dopad stresoru, a autokorelace indikující rychlost zotavení navrhli Poppe a kol. (2020) jejich propojení ve společném indexu.

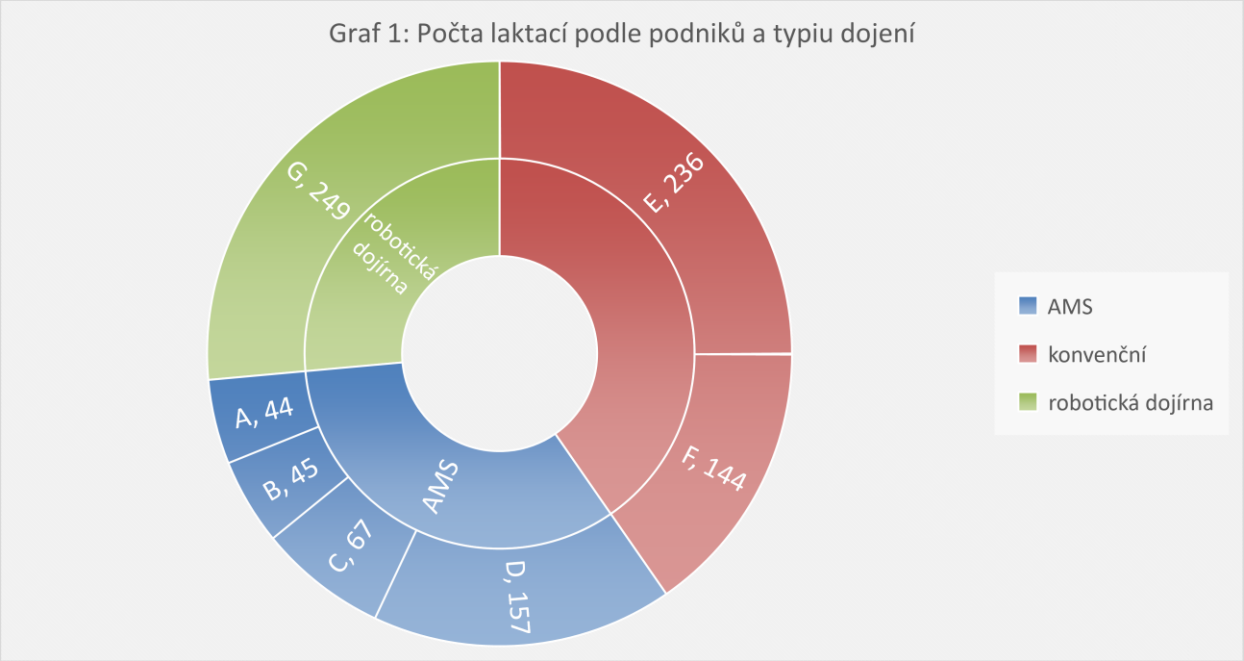
Hodnocení LnVar a autokorelace se dále objevuje v práci Chen a kol. (2023), kteří navíc sledovali četnost výskytu narušení produkce a akumulované ztráty mléka během nich. Tito autoři se zaměřili na porovnání ukazatelů odolnosti napříč prvních tří laktací a zjistili, že zatímco genetické korelace odolnosti mezi 2. a 3. laktací jsou silné (0,88-0,96), odolnost na 1. laktaci korelovala s ostatními slaběji (0,34-0,88). Ukazatele odolnosti na různých laktacích tak lze považovat za různé znaky, které mohou podchytit dodatečné biologické mechanismy vázané na stádium růstu a vývoje dojnice.

Cílem předkládaného příspěvku je výpočet ukazatelů obecné odolnosti u krav a vyhodnocení vlivů na ně působících.

Materiál a metodika

Datové zdroje

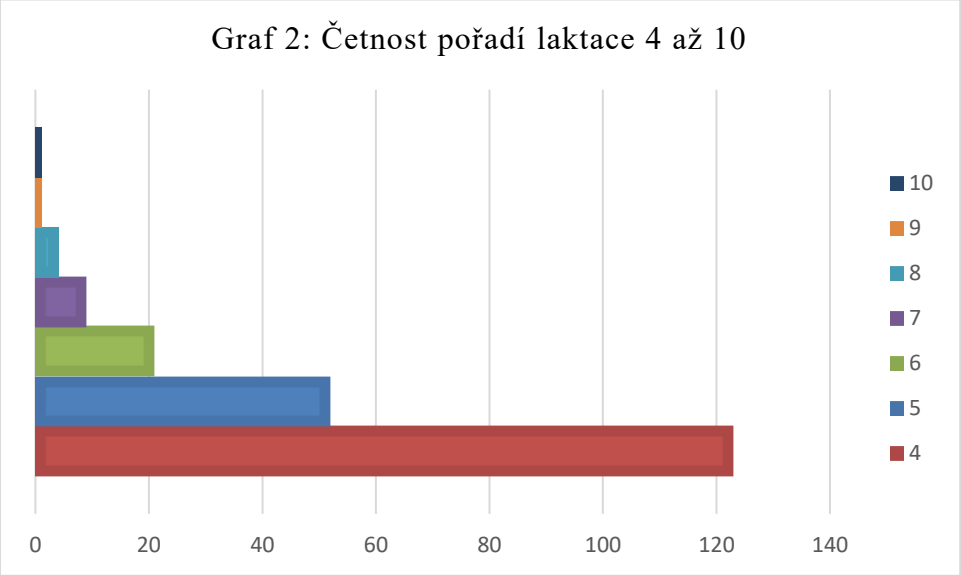
Pro stanovení indikátorů obecné odolnosti u jednotlivých zvířat byla využita data o denních nádojích přibližně o velikosti 1 mil. záznamů z interní databáze VÚŽV, která uchovává denní nádoje ze spolupracujících zemědělských podniků. Po editaci, která se týkala minimálního počtu záznamů na laktaci, sledování nádojů od počátku laktace, kontinuální sledování dojivosti apod., zůstalo v souboru 254 141 údajů o denních nádojích ze sedmi podniků, z let 2022 až 2023. Podniky, celkem 7, využívaly tři různé technologie dojení, dojírnu, robotickou dojírnu a dojící roboty. Rozložení laktací mezi podniky a typy dojení znázorňuje Graf 1.



A-G – hodnocené podniky a počty sledovaných dojnic; technologie dojení: 4 podniky s AMS, tj. dojicím robotem, 1 podnik s kruhovou robotickou dojírnou, 2 podniky s konvenční dojírnou.

Do výpočtu byly použity první až desátá laktace, když čtvrtá až desátá laktace byly sloučeny do jedné třídy, jak je popsáno v tabulce 1. Na každou krávu připadla pouze jedna laktace.

Tab. 1 Počty použitých laktací (krav).



	Počet	Podíl %
1. laktace	351	37,26
2. laktace	238	25,27
3. laktace	142	15,07
4. - 10. laktace	221	22,40

Plemenná příslušnost je popsána v Tab. 3, přičemž počet čistokrevných jedinců plemene české strakaté (C100) byl 99 a plemeno holštýnského (H100) 757 krav. Skupina kříženců (K) je představována jedinci, u kterých ani jedno plemeno výrazně nepřevažuje. Tři sledované podniky byly zaměřeny na chov holštýnského skotu, jeden podnik choval české strakaté plemeno, na dvou farmách byla zastoupena obě plemena, na jedné převážně různopodíloví kříženci obou plemen.

Tab. 3: Počty sledovaných dojnic podle plemene

Plemenná skupina	Četnost	Relativní četnost (%)
C ≥ 75 (C)	111	11,78
H ≥ 75 (H)	801	85,03
C × H (K)	30	3,18

C – české strakaté; H – holštýnské; K – kříženky

Období otelení je soustředěno převážně do konce roku 2022, kdy byl zahájen sběr dat, a první poloviny roku 2023 (viz Tab. 4).

Tab. 4: Rok a období otelení

		Období otelení v měsících roku				
		leden–březen	duben–červen	červenec–září	říjen–prosinec	Součet
Rok otelení	2022	0	23	47	214	284
	2023	359	299	0	0	658
	Součet	359	322	47	214	942

Predikce laktační křivky a stanovení odchylek od predikované užitkovosti

První krokem při příprava ukazatelů obecné odolnosti bylo definování laktací a nádojů za laktaci. Vzhledem k omezenému počtu naměřených hodnot bylo přistoupeno k použití podsouborů o různé délce laktace: do 150 dnů, v rozpětí od 150 do 250 dnů a 305 dnů. Zásadní požadavek byl, aby vždy byl podchycen počátek laktace minimálně pátý den laktace a počet chybějících nádojů nepřesahoval 17,8 % tj. pro tento soubor 10 % veškerých laktací mělo vyšší podíl chybějících nádojů.

Jak je zřejmé z Tab. 5, nejnižší počty laktací byly analyzovány pro laktaci o délce do 150 dnů a do 305 dnů. Kategorie v širším rozpětí 150-250 dnů má vyšší počet na úkor srovnatelnosti hodnot ukazatelů obecné odolnosti, protože délky laktací jsou v rozpětí sto dnů.

Tab. 5: Délka analyzované laktace

Délka laktace ve dnech	Počet	Podíl (%)	Průměrný počet nádojů	Průměrná délka ve dnech
150 dnů	183	19.43	132,6	137,1
150-250 dnů	498	52.87	184,9	198,0
305 dnů	261	27.71	257,0	280,0

Pro výpočet predikované laktační křivky u jednotlivých laktací byla použita regresní funkce popsaná Legendrovými polynomy třetího stupně.

Predikce laktační křivky je standardně založena na regresních funkcích. Náhodná regresní funkce s Legendrovým polynomem třetího či čtvrtého stupně (Jacobsen et al. 2002; Oliveira et al. 2019) má tuto funkci

$$Y_t \sum_{i=0}^{n} k_i \emptyset_i(x),$$

kde x je standardizovaný laktační den t podle vzorce $x=2(t-t_{min})/(t_{max}-t_{min})-1$, kde t_{min} a t_{max} jsou minimální a maximální hodnoty dnů laktace použité ve vyhodnocení, k_i jsou odhadnuté koeficienty laktační křivky, parametr $\emptyset_i(x)$ je normalizovaný polynom, který je vypočten podle vzorce

$$\emptyset_i(x) = \sqrt{\frac{2n+1}{2}}\, P_n(x),$$

kde P_n (x) je polynom stupně n.

Výpočet odchylek denní užitkovosti

Predikce očekávané užitkovosti pomocí náhodné regrese s Legendrovým polynomem 3. stupně byla provedena procedurou Proc Reg (SAS/STAT software, ®9.4). Odchylky denního nádoje jsou dopočteny pro každou dojnici jako rozdíly mezi predikovanou a skutečnou hodnotou nádoje. Záporné odchylky znamenají, že skutečná užitkovost je nižší než predikovaná. Denní odchylky (rezidua) dále slouží pro

výpočet vlastních indikátorů obecné odolnosti: variance odchylek, autokorelace odchylek a šikmosti odchylek.

Indikátory obecné odolnosti

Na základě nejdostupnější a v populaci rutinně měřené vlastnosti – denního nádoje – byly stanoveny čtyři možné indikátory obecné odolnosti dojnic pro každou hodnocenou laktaci:

1. přirozený logaritmus rozptylu denních nádojů - LnVar_R,
2. přirozený logaritmus rozptylu odchylek od očekávané užitkovosti - LnVar,
3. autokorelace odchylek od očekávané užitkovosti - r_{auto}
4. šikmost odchylek od očekávané užitkovosti – šikmost

Jako pomocný ukazatel užitkovosti byl pro každou laktaci stanoven průměr denních nádojů za laktaci. Vyhodnocení pevných efektů stádo, typ dojení, podnik, rok a období otelení, výše užitkovosti, plemenná příslušnost bylo provedeno metodou zobecněných nejmenších čtverců při použití Proc GLM (SAS/STAT software, ®9.4). Pro zpracování souborů a další analýzy byl použit statistický program SAS (SAS/STAT software, ®9.4). Autokorelace byly vypočteny v programu Excel, použity lag-1 autokorelace.

Výsledky a diskuze

Pro vlastní vyhodnocení jsme vypočetli základní statistické ukazatele pro indikátory obecné odolnosti zvlášť pro jednotlivé délky laktace. Z Tab. 6 až 8 plyne, že průměr logaritmu variance denní užitkovosti LnVar_R je vyšší než průměr logaritmu variance odchylek od očekávané užitkovosti LnVar. Průměr autokorelací r_{auto} je kladný, průměr šikmosti je záporný. Průměr denní užitkovosti je velmi podobný pro všechny délky laktace. SD je nejvyšší u ukazatelů pro délku laktace do 305 dnů a pro průměr denní užitkovosti u laktace do 150 dnů.

Tab. 6: Základní statistické hodnoty pro ukazatele obecné odolnosti pro délku laktace do 150 dnů

Ukazatel obecné odolnosti	N	Průměr	SD	Min	Max
Logaritmus variance denní užitkovosti	183	3,64	0,70	2,02	5,53
Logaritmus variance odchylek od očekávané užitkovosti	183	2,88	0,94	0,98	5,17
Autokorelace odchylek od očekávané užitkovosti	183	0,21	0,32	-0,46	0,81
Šikmost odchylek od očekávané užitkovosti	183	-0,67	0,78	-4,18	2,00
Průměr denní užitkovosti	183	39,04	7,31	12,81	57,70

N – počet pozorování; SD směrodatná odchylka; Min – minimální hodnota; Max – maximální hodnota

Tab. 7: Základní statistické hodnoty pro ukazatele obecné odolnosti pro délku laktace do 250 dnů

Ukazatel obecné odolnosti	N	Průměr	SD	Min	Max
Logaritmus variance denní užitkovosti	498	3,73	0,74	1,33	6,16
Logaritmus variance odchylek od očekávané užitkovosti	498	2,93	0,87	0,74	5,45
Autokorelace odchylek od očekávané užitkovosti	498	0,23	0,32	-0,53	0,86
Šikmost odchylek od očekávané užitkovosti	498	-0,86	0,88	-3,90	2,42
Průměr denní užitkovosti	498	39,82	6,86	17,36	58,99

N – počet pozorování; SD směrodatná odchylka; Min – minimální hodnota; Max – maximální hodnota

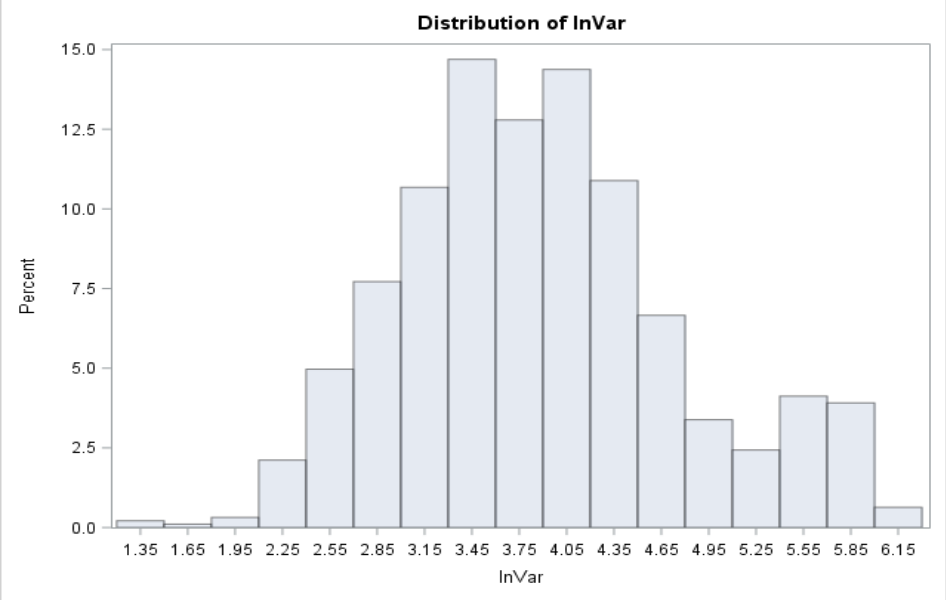
Tab. 8: Základní statistické hodnoty pro ukazatele obecné odolnosti pro délku laktace do 305 dnů

Ukazatel obecné odolnosti	N	Průměr	SD	Min	Max
Logaritmus variance denní užitkovosti	261	4,35	1,08	1,83	6,18
Logaritmus variance odchylek od očekávané užitkovosti	261	3,58	1,22	1,35	5,51
Autokorelace odchylek od očekávané užitkovosti	261	0,34	0,28	-0,54	0,85
Šikmost odchylek od očekávané užitkovosti	261	-0,86	1,14	-3,72	1,00
Průměr denní užitkovosti	261	39,62	6,75	15,26	54,39

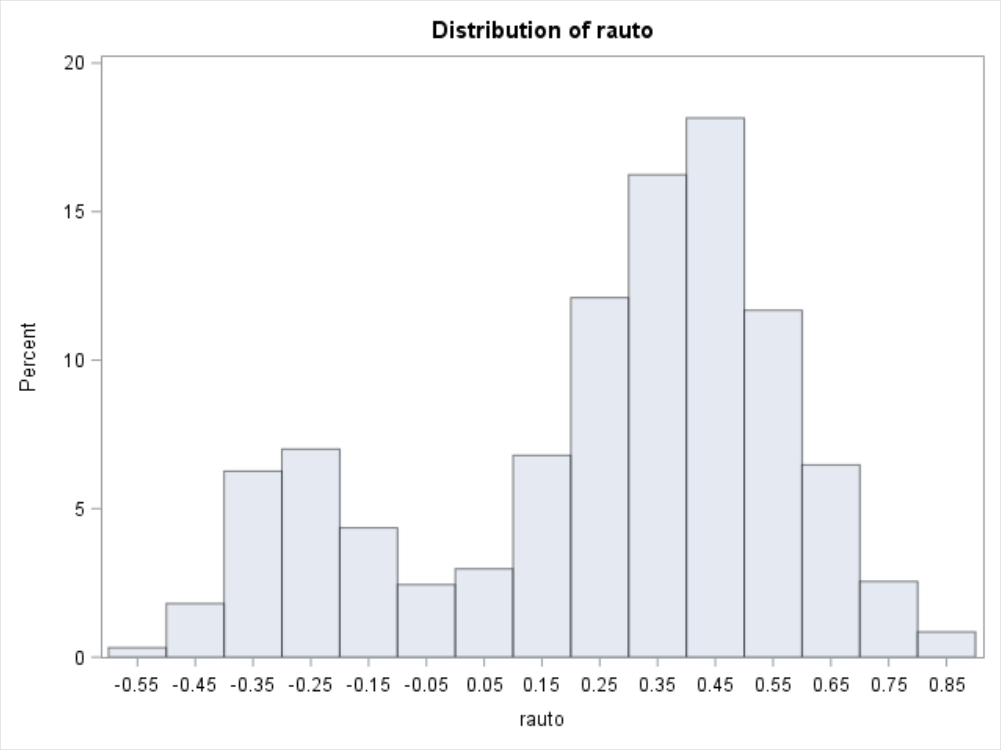
N – počet pozorování; SD směrodatná odchylka; Min – minimální hodnota; Max – maximální hodnota

Přirozené logaritmy obou variancí přiblížily rozdělení jejich četností normálnímu rozdělení, jak ilustruje Graf 3 pro logaritmus variance denního nádoje. Graf 4 ukazuje rozdělení četností lag-1 autokorelací v souboru, které vykázaly plošší než normální rozdělení s převahou kladných hodnot a druhotným peakem v záporných hodnotách. Naopak z Grafu 5 vyčteme, že u šikmosti odchylek hodnocených na základě laktací do 150. dne převažovaly záporné hodnoty, což platilo i pro ostatní hodnocené délky laktací.

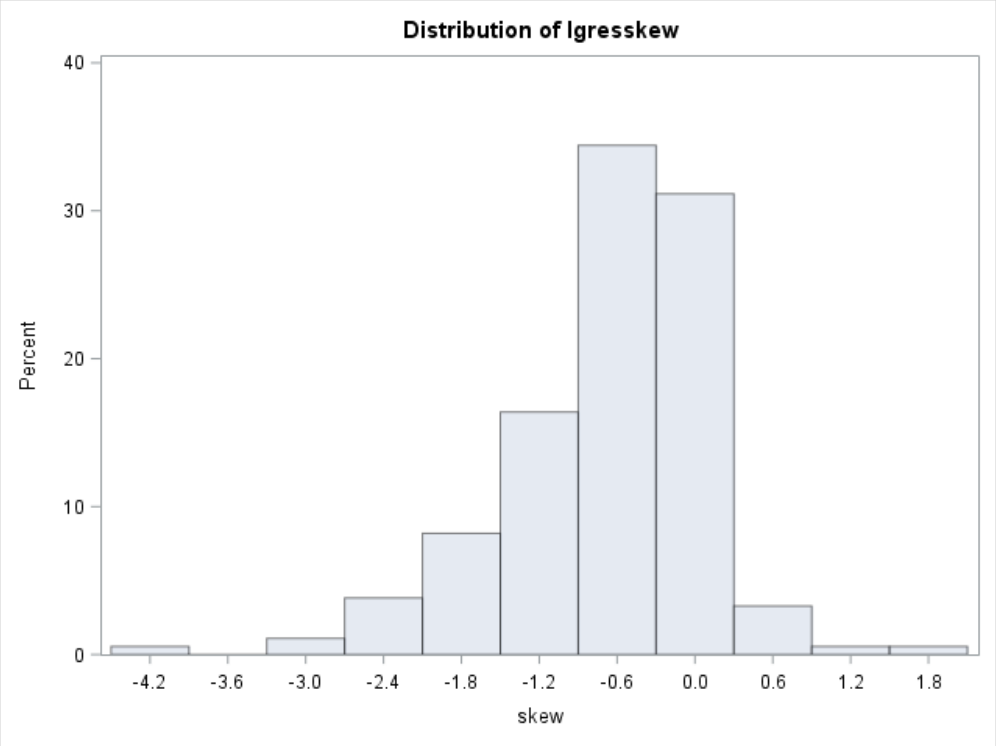
Graf 3: Rozložení četností pro přirozený logaritmus variance denního nádoje LnVar_R pro laktace o délce 150 dnů.



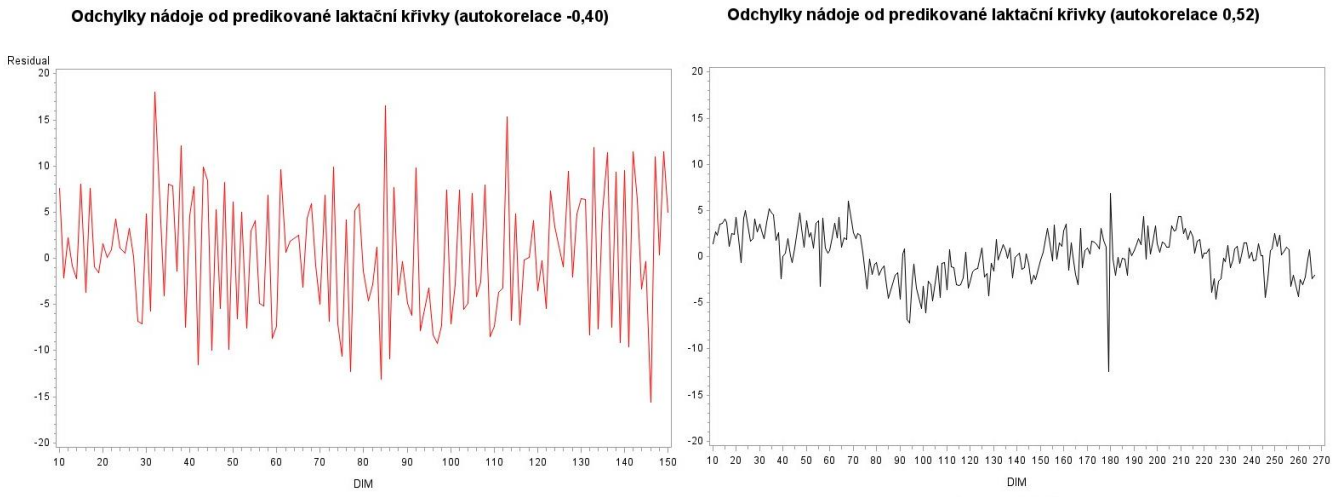
Graf 4: Rozložení četnosti pro lag-1 autokorelaci odchylek od predikované laktační křivky pro laktace o délce 150 dnů.



Graf 5: Rozložení četnosti pro šikmost odchylek od očekávané užitkovosti pro laktace o délce 150 dnů.



Obr. 1: Srovnání odchylek skutečného nádoje od nádoje predikovaného náhodnou regresí s Legendrovým polynomem pro hodnoty autokorelace r_{auto}=-0,42 a r_{auto}=0,52



Hodnocení ukazatelů obecné odolnosti metodou nejmenších čtverců

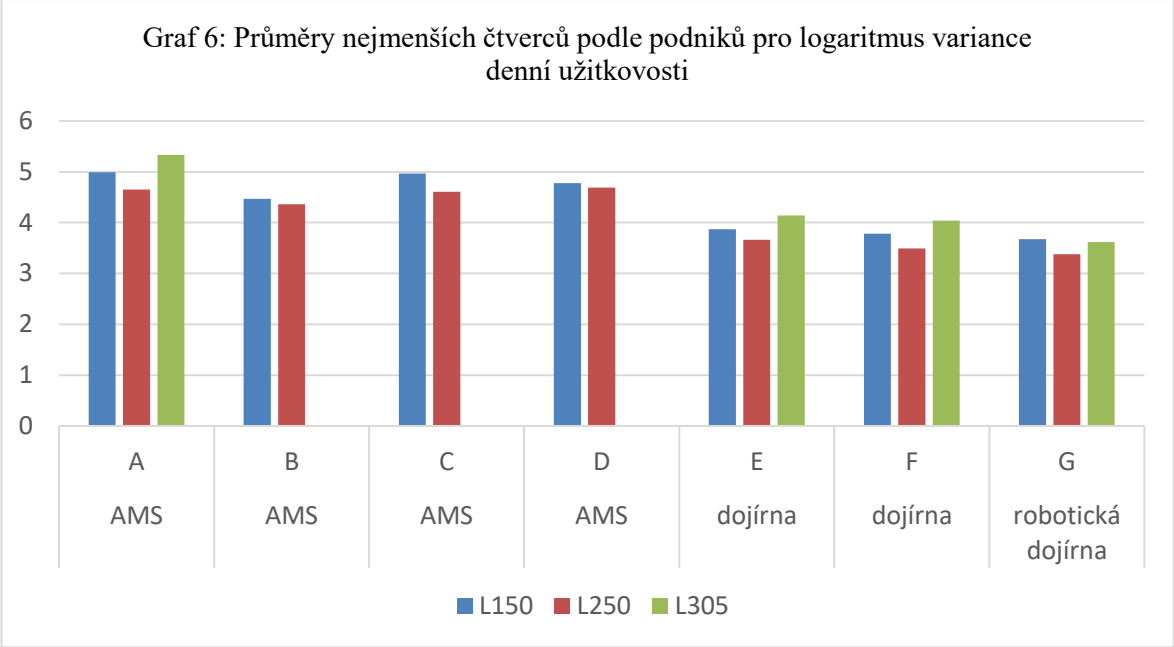
Jak je zřejmé z tabulky 9 kolísání denní užitkovosti popsané vlastní variancí, variancí odchylek a jejich autokorelací bylo statisticky významně ovlivněno jak podnikem, rokem a obdobím otelení, tak i pořadím laktace či efektem průměrné užitkovosti za laktaci v rámci plemenné skupiny. Naopak šikmost odchylek byla ovlivněna především podnikem, rokem a obdobím otelení, ale jen velice málo vlastní užitkovostí či plemenem dojnice.

Tab. 9: Výsledky analýzy metodou nejmenších čtverců – významnost efektů v modelu

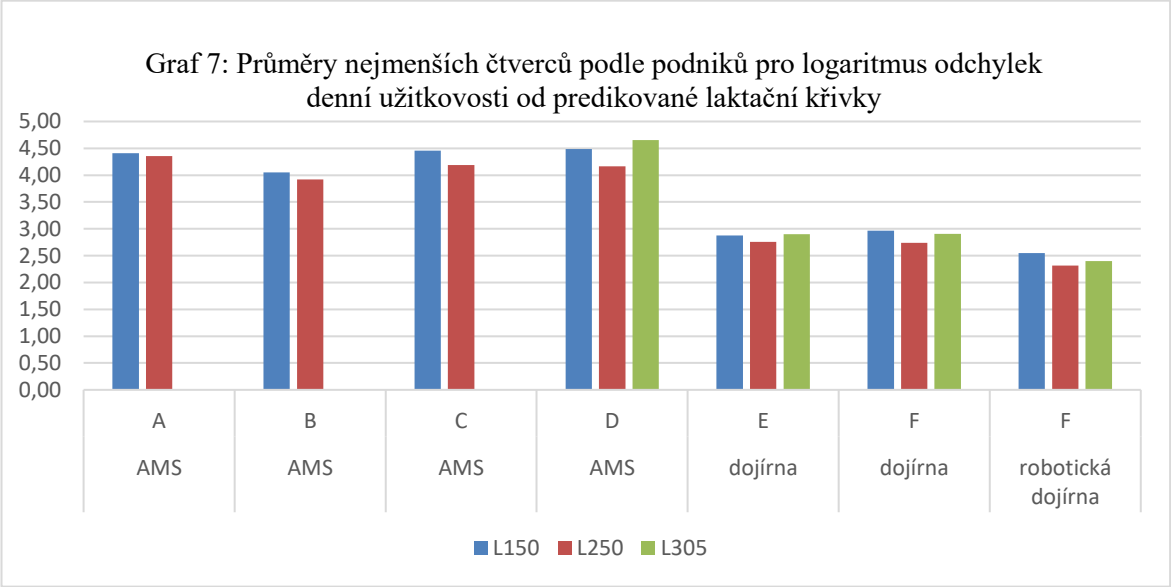
	LnVar_R			LnVar			r_{auto}			šikmost		
Délka laktace	150	250	305	150	250	305	150	250	305	150	250	305
podnik	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
Rok a sezóna	**	**	**	**	**	**	**	**	**	*	**	ns
Pořadí laktace	**	**	**	**	**	**	**	**	**	*	*	ns
Užitkovost uvnitř plemene	**	**	**	**	**	**	**	**	**	ns	ns	ns

LnVar_R – logaritmus variance denní užitkovosti; LnVar – logaritmus variance odchylek od očekávané užitkovosti; r_{auto} – lag-1 autokorelace odchylek od očekávané užitkovosti; šikmost – šikmost odchylek od očekávané užitkovosti

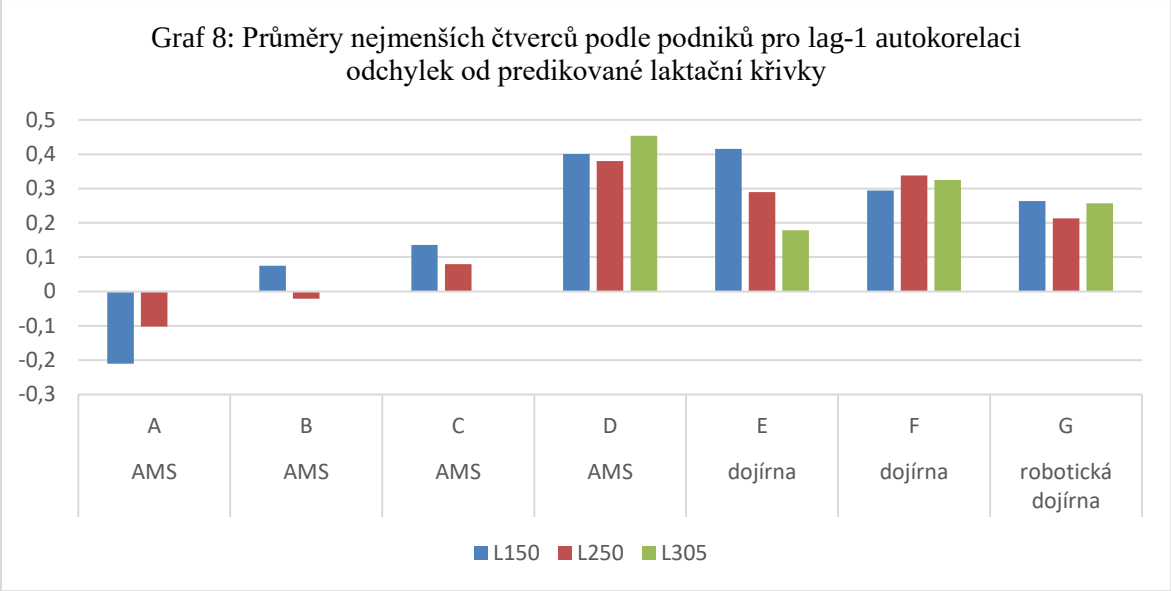
Podnik kombinovaný s typem dojení statisticky významně ovlivnil všechny ukazatele. Zejména u AMS dojení pozorujeme vyšší hodnoty pro variabilitu užitkovosti i odchylek (Graf 6 a Graf 9) s tím, že nárůst s délkou hodnoceného úseku laktace je nepatrný. Vyšší podíl kladných autokorelací vyčteme z Grafu 8 u podniků s dojírnami, který ukazuje i několik nízkých záporných průměrů u podniků s AMS. Graf 9 ukazuje převažující podíl záporných hodnot šikmosti odchylek, které měly tendenci klesat s rostoucí délkou laktace (absolutní hodnoty se zvyšovaly).



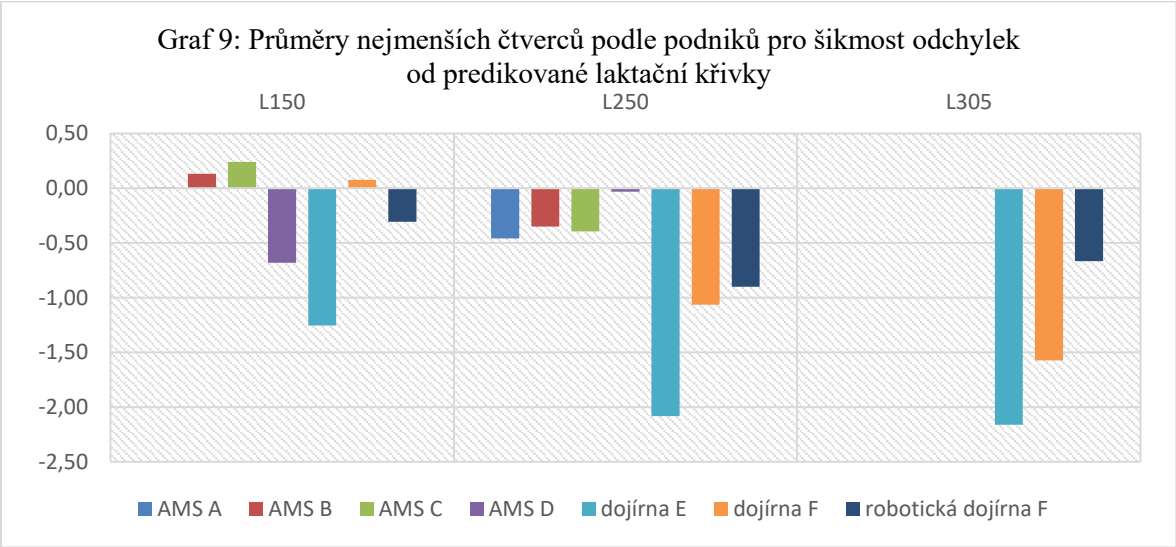
L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů; AMS – dojicí robot



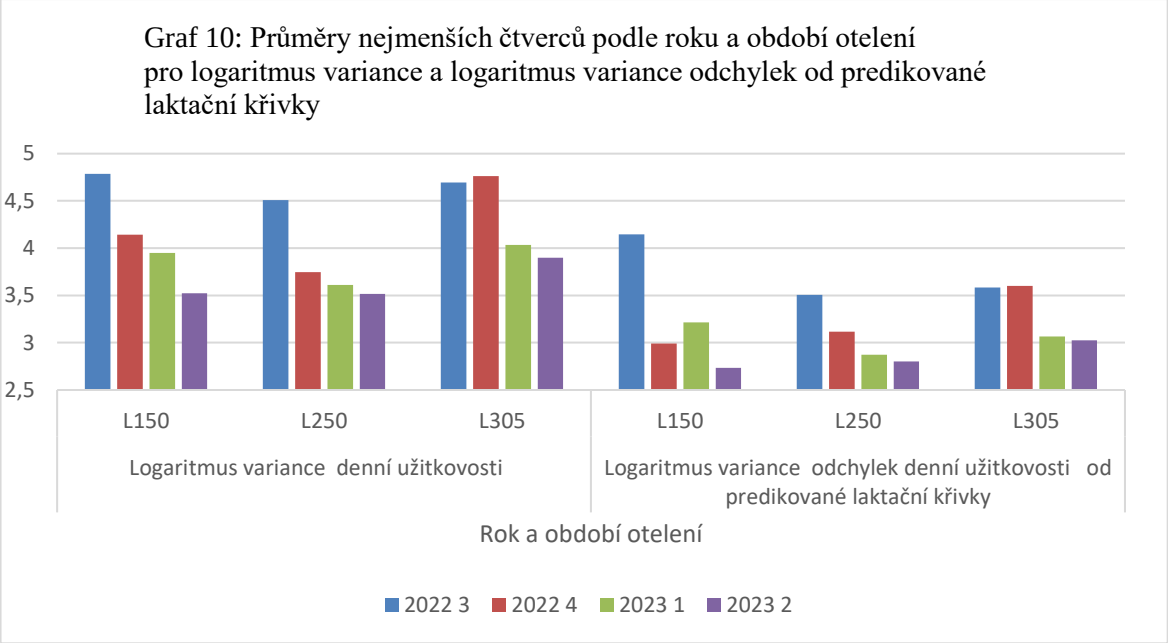
L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů; AMS – dojicí robot



L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů; AMS – dojicí robot

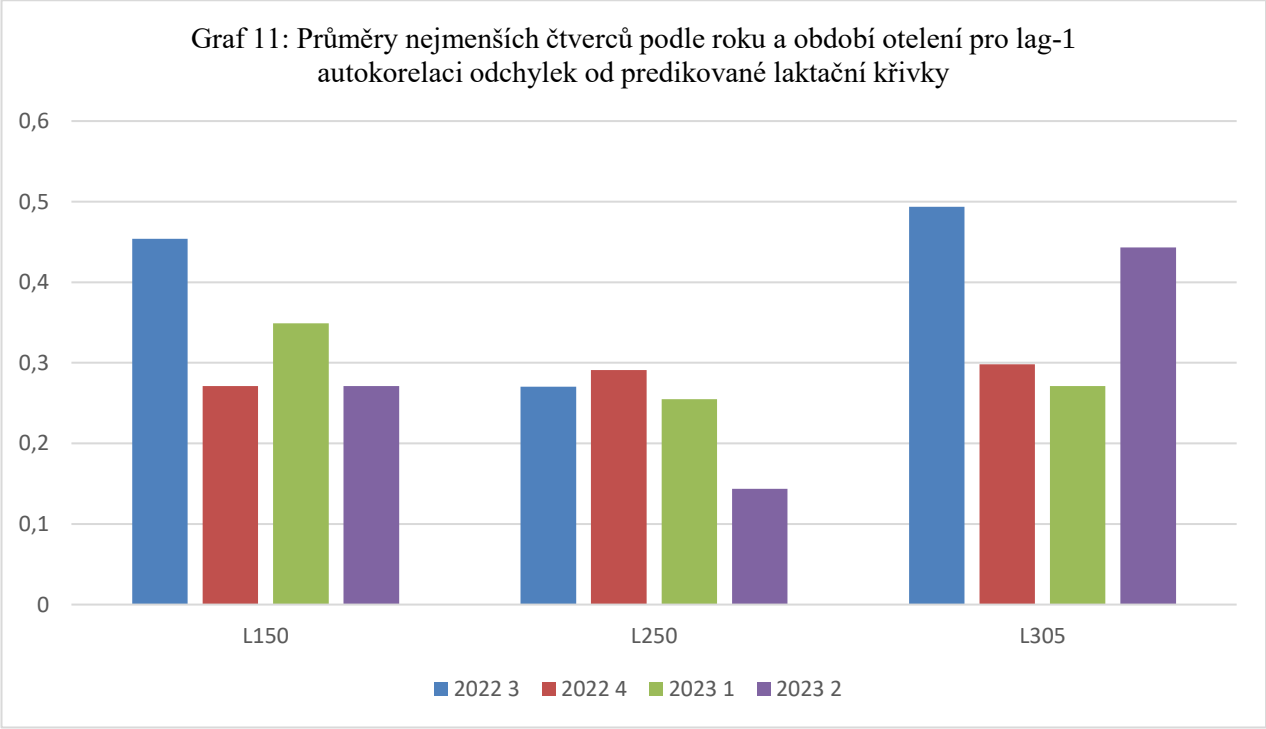


L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů; AMS – dojicí robot

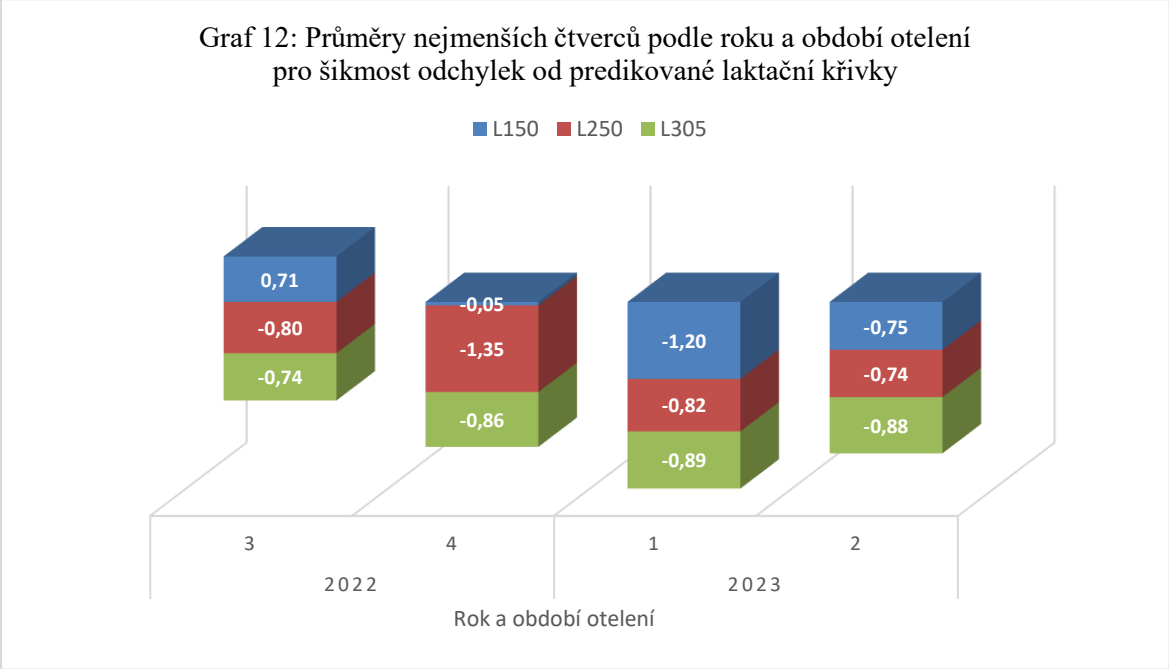


L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů; období otelení 1–leden až březen, 2–duben až květen, 3–červenec až září, 4–říjen až prosinec

Rok a období otelení poskytly průměry nejmenších čtverců pro variance denní užitkovosti i pro odchylky denní užitkovosti (viz Graf 10) které klesaly od roku 2022 do roku 2023, i když ne zcela pravidelně, podobně se chovaly autokorelace (Graf 11). Také šikmost odchylek (viz Graf 12) byla extrémně odlišná pro rok 2023 a délku laktace 150 dní. Tento odhad byl kladný na rozdíl od ostatních záporných hodnot.

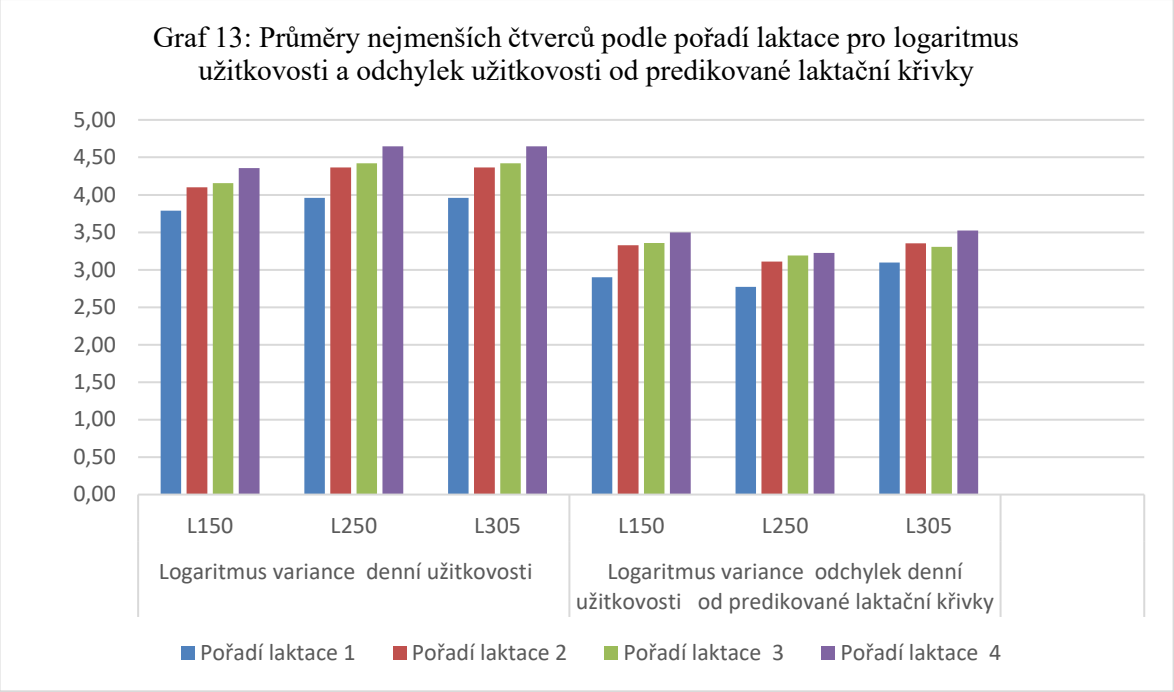


L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů; období otelení 1–leden až březen, 2–duben až květen, 3–červenec až září, 4–říjen až prosinec

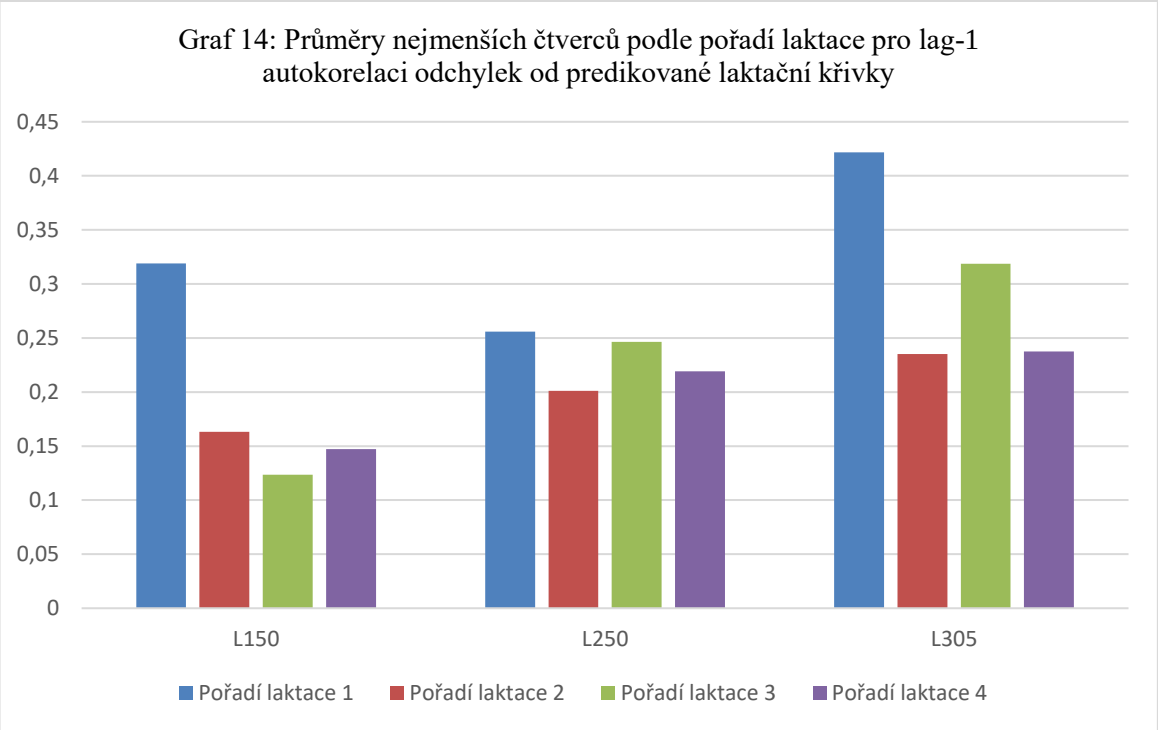


L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů; období otelení 1–leden až březen, 2–duben až květen, 3–červenec až září, 4–říjen až prosinec

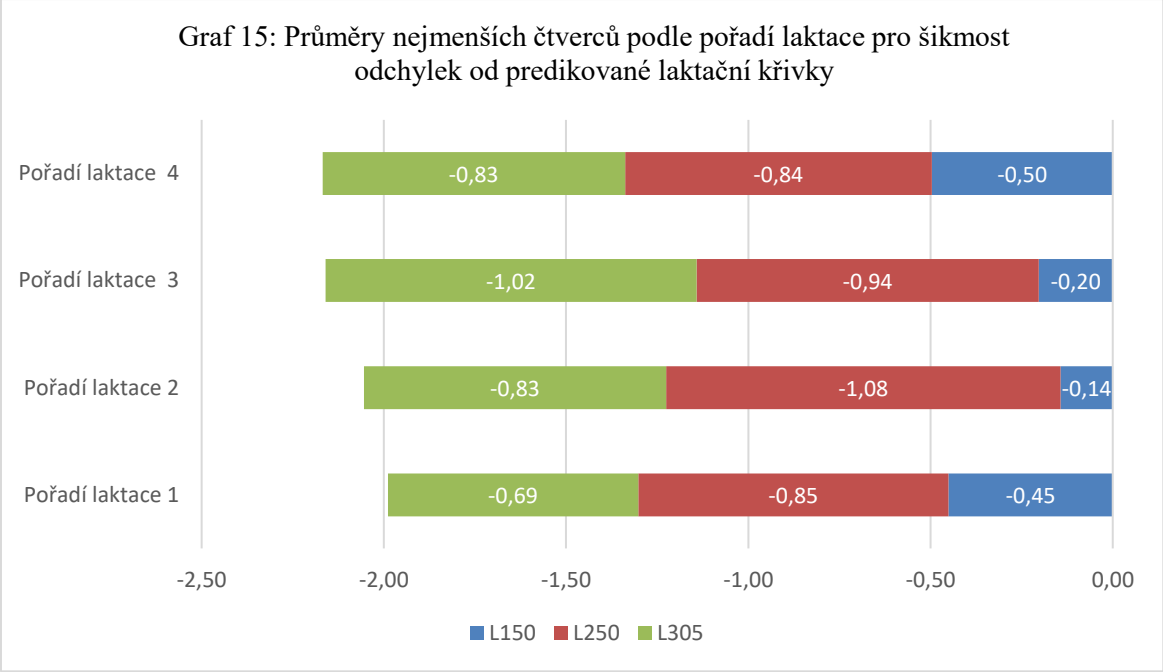
Pořadí laktace (viz Graf 13) vykazovalo trend zvyšujících se hodnot obou logaritmů variance úměrně s pořadím laktace. Rozdíly mezi pořadím laktace nebyly příliš velké ani v rámci délky hodnocené laktace. Naopak hodnota autokorelace s pořadím laktace klesala s výrazným rozdílem mezi první a dalšími pořadími pro délku laktace 150 nebo 305 dnů (Graf 14). Jak dále můžeme vidět na Grafu 15, šikmost odchylek podle pořadí laktace a trend změn se liší mezi hodnocenými délkami laktace. Např. pro délku laktace 305 dnů jsou průměry nejmenších čtverců nízké na rozdíl od ostatních délek laktace.



L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů

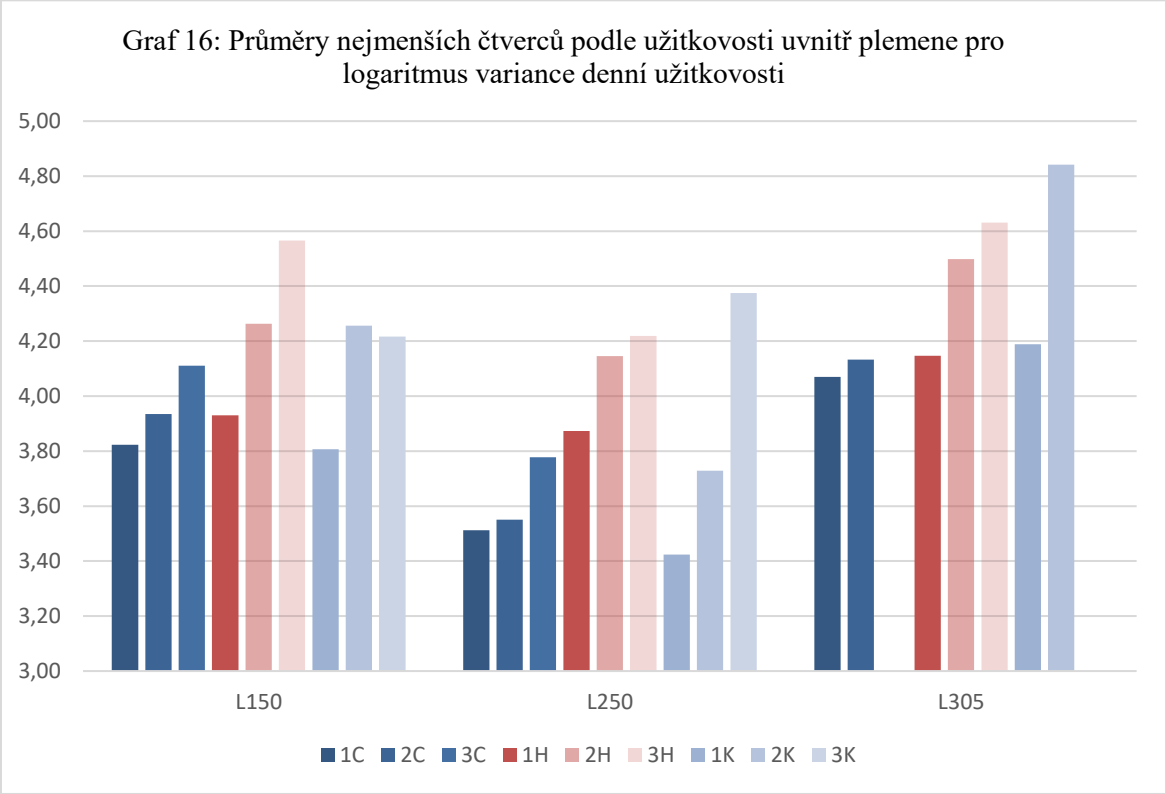


L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů

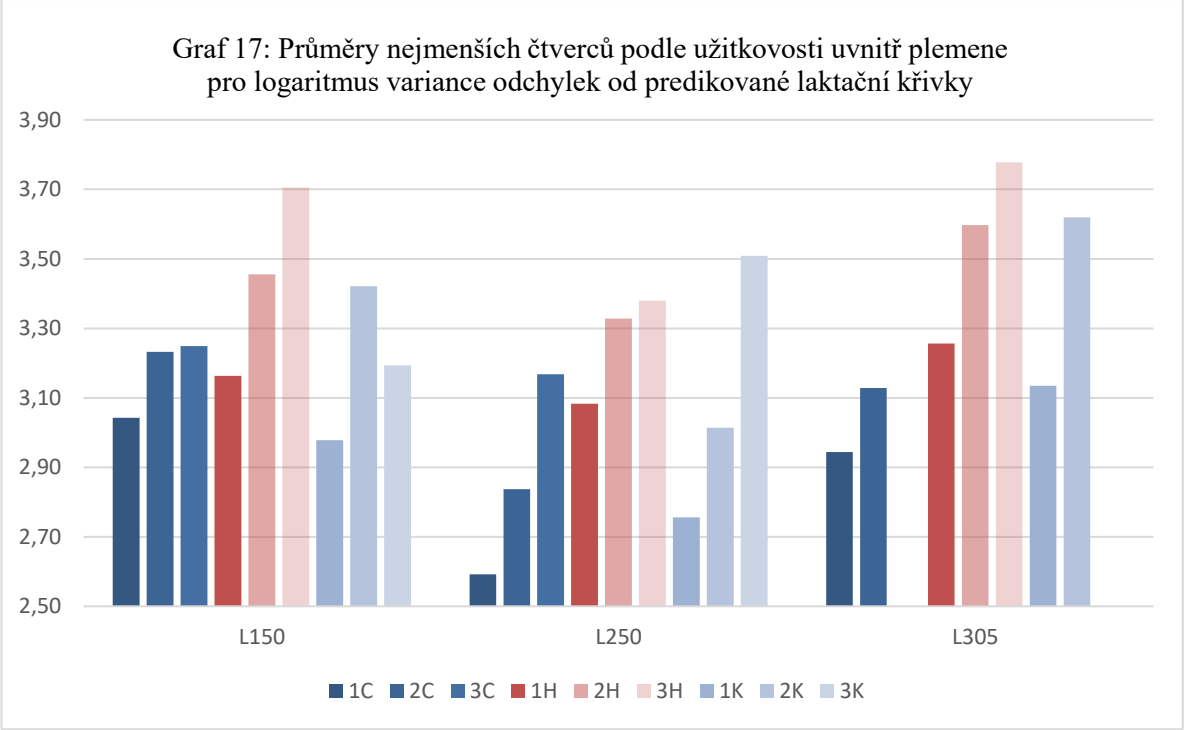


L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů

Také plemeno zejména v kombinaci s průměrnou denní užitkovostí statisticky významně ovlivňovalo ukazatele obecné odolnosti, avšak s výjimkou šikmosti. Průměry obou logaritmů variancí (viz Graf 16-18) rostly s výší užitkovosti, ale rozdílně uvnitř plemen a kříženců.

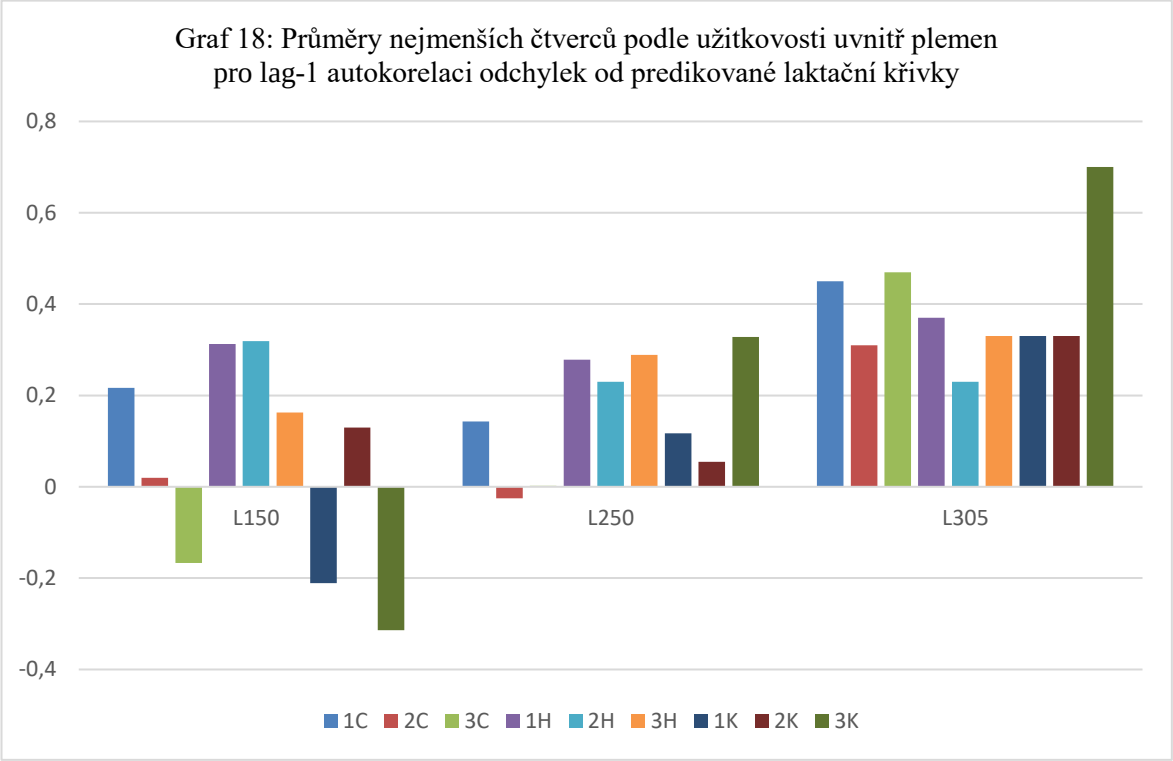


L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů ; skupiny dle průměrné denní užitkovosti (1 nízká průměrná denní užitkovost, 2 střední průměrná denní užitkovost, 3 vysoká průměrná denní užitkovost) ve skupinách podle plemen (C – české strakaté plemeno, H – holštýnský skot, K – kříženci)



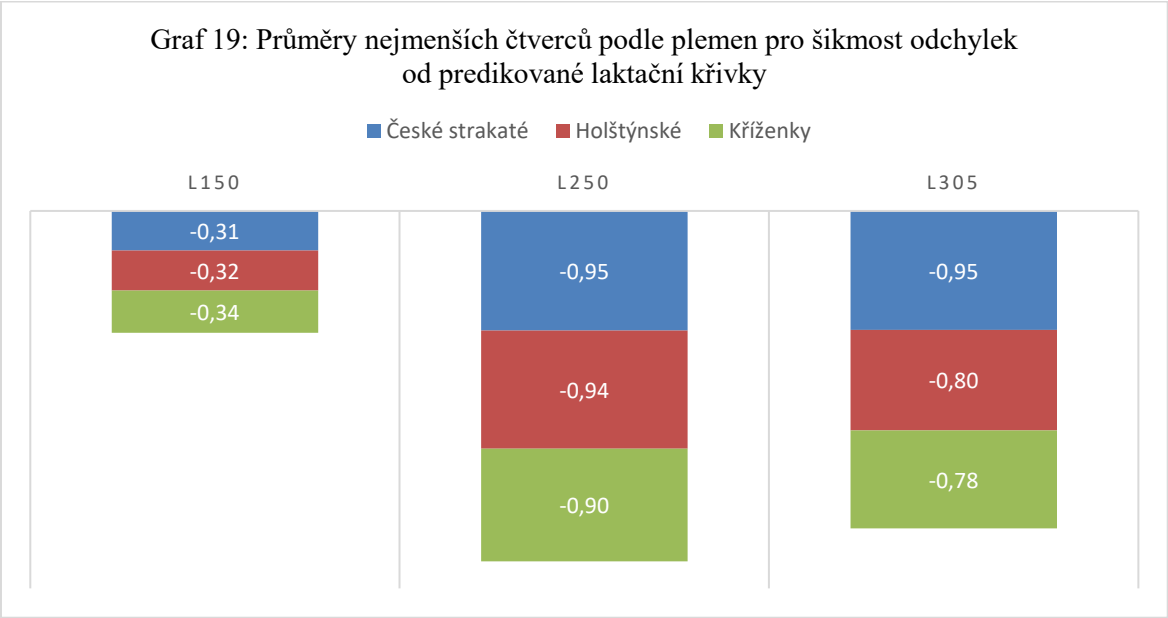
L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů ; skupiny dle průměrné denní užitkovosti (1 nízká průměrná denní užitkovost, 2 střední průměrná denní užitkovost, 3 vysoká průměrná denní užitkovost) ve skupinách podle plemen (C – české strakaté plemeno, H – holštýnský skot, K – kříženci)

Odlišnosti se objevovaly i ve skupinách podle délky laktace, které byly zřetelné zejména u autokorelací (Graf 22), a zejména u krátkých laktací (L150) měly tendence vykazovat záporné hodnoty.

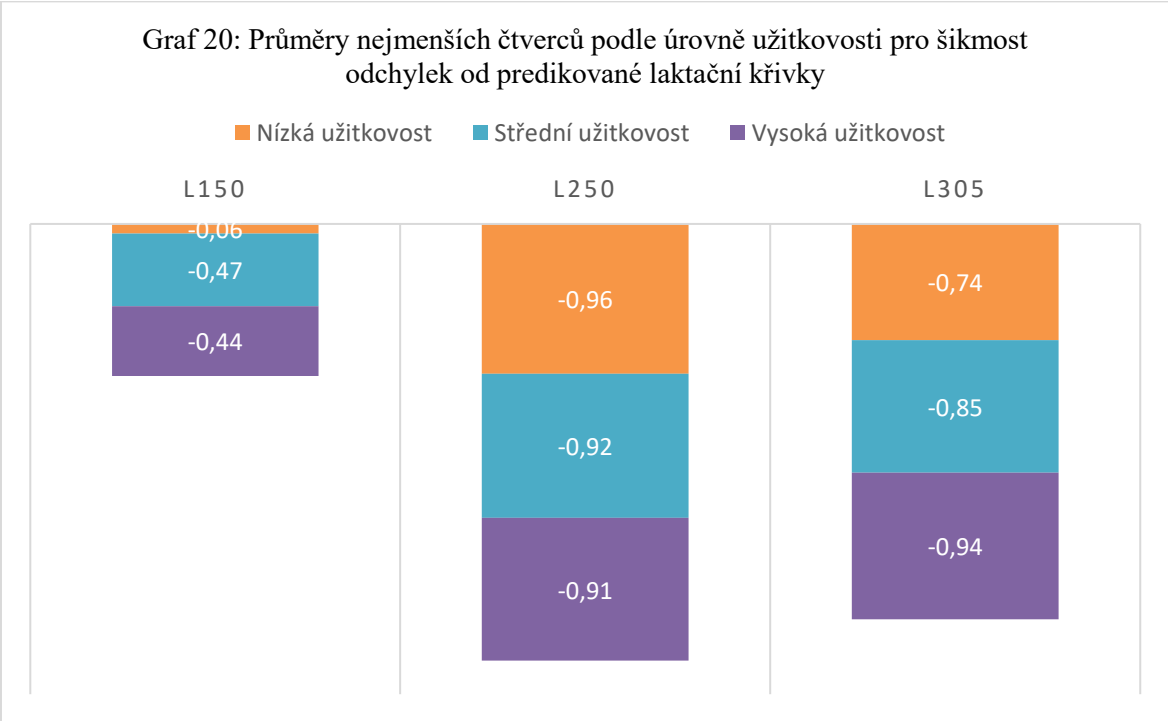


L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů ; skupiny dle průměrné denní užitkovosti (1 nízká průměrná denní užitkovost, 2 střední průměrná denní užitkovost, 3 vysoká průměrná denní užitkovost) ve skupinách podle plemen (C – české strakaté plemeno, H – holštýnský skot, K – kříženci)

Šikmost odchylek nebyla statisticky významně ovlivněná plemenem (Graf 19) a jen málo užitkovostí (Graf 20). Průměry nejmenších čtverců pro šikmost jsou nízké pro laktaci do 150 dnů, a to jak pro plemeno, tak pro užitkovost (Graf 20, 21). Pro obě zbývající kategorie délky laktace, 250 a 305 dnů laktace, jsou hodnoty velmi podobné.



L150 – laktace do 150 dnů; L250 laktace do 250 dnů; L305 – laktace do 305 dnů



L150 – laktace 150 dnů; L250 - laktace 151 až 250 dnů; L305 – laktace 305 dnů

Oba indikátory založené na varianci (LnVar_R i LnVar) mají potenciál vyčíslit intenzitu dopadu negativních vlivů prostředí (stresorů) a ukázat na schopnost dojnic vyrovnat se s jejich působením. Nízké hodnoty LnVar_R i LnVar charakterizují zvířata nezasažená stresorem, anebo ta, která se s ním dokázala velmi rychle vypořádat (Berghof et al. (2019). V této analýze jsme zjistili, že efekty jako podnik, rok a období otelení, pořadí laktace a plemeno či výše užitkovosti vykazovaly vliv na varianci jak denního nádoje, tak odchylek denního nádoje od predikce. Zvýšená variance se pojí s délkou hodnocené laktace a s nárůstající užitkovostí.

Autokorelace (rauto) vyjadřuje vzájemnou závislost mezi následnými měřeními, a jako taková naznačuje délku období, po které jedinec reagoval na nepříznivé podmínky: hodnoty blízko nule ukazují na zvířata nezasažená nepříznivými vlivy, případně ta, co byla schopná rychlého zotavení . Autokorelace blížící se +1 charakterizují zvířata s pomalým zotavením, zatímco hodnoty směrem k -1 vypovídají o velmi rychlém zotavení až kompenzaci v odezvě na stresor Poppe a kol. (2020). V tom případě by podniky A, B, C v AMS typu dojení měly lepší vliv na odolnost zvířat než ostatní. Také v první laktaci by docházelo k pomalejšímu zotavování zvířat než v ostatních laktacích, jak na to ukazuje zejména analýza pro délku laktace 150 či 305 dnů. Výraznější rozdíly se ukázaly mezi plemennými skupinami pro délku laktace 150 dnů, kdy holštýnské plemeno se zotavovalo pomalejí než kříženci.

Šikmost popisuje směr odchylek produkce od jejich předpokládané výše, tj. snížení produkce u zvířat se zápornou šikmostí, nulový dopad stresorů při šikmosti rovné 0 a pozitivní reakci na vlivy prostředí v případě šikmosti kladné. Navržené indikátory lze po očištění o systematické vlivy prostředí (stádo, rok a sezóna otelení, věk dojnice, plemeno apod.) využít ke stanovení genetického založení, tj. plemenné hodnoty pro vybraný aspekt obecné odolnosti.

Závěr

Na základě denních nádojů krav ze sedmi spolupracujících podniků byly navrženy a vyhodnoceny možné indikátory obecné odolnosti dojnic. Kolísání užitkovosti popsaly celkem čtyři parametry, a to variance denního nádoje, a dále tři ukazatele definované na základě odchylek skutečné užitkovosti od predikované laktační křivky, konkrétně variance, lag-1 autokorelace a šikmost odchylek. Všechny hodnocené ukazatele byly statisticky významně ovlivněny systematickými efekty prostředí jako je podnik (potažmo využitá technologie dojení), rok a období otelení, pořadí laktace a průměrná užitkovost dojnice. Byly také shledány patrné rozdíly mezi hodnocenými plemennými skupinami. Při dalších analýzách, tj. při odhadech genetických parametrů i genomických plemenných hodnot, bude třeba tyto efekty zohlednit v modelových rovnicích. Vzhledem k systému genetického hodnocení v ČR bude nadále obecné odolnosti vyhodnocována pro obě plemena odděleně. Otázkou zůstává hodnocení kříženců, kde je možné vzhledem k nízkému podílu takových zvířat a spíše specializaci podniků na chov jednoho či druhého plemene zůstat u stanovení fenotypu. Dalším možným krokem je zjištění podílu neaditivních vlivů.

Seznam literatury

Berghof, T. V. L., Poppe, M., & Mulder, H. A. (2019). Opportunities to Improve Resilience in Animal Breeding Programs. *Frontiers in Genetics*, *9*, 692. https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00692

Colditz, I. G., & Hine, B. C. (2016). Resilience in farm animals: Biology, management, breeding and implications for animal welfare. *Animal Production Science*, *56*(12), 1961. https://doi.org/10.1071/AN15297

Doeschl-Wilson, A., Knap, P. W., Opriessnig, T., & More, S. J. (2021). Review: Livestock disease resilience: from individual to herd level. *Animal*, *15*, 100286. https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100286

Elgersma, G. G., De Jong, G., Van Der Linde, R., & Mulder, H. A. (2018). Fluctuations in milk yield are heritable and can be used as a resilience indicator to breed healthy cows. *Journal of Dairy Science*, *101*(2), 1240–1250. https://doi.org/10.3168/jds.2017-13270

Chen, S.-Y., Boerman, J. P., Gloria, L. S., Pedrosa, V. B., Doucette, J., & Brito, L. F. (2023). Genomic-based genetic parameters for resilience across lactations in North American Holstein cattle based on variability in daily milk yield records. *Journal of Dairy Science*, *106*(6), 4133–4146. https://doi.org/10.3168/jds.2022-22754

Llonch, P., Hoffmann, G., Bodas, R., Mirbach, D., Verwer, C., & Haskell, M. J. (2020). Opinion paper: Measuring livestock robustness and resilience: are we on the right track? *Animal*, *14*(4), 667–669. https://doi.org/10.1017/S1751731119003306

Mulder, H. A. (2016). Genomic Selection Improves Response to Selection in Resilience by Exploiting Genotype by Environment Interactions. *Frontiers in Genetics*, *7*. https://doi.org/10.3389/fgene.2016.00178

Oliveira, H. R., Brito, L. F., Silva, F. F., Lourenco, D. A. L., Jamrozik, J., & Schenkel, F. S. (2019). Genomic prediction of lactation curves for milk, fat, protein, and somatic cell score in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, *102*(1), 452–463. https://doi.org/10.3168/jds.2018-15159

Poppe, M., Mulder, H. A., Van Pelt, M. L., Mullaart, E., Hogeveen, H., & Veerkamp, R. F. (2022). Development of resilience indicator traits based on daily step count data for dairy cattle breeding. *Genetics Selection Evolution*, *54*(1), 21. https://doi.org/10.1186/s12711-022-00713-x

Poppe, M., Veerkamp, R. F., Van Pelt, M. L., & Mulder, H. A. (2020). Exploration of variance, autocorrelation, and skewness of deviations from lactation curves as resilience indicators for breeding. *Journal of Dairy Science*, *103*(2), 1667–1684. https://doi.org/10.3168/jds.2019-17290

Genomické plemenné hodnoty pro sonografické měření nejdelšího zádového svalu u plemene Aberdeen Angus

Zdeňka Veselá, Michaela Brzáková, Alena Birovaš, Alexandra Novotná, Luboš Vostrý

GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO SONOGRAFICKÉ MĚŘENÍ NEJDELŠÍHO ZÁDOVÉHO SVALU U PLEMENE ABERDEEN ANGUS

Zdeňka Veselá, Michaela Brzáková, Alena Birovaš, Alexandra Novotná, Luboš Vostrý

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

ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU

Výsledek vznikl za podpory Ministerstva zemědělství (projekt NAZV QK1910059)

ZEMĚ

ÚVOD

- Přestože se v České republice stále kvalita masa neodráží v jeho ceně, mnoho chovatelů masného skotu upřednostňuje zvířata s lepšími kvalitativními ukazateli.
  - Jedná se především o producenty jatečných zvířat, kteří realizují systém prodeje masa ze dvora.

- Z toho důvodu bylo v roce 2019 v rámci řešení projektu QK1910059 a na základě zájmu ze strany chovatelů plemene aberdeen angus spuštěno pravidelné roční sonografické měření vlastností souvisejících s kvalitou masa.

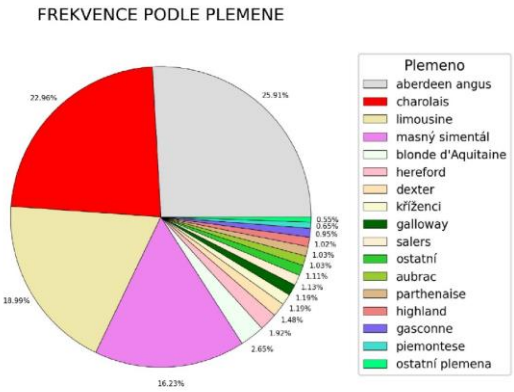
CÍLE

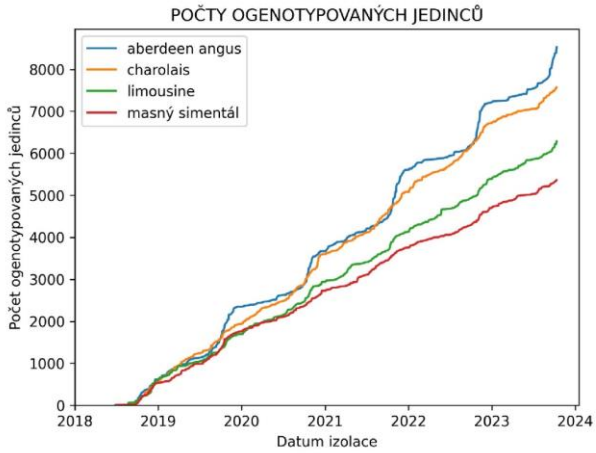
1. Předpověď genomických plemenných hodnot pro sonografické měření MLLT
2. Porovnání konvenčních PH a genomických PH
3. Porovnání genomických PH předpovězených metodou ssGBLUP a wssGBLUP

DATA

Genotypy

- Genotypování masného skotu od roku 2018
- 33 147 genotypů celkem
  - 8 588 aberdeen angus





DATA

Sonografické měření

- 4 ročníky - 2019, 2020, 2022, and 2023
- Jedna odborná hodnotitelka
- Podle metodologie Breedplan
- Čistokrevní jedinci plemene aberdeen angus
- Věk 200 – 500 dní
- 2 677 jedinců

DATA

Očištění souboru

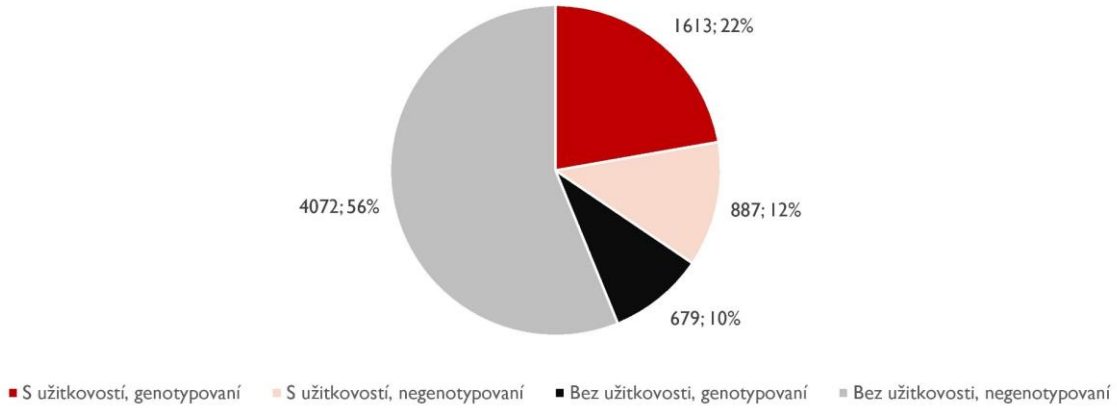
- Velikost souboru po očištění – 2500 (1354 jalovice, 1146 býci)

Důvod vyřazení	Počet jedinců
Bez rodokmenu	58
Jiné plemeno než AA	61
S poznámkou nezadávat, nemoc, atd.	3
Mladší než 200 dní	4
Starší než 500 dní	38
Bez záznamu u všech 4 vlastností	1
Neznámá hmotnost při měření	1
Záznamy s více než jedním odlišným hodnocením	22
Celkový počet vyřazených jedinců	**177**

DATA

Počty hodnocených a genotypovaných jedinců

- 7251 jedinců včetně rodokmenu (3 generace)



DATA

Počty genotypovaných jedinců a SNP

- 32 126 SNP – průnik SNP na všech použitých čipech

Čip	**Počet SNP**	**Počet jedinců**
Illumina BovineSNP50 BeadChip V3	53 218	750
Euro G MD v2	51 376	478
Euro G MD v3	59 963	489
Geneseek GGP 150k	138 974	409
Jiný	44 867 – 60 707	166
Celkem		**2 296**

DATA

Sonografické měření

- Hmotnost při měření (HM-MLLT)
- Tloušťka tuku na zádi (TUK-ZÁĎ)
- Tloušťka tuku nad roštěncem (TUK-ROŠT)
- Plocha svalu MLLT (PLOCHA)
- Podíl intramuskulárního tuku (IM-TUK)

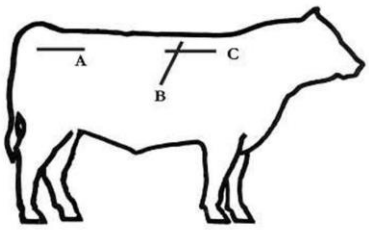


Figure 3.3. Areas of interest for ultrasound evaluation of carcase characteristics.

where: A – Rump fat image
B – Cross-sectional image for ribeye area/depth and 12th-13th rib fat thickness
C – Longitudinal image for intramuscular fat

https://www.icar.org/Guidelines/03-Beef-Cattle-Recording.pdf

DATA

Vlastnost	Jednotky	N	Průměr	SO	Min	Max
Hmotnost při měření (HM-MLLT)	kg	2 500	468,0	100,7	195,0	872
Tloušťka tuku na zádi (TUK-ZÁĎ)	mm	2 498	5,4	2,5	1,0	19,0
Tloušťka tuku nad roštěncem (TUK-ROŠT)	mm	2 496	4,1	1,8	1,0	11,0
Plocha svalu MLLT (PLOCHA)	cm^2	2 498	75,7	16,7	27,0	152,0
Podíl intramuskulárního tuku (IM-TUK)	%	2 500	5,3	1,8	0,2	8,9

ODHAD GENTICKÝCH PARAMETRŮ

- Úprava souboru pro odhad genetických parametrů:
  - Extrémní hodnoty (± 4σ v rámci pohlaví) smazány.
  - Minimální velikosti skupiny vrstevníků 5.
  - Minimální počet potomků na otce 3.

- Počet jedinců po úpravách - 2281
- AIREMLF90 (Ignacy Misztal et al.)
- Multitrait animal model

MODELOVÁ ROVNICE

- Pevné efekty:
  - Skupina vrstevníků – chov + den měření (79)
  - Pohlaví x dvojčata (4)
  - Věk matky v rocích (9 úrovní - do 2 roků, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 let a starší)
  - Kvadratická regrese na věk při měření ve dnech
- Náhodné efekty:
  - Jedinec
  - Náhodná reziduální chyba

DĚDIVOSTI A GENETICKÉ KORELACE (SE)

KONVENČNÍ	HM-MLLT	TUK-ZÁĎ	TUK-ROŠŤ	PLOCHA	IM-TUK
Hmotnost při měření (HM-MLLT)	**0.34 (0.06)**	0.22 (0.12)	0.25 (0.12)	**0.53 (0.10)**	0.36 (0.20)
Tloušťka tuku na zádi (TUK-ZÁĎ)		**0.42 (0.06)**	**0.93 (0.03)**	0.33 (0.12)	**0.64 (0.19)**
Tloušťka tuku nad roštěncem (TUK-ROŠT)			**0.37 (0.06)**	0.35 (0.12)	**0.77 (0.23)**
Plocha svalu MLLT (PLOCHA)				**0.29 (0.06)**	0.55 (0.24)
Podíl intramuskulárního tuku (IM-TUK)					0.13 (0.04)

GENOMICKÉ	HM-MLLT	TUK-ZÁĎ	TUK-ROŠŤ	PLOCHA	IM-TUK
Hmotnost při měření (HM-MLLT)	**0.37 (0.05)**	0.05 (0.11)	0.14 (0.11)	**0.56 (0.08)**	0.27 (0.16)
Tloušťka tuku na zádi (TUK-ZÁĎ)		**0.38 (0.05)**	**0.93 (0.03)**	0.14 (0.11)	**0.59 (0.13)**
Tloušťka tuku nad roštěncem (TUK-ROŠT)			**0.34 (0.05)**	0.22 (0.11)	**0.73 (0.14)**
Plocha svalu MLLT (PLOCHA)				**0.28 (0.05)**	0.43 (0.17)
Podíl intramuskulárního tuku (IM-TUK)					**0.12 (0.04)**

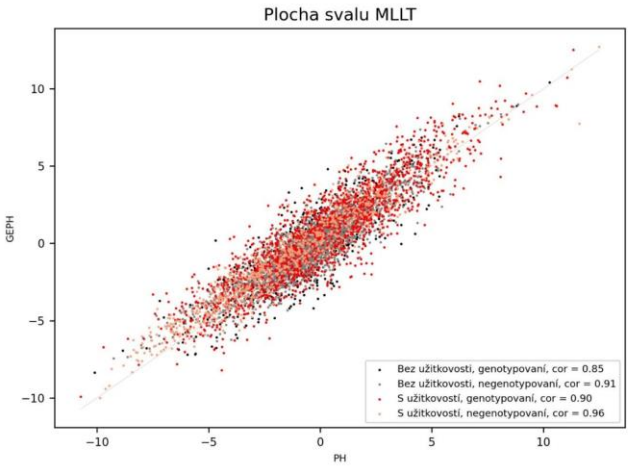
KONVENČNÍ PH vs. GENOMICKÉ PH

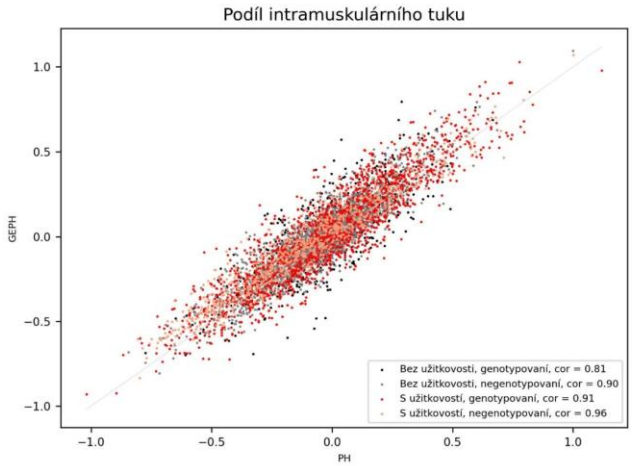
- Genomické PH předpovězeny jednokrokovou metodou ssGBLUP
- Konvenční PH zohledňují matici příbuznosti na základě rodokmenových údajů
- Genomické PH zohledňují matici příbuznosti upravenou po zahrnutí genomických příbuzností = zpřesnění příbuznosti

- U konvenčních PH se předpokládá, že příbuzenský vztah mezi jedincem a otcem je 0,5... Každý rodič předává 50 % své genetické informace
- ALE vlivem crossing overu může ve skutečnosti předávat 35 – 65 %
- U genomických PH dochází ke zpřesnění
- Dochází k navýšení spolehlivosti předpovězených PH

KONVENČNÍ PH vs. GENOMICKÉ PH

- BLUPF90+ program
- Korelace 0,85 – 0,96





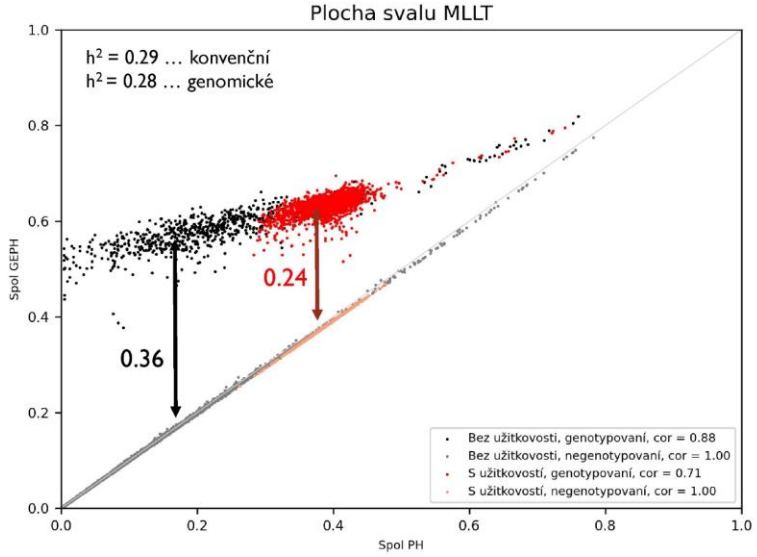
BLUP vs. ssGBLUP

- Pořadí nejlepších 20 jedinců

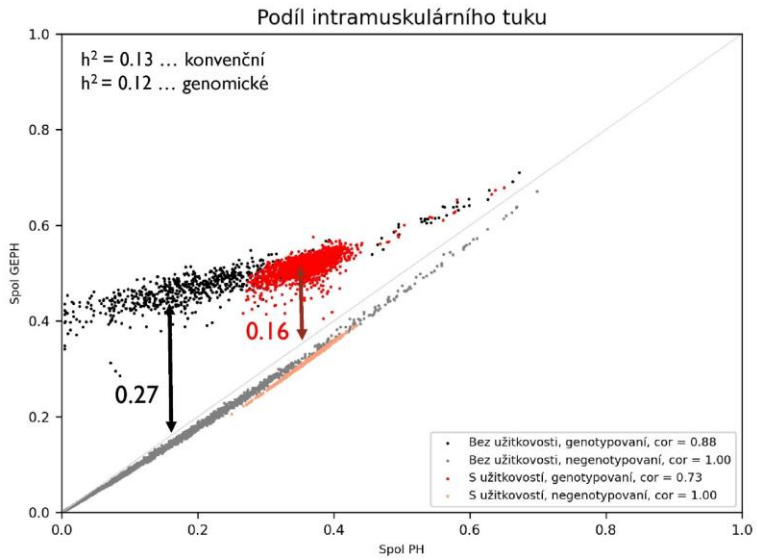
Plocha svalu MLLT					
BLUP			ssGBLUP		
Jedinec	PH	Spol	Jedinec	PH	Spol
1530	12.50	0.38	1530	12.71	0.37
514	11.60	0.37	1265	12.50	0.62
1265	11.33	0.41	1088	11.26	0.38
1088	11.26	0.38	664	10.72	0.59
664	11.06	0.40	823	10.48	0.66
2029	10.59	0.40	2720	10.41	0.71
750	10.55	0.41	1413	10.19	0.64
2525	10.28	0.56	2409	9.70	0.64
1975	9.70	0.44	1664	9.60	0.38
1664	9.49	0.39	473	9.24	0.63
2409	9.22	0.44	1903	9.18	0.60
1731	9.11	0.42	1458	9.05	0.64
2683	8.86	0.38	3326	8.99	0.37
2710	8.81	0.54	750	8.92	0.63
3451	8.65	0.52	2029	8.88	0.62
1689	8.58	0.41	2717	8.88	0.67
700	8.44	0.38	1689	8.86	0.62
584	8.34	0.53	1975	8.85	0.67
473	8.27	0.39	3881	8.84	0.51
1081	8.17	0.41	259	8.75	0.64

Plocha svalu MLLT					
BLUP			ssGBLUP		
Jedinec	PH	Spol	Jedinec	PH	Spol
1172	11.19	0.32	3367	10.93	0.50
1664	10.01	0.36	1664	10.71	0.32
2737	10.00	0.54	723	10.29	0.51
2129	8.32	0.36	1172	9.79	0.51
1197	8.20	0.37	26	9.13	0.49
847	7.97	0.42	1760	9.09	0.53
191	7.96	0.37	1413	9.05	0.52
1421	7.94	0.35	1233	8.86	0.50
291	7.82	0.40	1197	8.55	0.51
723	7.78	0.37	747	8.46	0.51
702	7.47	0.38	499	8.44	0.49
1760	7.45	0.41	1999	8.40	0.48
2115	7.43	0.34	1823	8.33	0.50
1413	7.37	0.39	1243	8.17	0.44
1412	7.29	0.41	1421	8.06	0.30
340	7.23	0.36	3120	7.97	0.44
514	7.13	0.34	4009	7.95	0.30
1530	7.01	0.35	2129	7.77	0.53
130	6.95	0.33	711	7.68	0.32
922	6.94	0.36	4240	7.66	0.30

SPOLEHLIVOSTI KONVENČNÍCH PH vs. GENOMICKÝCH PH

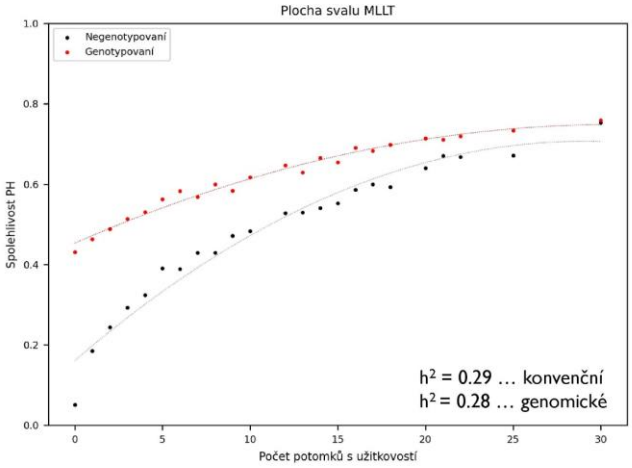


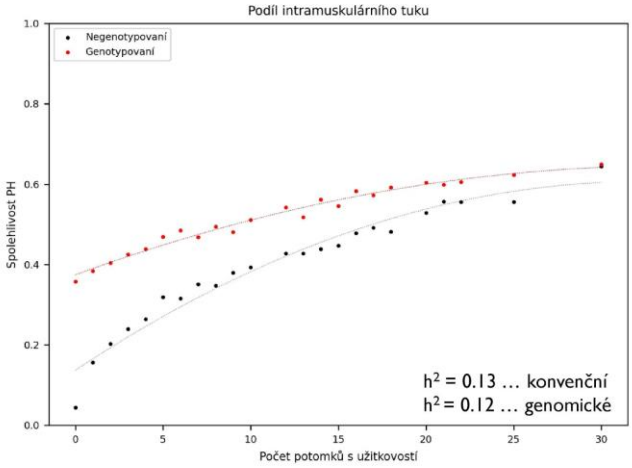
SPOLEHLIVOSTI KONVENČNÍCH PH vs. GENOMICKÝCH PH



SPOLEHLIVOSTI KONVENČNÍCH PH vs. GENOMICKÝCH PH

Jedinci bez užitkovosti

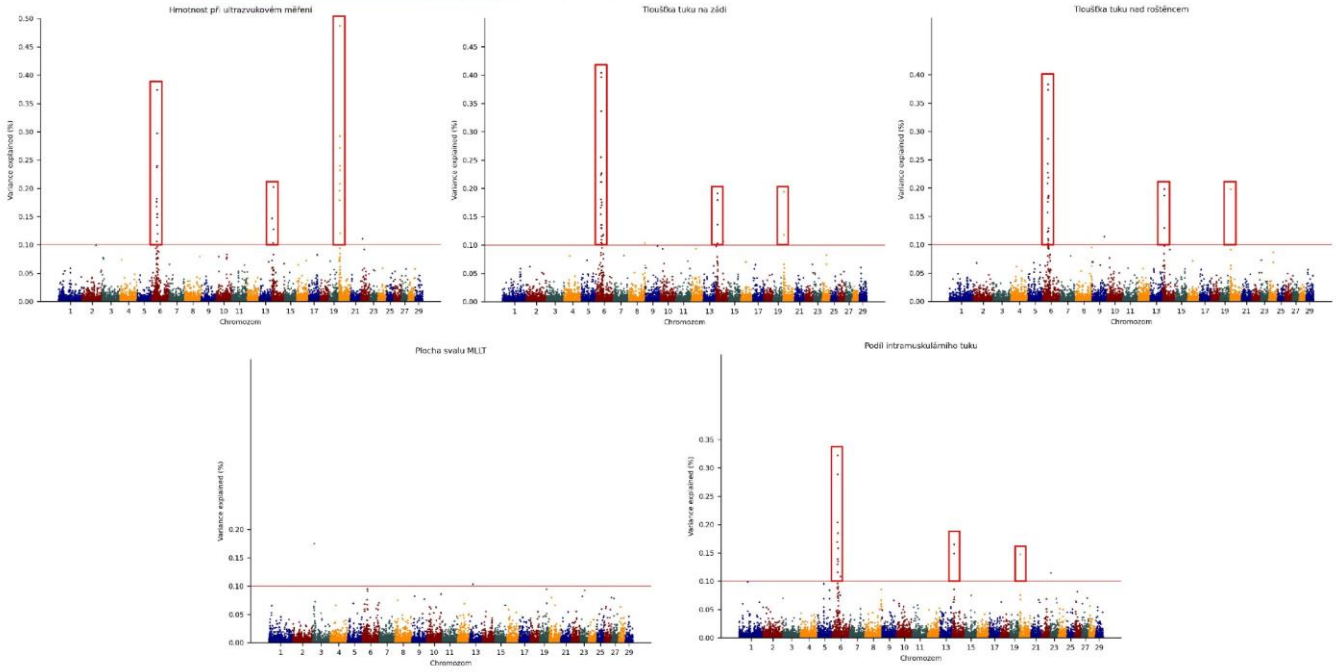




ssGBLUP vs. wssGBLUP

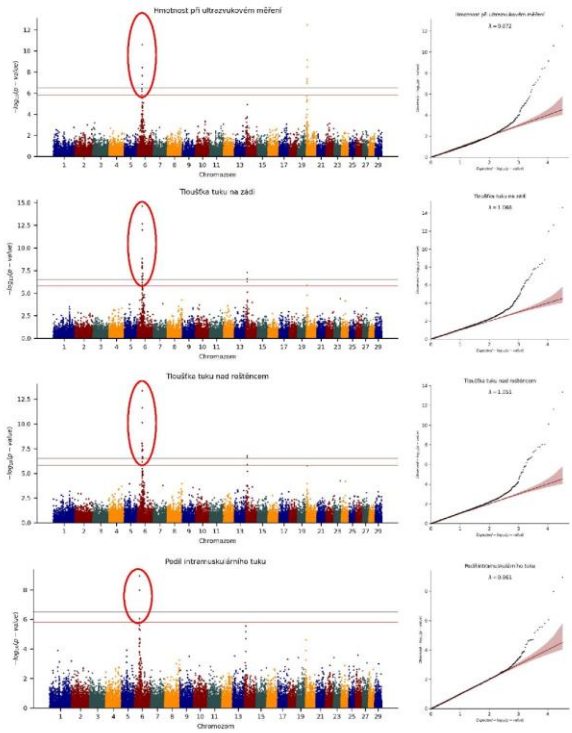
- Vážená jednokroková metoda wssGBLUP
  - Na rozdíl od klasické ssGBLUP při tvorbě genomické matice příbuznosti zohledňuje u každého SNP odlišnou vysvětlenou proměnlivost
  - K předpovědi vah SNP byl využit program postGSf90

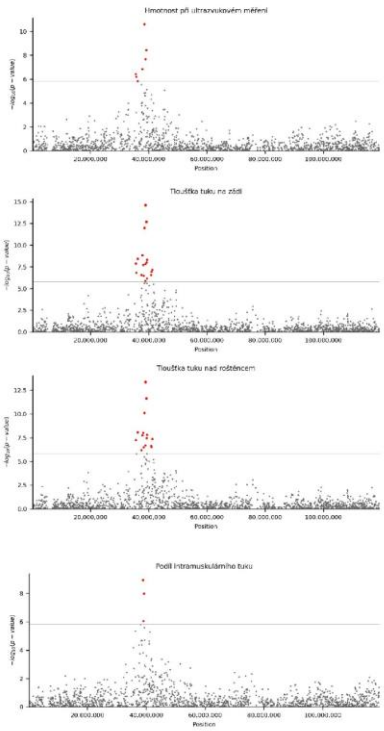
Podíl genetické proměnlivosti vysvětlené jednotlivými SNP



GWAS

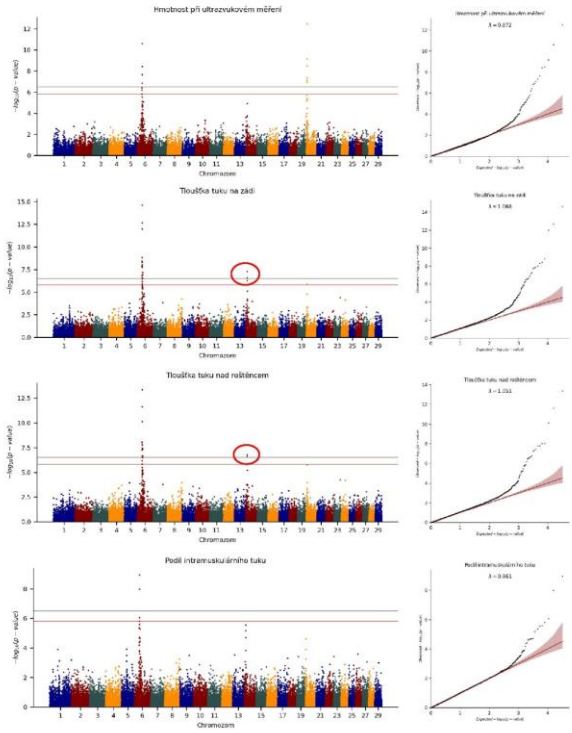
- Single-step genome-wide association study
- postgsf90
- Statisticky významné SNPs dle Bonferroniho korekce

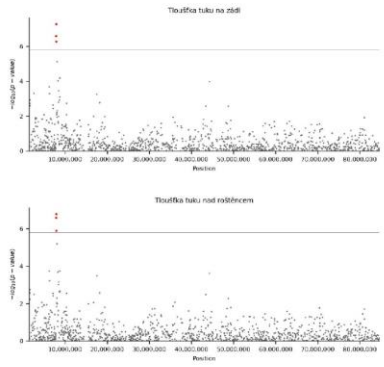




CHROMOZOM 6

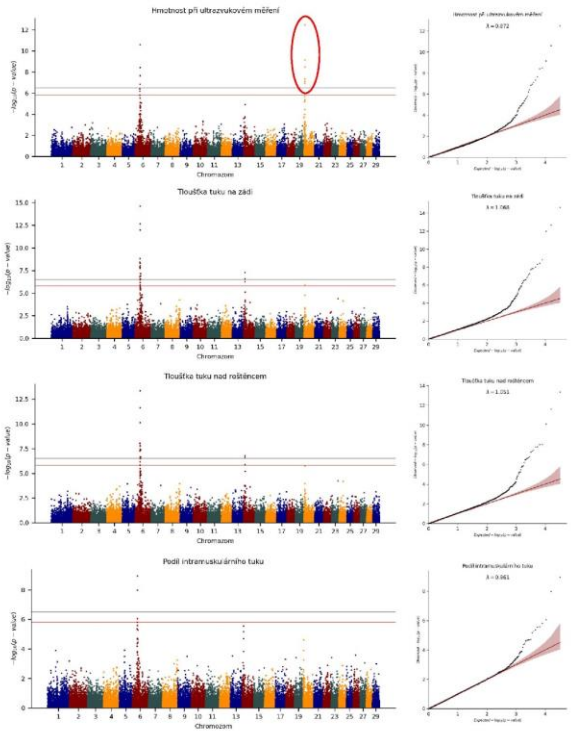
- Z literatury
  - Průměrný denní přírůstek
  - Hmotnost
  - Hmotnost JUT
  - Křehkost masa
  - Plocha svalu MLLT
  - Tloušťka tuku nad roštěncem
  - Délka těla
  - Hmotnost kostí
  - Podíl libového masa
  - Příjem krmiva
  - Obtížnost telení
- Geny
  - LAP3
  - LCORL

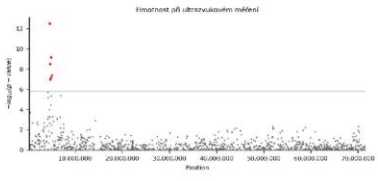




CHROMOZOM 6

- Z literatury
  - Mléčná užitkovost
  - Procento tuku
- Geny
  - ZFAT



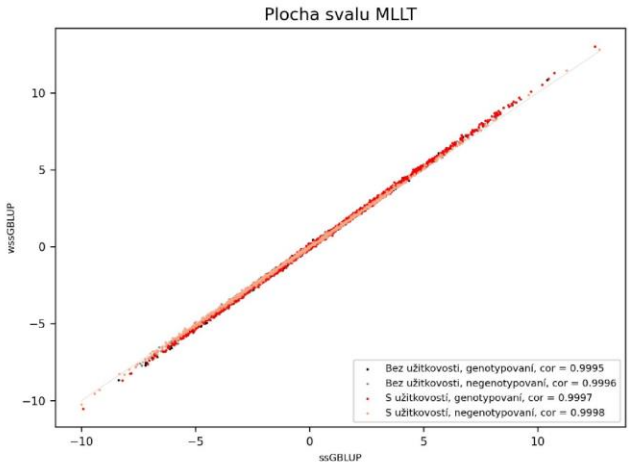


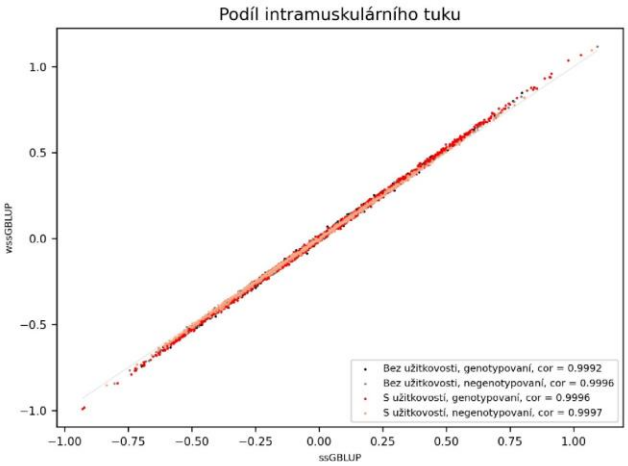
CHROMOZOM 20

- Z literatury
  - Průměrný denní přírůstek
  - Hmotnost
  - Dlouhověkost
  - Šířka zádi
  - Obtížnost telení

ssGBLUP vs. wssGBLUP

- BLUPF90+ program
- Korelace 0,9992 – 0,9998





ssGBLUP vs. wssGBLUP

- Pořadí nejlepších 20 jedinců

Plocha svalu MLLT			
ssGBLUP		wssGBLUP	
Jedinec	PH	Jedinec	PH
1530	12,71	1265	13,02
1265	12,51	1530	12,82
1088	11,26	1088	11,45
664	10,73	664	11,30
823	10,47	823	10,92
2720	10,42	2720	10,84
1413	10,18	1413	10,52
2409	9,72	2409	10,09
1664	9,60	1664	9,86
473	9,25	1903	9,68
1903	9,18	473	9,59
1458	9,04	750	9,41
3326	9,01	3326	9,40
750	8,94	1458	9,39
2029	8,90	1975	9,30
2717	8,88	1689	9,28
1975	8,87	2029	9,26
1689	8,87	385	9,20
3881	8,86	2717	9,17
359	8,76	3881	9,15

Podíl intramuskulárního tuku			
ssGBLUP		wssGBLUP	
Jedinec	PH	Jedinec	PH
3367	10,93	3367	11,18
1664	10,71	1664	10,95
723	10,28	723	10,68
1172	9,79	1172	10,37
26	9,12	26	9,59
1760	9,07	1413	9,39
1413	9,03	1760	9,39
1233	8,86	1233	9,33
1197	8,55	747	8,80
499	8,45	499	8,79
747	8,44	1823	8,78
1999	8,40	1197	8,73
1823	8,33	1999	8,67
1243	8,17	1243	8,61
1421	8,06	3120	8,47
3120	7,99	4009	8,26
4009	7,94	1421	8,19
2129	7,78	2129	8,18
4240	7,66	2887	8,00
711	7,66	4240	7,96

ZÁVĚRY

- Významné rozdíly mezi předpovězenými konvenčními a genomickými PH
- Genomické PH mají vyšší spolehlivost – především u genotypovaných jedinců

- Rozdíly mezi GEPH předpovězenými pomocí ssGBLUP a wssGBLUP jsou nepatrné, ale dochází k lehkým změnám v pořadí jedinců dle předpovězených PH
- wssGBLUP je výpočetně a časově náročnější – v našem případě 15 x

- V rutině prozatím předpověď PH pomocí ssGBLUP
- Vzhledem k malé velikosti souborů je však možné přejít i na wssGBLUP

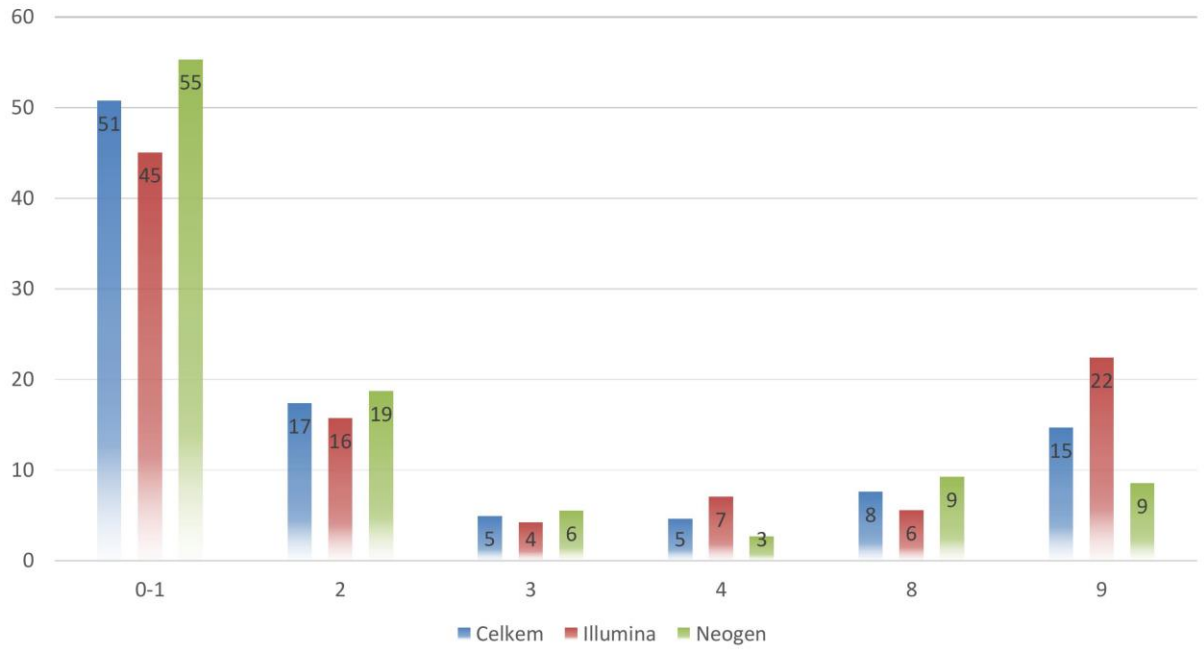
Emil Krupa, Eliška Žáková, Zuzana Krupová, Nina Moravčíková , Jiří Bauer

Genomické hodnocení prasat – kvalita spermatu

Emil Krupa, Eliška Žáková, Zuzana Krupová, Nina Moravčíková , Jiří Bauer

projekt NAZV QK1910217

- 2019-2023
- Primární cíl – genotypování prasat
- 2,177mil Kč (1200,910)
- 2273 zvířat (prům. 520/rok, 2022 – 672)
- Chipy (Illumina (812ks), Neogen)
- Zdroj dat (štětiny, ušní štěpy, sperma, krev)
- Kvalita (prům. call rate: 99%, 97%, 96%)
  - <3% pod 90%



Poměr samice vs. samci 64:36

- Vývoj metody analýzy DNA prasat
- Management a rozbor zdravotních dat
- Vývoj softwaru pro výpočet EW
- Vývoj nových a revize stávajících SI
- Zhodnocení genomické příbuznosti populací
- Sběr vzorků VVV (85 ks): kryptorchizmus, kýla tříselní a pupeční, roznožka, hermafrodit.
- Systém managementu SNP dat
- Návrh hodnocení paternity z SNP dat
- Staniční testy spojené s hodnocením výkrmnosti, jatečné hodnoty a kvality masa
- Hodnocení kvality masa v návaznosti na kančí pach
- Hodnocení účinků polymorfismu vybraných genů na užitkovost prasat

- **Od roku 2008**
  - **4trait AM model**

- **Genetické parametry**
  - **Stejné od roku 2008**

- **Přechod na hodnocení pomocí SNP**
  - QK1910217

- **Celková revize modelů**

Znaky

- Objem(***OB***) in ml
- Koncentrace (***KO***) as 10^3 cells per mm^3
- Motilita (***MO***) v %
- Abnormalní spermie (***AB***) v %
- Libido (***LI***) stupnice od 1 (nejlepší) do 5 (nejhorší)

odvozené

- Celkový počet spermií (P_c - ***CPS***) v 10^9 :

$$P_c = OB \times KO / 1000$$

- Počet funkčních spermií(P_f - ***PFS***) in 10^9:

$$P_f = P_c \times \frac{MO}{100} \times \left(1 - \frac{AB}{100}\right)$$

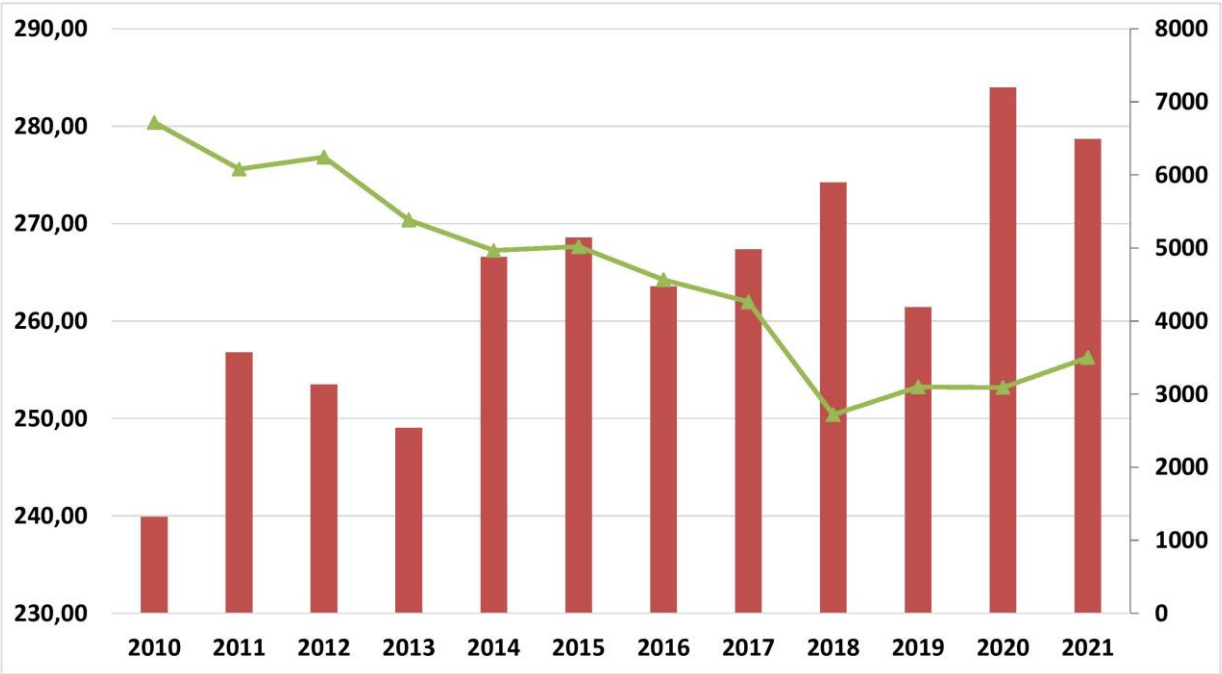
n	**57150**
Hodnocených kanců	**1323**
Prům. počet odběrů na kance	**53**
Počet kanců s <3 odběry	**273**
max	**249**
Min	**7**

	OB	KO	MO	AB	LI	CPS	PFS
Počet	56369	56369	56369	56369	56369	9503	115
Průměr	261.01	376.42	77.42	10.07	3.71	88.10	70.71
Min	50	50	10	1	1	6	18
Max	700	999	95	70	5	200	153
Std	100.98	155.14	6.36	5.18	1.19	36.29	3.39

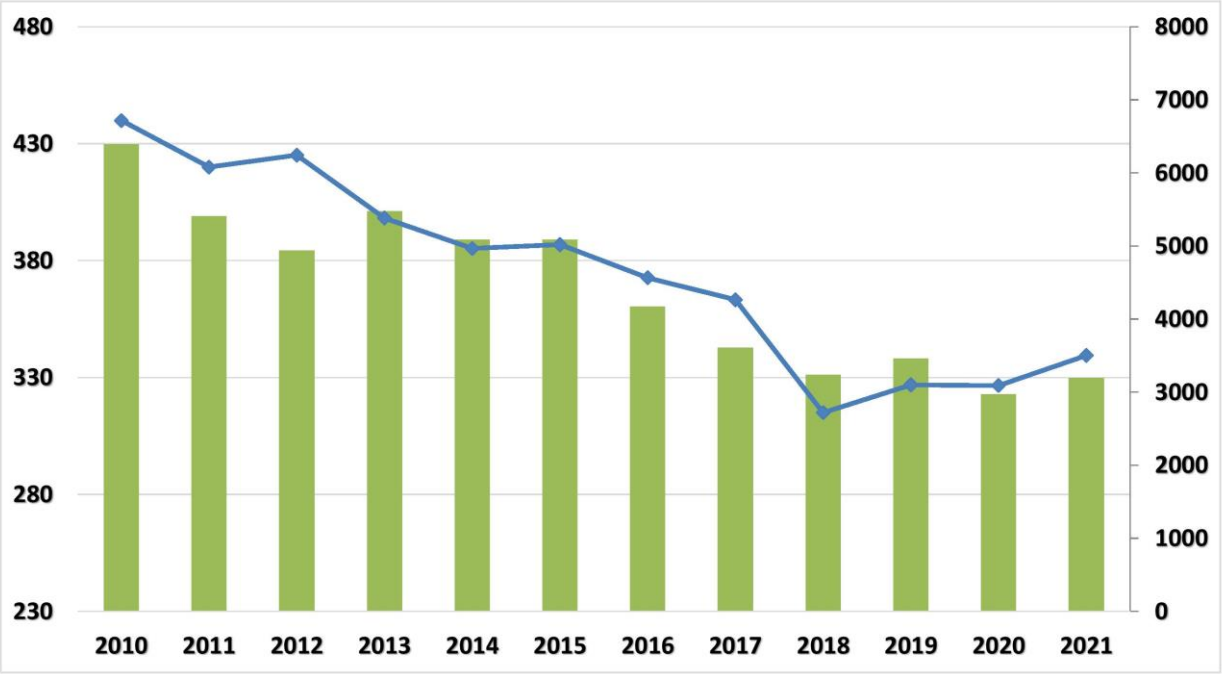
Efekty

- Efekt měsíce odběru
- Věk kance při odběru
- Interval mezi dvěma po sobě následujícími odběry
- Kombinovaný efekt inseminační stanice a roku
- Efekt plemene kance
- Permanentní efekt kance

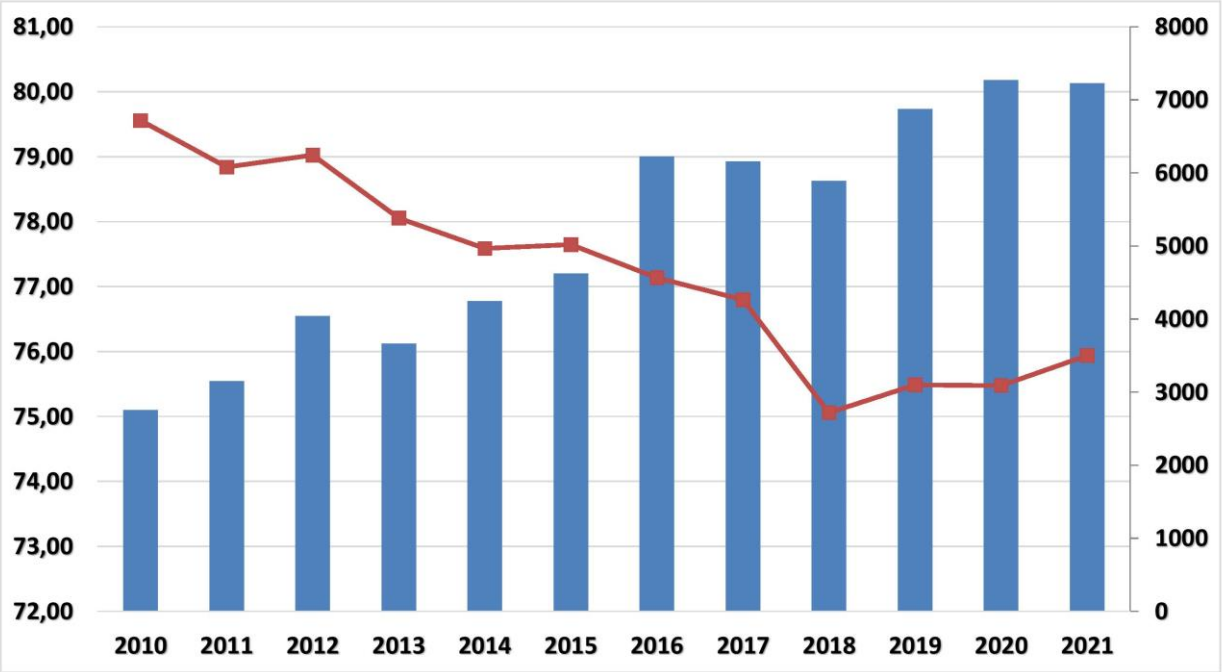
OB rok



KO


480
430
380
330
280
230
8000
7000
6000
5000
4000
3000
2000
1000
0
2010
2011
2012
2013
2014
2015
2016
2017
2018
2019
2020
2021

MO


81,00
80,00
79,00
78,00
77,00
76,00
75,00
74,00
73,00
72,00
8000
7000
6000
5000
4000
3000
2000
1000
0
2010
2011
2012
2013
2014
2015
2016
2017
2018
2019
2020
2021

BLUP a ssGBUP

- **Rodokmen**
  - **13267 zvířat**
  - **SNP (TheSNPPit)**
    - **929 zvířat**
  - **qcf90**
    - **900 zvířat**
- **Blupf90+**
  - **Otcovské a mateřské plemena odděleně**
  - **Podíl 85/15 SNP/rodokmen**

$$y_{ijklmno} = m_i + věk_j + int_k + stanr_l + plem_m + p_n + a_n + e_{ijklmno}$$

Mateřské genetické (BLUP)

	OB	KO	MO	AB	LI
OB	0,27	-0,57	-0,43	-0,15	0,43
KO		0,10	0,39	-0,02	-0,31
MO			0,13	-0,40	0,43
AB				0,23	-0,57
LI					0,13
CPS					0,14
PFS					0,15

Mateřské genomické (ssgBLUP)

	OB	KO	MO	AB	LI
OB	0,28	-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				0,24	-0,56
LI					0,14
CPS					0,15
PFS					0,15

Otcovské genetické

	OB	KO	MO	AB	LI
OB	0,25	-0,70	-0,17	0,26	0,42
KO		0,27	0,49	-0,41	-0,51
MO			0,11	-0,36	-0,47
AB				0,21	0,28
LI					0,31
CPS					0,12
PFS					0,15

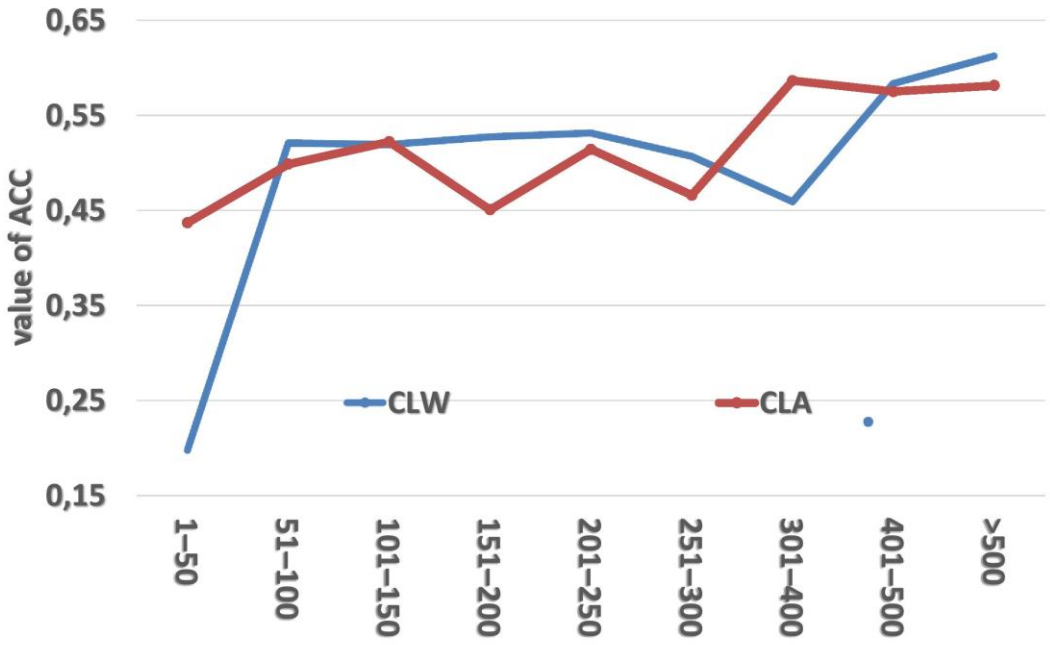
Otcovské genomické

	OB	KO	MO	AB	LI
OB	0,256	-0,70	-0,24	0,24	0,40
KO		0,28	0,55	-0,41	-0,51
MO			0,11	-0,35	-0,52
AB				0,22	0,27
LI					0,34
CPS					0,12
PFS					0,16

PH, korelace a spolehlivost

- Korelace plemenných hodnot 0,95 -0,97
- Spolehlivost odhadu PH
  - Všechna zvířata
    - BLUP: 11 – 17%
    - ssgBLUP: 20 – 33%
  - Jenom Kanci
    - BLUP:29% – 54%
    - ssgBLUP: 33% – 59%
- Korelace spolehlivostí odhadu PH
  - 96%

Spolehlivost GPH kanců podle počtu potomků



« Evropská síť pro fenomiku hospodářských zvířat - EU-LI-PHE»

VÚŽV

Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

Přátelství 815, 104 00 , Praha 22 Uhříněves

Registrace na adrese: **Renata Prošková**

proskova.renata@vuzv.cz

Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.
Oddělení genetiky a šlechtění
pořádá 23. listopadu 2023
odborný seminář

AKTUÁLNÍ SMĚRY VE ŠLECHTĚNÍ HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT

Seminář se koná v zasedací místnosti hlavní budovy

program:

9:00 registrace
9:30 úvod Ing. Ludmila Zavadilová, CSc.
9:40 odborné přednášky

- Ing. Zdeňka Veselá, Ph.D.: Genomické plemenné hodnoty pro sonografické měření nejdelšího zádového svalu u plemene aberdeen angus.
- Ing. Eva Kašná, Ph.D.: Odhad genomických plemenných hodnot s referenční populací zahrnující krávy s domácí užitkovostí.

11:00 přestávka
11:15 odborné přednášky

- Krupa, E., Žáková, E., Krupová, Z., Bauer, J., Moravčíková, N., Vrtková, I.: Využití dat pro odhad genomických plemenných hodnot prasat.
- Dr. Karel Novák, CSc. : Variabilita genů TLR přirozené imunity u skotu a funkční dopady.

12:45 diskuze
13:00 zakončení

POZNÁMKY:

POZNÁMKY:

Název sborníku: AKTUÁLNÍ SMĚRY VE ŠLECHTĚNÍ HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT

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

Oddělení genetiky a šlechtění hospodářských zvířat

ISBN: 978-80-7403-310-0

Vydáno bez jazykové úpravy

Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.

Přátelství 815

104 00 Praha Uhříněves

www.vuzv.cz