

GENETICKÉ SKUPINY MATEŘSKÝCH PLEMEN PRASAT



CERTIFIKOVANÁ METODIKA

Genetické skupiny mateřských plemen prasat

Autoři:

Ing. Eliška Žáková, Ph.D.

Prof. Ing. Luboš Vostrý, Ph.D.

Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.

Ing. Emil Krupa, Ph.D.

Oponenti:

doc. Ing. Karel Mach, CSc.

emeritní docent, Katedra genetiky a šlechtění
Česká zemědělská univerzita v Praze

Ing. Zdeňka Majzlíková

Česká plemenářská inspekce, Praha

Metodika je výsledkem řešení projektu NAZV QK1910217

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

se sídlem Přátelství 815, 104 00 Praha Uhřetěves
zastoupený doc. Ing. Petrem Homolkou, CSc., Ph.D., ředitelem

Tel.: 00420 267 009 511 (ústředna)

Fax: 00420 267 710 779

www: <http://www.vuzv.cz>

e-mail: vuzv@vuzv.cz

Zástupcem autorského týmu je Ing. Eliška Žáková, Ph.D.

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

vydává

OSVĚDČENÍ

9932/2021 - ČPI

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

Název metodiky: **Genetické skupiny mateřských plemen prasat**

Autor / autoři: **Žáková E., Vostrý L., Krupová Z., Krupa E.**

Název organizace/cí: **Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.**

Místo vydání: **Praha**

Rok vydání: **2021**

Metodika byla vypracována v rámci výzkumného projektu/podpory na rozvoj výzkumné organizace č. **NAZV QK1910217**

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy:

Funkce zástupce odborného útvaru státní správy:

V Praze dne 30. 11.2021

Ing. Zdenka Majzlíková

ředitelka

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

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

Souhlas ředitele Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V dne 2021

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

Obsah

I. Cíl metodiky	4
II. Vlastní popis metodiky	4
<i>II.1. Úvod</i>	4
<i>II.2. Aktuální stav tvorby genetických skupin</i>	4
<i>II.3. Návrh tvorby genetických skupin podle počtu dostupných informací</i>	6
Počet dat vztahujících se k fantomovým předkům	6
Počet dat vztahujících se k fantomovým předkům u plemene bílé ušlechtilé	7
Počet dat vztahujících se k fantomovým předkům u plemene landrase	11
Návrh sdružování fantomových předků do genetických skupin podle rozsahu dat	14
<i>II.4. Analýza genetických skupin podle DNA informací</i>	15
Dostupná molekulárně-genetická data	15
Metoda analýzy molekulárně genetických dat	15
Výsledky analýz molekulárně-genetických dat	15
<i>II.5. Tvorba genetických skupin</i>	19
<i>II. 6. Příloha</i>	19
III. Srovnání novosti postupů	19
IV. Popis uplatnění metodiky	20
V. Ekonomické aspekty	20
VI. Seznam použité související literatury	20
VII. Seznam publikací, které předcházely metodice	20

I. Cíl metodiky

Cílem metodiky bylo na základě aktuálně dostupných dat (rodokmen, molekulárně-genetická data) navrhnout vhodnou metodu organizace genetických skupin použitelnou pro stávající rutinní odhad plemenných hodnot prasat. Tento proces zahrnuje popis stávající situace, rozbor možných řešení rozdělování zvířat s neznámými rodiči do genetických skupin včetně úprav programového vybavení pro přípravu dat vstupujících do odhadu plemenných hodnot mateřských plemen prasat zařazených ve šlechtitelském programu CzePig.

II. Vlastní popis metodiky

II.1. Úvod

Odhad plemenných hodnot produkčních a reprodukčních znaků ve šlechtění mateřských plemen prasat je rutinně prováděn od roku 1999 (Wolf a kol., 1999) s pozdějšími úpravami v roce 2004 (Wolf a Žáková, 2004; Wolf a kol., 2005), 2010 (Wolf a Wolfová, 2012) a přidáním modelu s novými reprodukčními znaky v roce 2014 (Krupa a kol., 2014).

Užití matice příbuznosti v odhadu plemenných hodnot předpokládá, že zvířata s neznámými předky (base population animals; bazová zvířata¹) jsou výběrem z populace s normálním rozdělením plemenných hodnot o průměru 0 a s rozptylem σ_a^2 . Bazová zvířata však obvykle pochází z populací lišících se genetickým průměrem, a proto je nezbytné tuto situaci v modelu zohlednit, aby nedocházelo k vychýlení plemenných hodnot (Mrode, 2014). V modelech s genetickými skupinami jsou bazová zvířata slučována do subpopulací přiřazením tzv. genetických skupin (GS) podle dostupných informací (země původu, datum narození, pohlaví apod.) o bazovém zvířeti.¹

Populace šlechtěných prasat v programu CzePig jsou otevřené importu zvířat z cizích populací. Dá se předpokládat, že úroveň těchto cizích populací je různá, ať už se jedná o odlišení geografické (země původu importovaného předka) nebo změny ve šlechtěných populacích v čase. Nezahrnutí genetických skupin do odhadu plemenných hodnot by mělo vliv na pořadí zvířat, přičemž by docházelo především k podhodnocení importovaných zvířat s nedostatečným počtem příbuzenských vazeb v populaci. Proto jsou již od roku 2000 k odhadům plemenných hodnot produkčních a reprodukčních znaků využívány modely se zahrnutím genetických skupin (Wolf a Žáková, 2004).

Cílem metodiky je analyzovat možnosti seskupování zvířat s neznámými rodiči do genetických skupin z pohledu dostupných informací (množství dat vstupujících do odhadu plemenných hodnot, odlišnost zvířat na molekulárně-genetické úrovni) a vytvořit systém přípravy dat pro odhad plemenných hodnot včetně úprav programového vybavení, které se používá v rutinním odhadu plemenných hodnot.

II.2. Aktuální stav tvorby genetických skupin

Genetické skupiny u mateřských i otcovských plemen se stanovují na základě země původu a ročníku narození importovaného zvířete/inseminačních dávek zvířete. Při importu zvířete je do databáze kontroly užitkovosti (DBKU) uložen celý známý rodokmen zvířete z průkazu původu. V případě, že je v DBKU nalezeno zvíře odpovídající identifikaci z průkazu původu, zaznamená se do rodokmenu zvířete již evidovaný předek. Do tabulky zvířat se

¹ soubor zvířat, jimiž rodokmeny zvířat dané populace končí; mohou to být zvířata, jejichž rodiče jsou buď neznámí nebo jsou v daném genetickém hodnocení opomíjeni (např. při užití menšího počtu generací)

každému vloženému zvířeti ukládá mj. datum narození a země původu zvířete, u předků importovaných zvířat (v případě, že dosud v DBKU neexistují) se ukládá datum narození a země původu importovaného zvířete. Při exportu dat z DBKU k odhadům plemenných hodnot se do souboru matice příbuznosti pro každé zvíře vytváří záznam o identifikaci zvířete, otce a matky. U báзовých zvířat se do identifikace otce ukládá kód fantomového otce GGOTRRRZZ a do identifikace matky kód fantomové matky GGMARRRZZ, kde RRR představuje ročník narození příslušného zvířete – 1900, ZZ představuje dvoumístný kód pro zemi původu zvířete. Termín „fantomový“ (fantomový otec, fantomová matka, fantomový předek) zdůrazňuje fakt, že se nejedná o skutečná zvířata (není pro ně odhadována plemenná hodnota), ale pouze o pomocné označení, které se dále používá k seskupování báзовých zvířat, u nichž je možné očekávat podobné genetické založení, do tzv. genetických skupin. Používané kódy zemí jsou uvedeny v tabulce 1.

U mateřských plemen prasat se od roku 2017 využívá rozdělení fantomových rodičů báзовých zvířat do genetických skupin podle země a ročníku narození tak, jak je popsáno v tabulce 2. Rozdělení fantomových rodičů do genetických skupin bylo dosud prováděno podle počtu báзовých zvířat pro danou zemi původu a co nejbližší ročníky narození báзовých zvířat. Tento postup však předpokládá shodné uplatnění báзовých zvířat v populaci. Od roku 2019 se při odhadu plemenných hodnot v mateřských populacích využívá omezení počtu dat vstupujících do odhadu plemenných hodnot na data měřená v posledních 10 letech, což s sebou nese další nutnost revize genetických skupin z pohledu počtu dat.

Tabulka 1 Kódy zemí využívané v DBKU (stav k 28.5.2021)

Kód	Zkratka	Název	Kód	Zkratka	Název
00	CZE	Česká republika	41	CHE	Švýcarsko
01	USA	USA	42	SVK	Slovensko
02	CAN	Kanada	43	AUT	Rakousko
07	RUS	Rusko	44	GBR	Velká Británie
30	GRC	Řecko	45	DNK	Dánsko
31	NLD	Nizozemsko	46	SWE	Švédsko
32	BEL	Belgie	47	NOR	Norsko
33	FRA	Francie	48	POL	Polsko
35	IRL	Irsko	49	DEU	Německo
36	HUN	Maďarsko	50	HR	Chorvatsko
37	BLR	Bělorusko	51	RS	Srbsko
38	UKR	Ukrajina	59	BGR	Bulharsko
39	ITA	Itálie			

Tabulka 2 Genetické skupiny u plemene bílé ušlechtilé a landrase využívané k odhadu plemenných hodnot od roku 2017

Plemeno bílé ušlechtilé	Ročník narození	Země	Genetická skupina	Plemeno landrase	Ročník narození	Země	Genetická skupina
	060	vše	06099		060	vše	06099
	079-083	vše	08399		078-084	vše	08499
	084-085	vše	08599		085-090	vše	09099
	086-087	vše	08799		091-093	bez 00	09395
	088-089	vše	08999		91 a výše	00	09690
	090-091	00	09190		094-095	bez 00, 44	09595
	090-092	bez 44	09295		094-095	44	09544
	090-093	44	09344		096-099	bez 00	09895
	092-093	00	09390		100-104	bez 00	10295
	094 a výše	00	09890		105-108	bez 00, 33	10995
	093-095	bez 00, 44, 46	09595		109 a výše	bez 00,33	10995
	094-095	44	09544		105	33	10533
	094-096	46	09546		106	33	10633
	096-097	bez 00	09795		107	33	10733
	098-099	bez 00	09995		108	33	10833
	100-103	bez 00	10295		109 a výše	33	10933
	104 a výše	bez 33	10295				
	104 a výše	33	10433				

II.3. Návrh tvorby genetických skupin podle počtu dostupných informací

Počet dat vztahujících se k fantomovým předkům

Modelová rovnice animal modelu s genetickými skupinami podle Thomsona (1979, cit. Mrode, 2014) je

$$y_{ij} = h_j + a_i + \sum_{k=1}^n t_{ik} g_k + e_{ij}, \text{ kde}$$

h_j je j-tý efekt stáda, a_i je i-tý náhodný efekt zvířete, g_k je pevný efekt skupiny k-tého předka, $\sum_{k=1}^n t_{ik} g_k$ je sumarizace všech aditivně genetických vztahů mezi k-tými fantomovými předky a i-tým zvířetem t_{ik} pro všechny n předky zvířete i , e_{ij} je náhodný reziduální efekt. Příspěvek skupiny k měřené užitkovosti je tedy vážen proporcí genů předků dané skupiny ke zvířeti se záznamem užitkovosti (Mrode, 2014). A naopak, měřená užitkovost přispívá k odhadu efektu genetické skupiny v závislosti na proporci genů mezi zvířetem s užitkovostí a fantomovým předkem (FP) spadajícím do dané skupiny.

Ke kontrole množství dat přispívajících k odhadu genetické skupiny jsme upravili počítačový program CDP o proceduru, která pro každou měřenou užitkovost z datového souboru pro odhad PH prohledává rodokmenový soubor až do nalezení fantomového zvířete/symbolu genetické skupiny a zaznamenává počet generací mezi zvířetem s užitkovostí a fantomovým zvířetem/genetickou skupinou. Následně jsou pro každé fantomové zvíře/skupinu sumarizovány počty užitkovostí přispívající k odhadu genetické skupiny $nrec_g$:

$$nrec_g = \sum_{r=1}^n 0,5^{gen_{gr}}, \text{ kde}$$

gen_{gr} je počet generací mezi fantomovým zvířetem/genetickou skupinou g a zvířetem s užitkovostí r .

K výpočtu $nrec_g$ jsme použili datové soubory pro odhad plemenných hodnot v čtyřznakovém modelu pro produkční znaky (přírůstek a podíl libového masa), počet živě narozených selat na 1. vrzích, počet živě narozených selat na 2. a dalších vrzích k 1.11.2020 (produkční a reprodukční data 1.12.2007-1.11.2020). Charakteristika datových souborů je uvedena v tabulce 3.

Struktura populací, ve kterých probíhá import genů z jiných populací, se v čase mění v závislosti na úspěchu zapojení potomstva importovaných zvířat. K zachycení těchto změn byla provedena analýza dat podle ročníku měření užítkovosti (2007 a starší, 2008-2009, 2010-2011, 2012-2013, 2014-2015, 2016-2017, 2018-2019 a 2020) a pro celý datový soubor.

Tabulka 3 Rozsah dat v datových souborech pro odhad plemenných hodnot v čtyřznakovém modelu u plemene bílé ušlechtilé a landrase

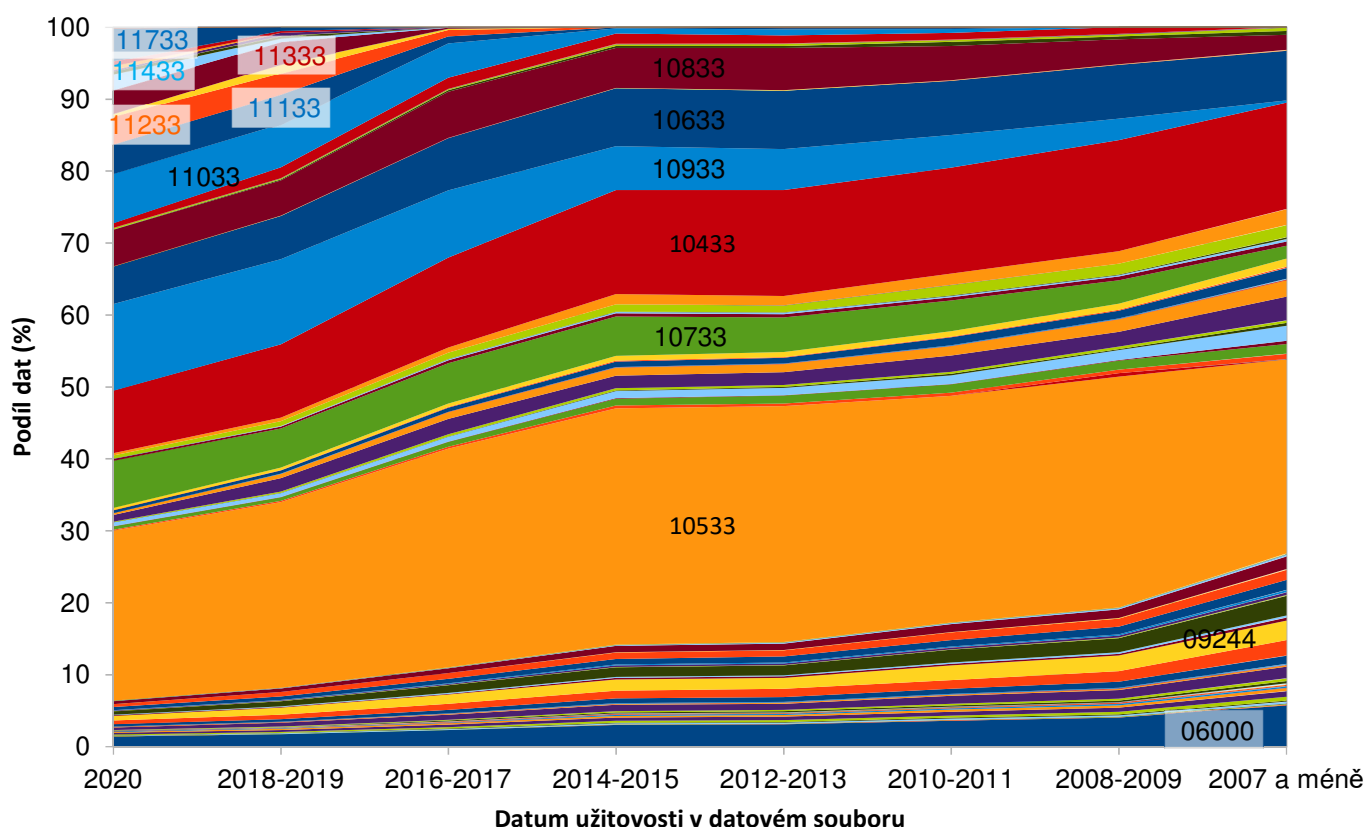
	bílé ušlechtilé	landrase
Počet produkčních dat	120041	47611
Počet dat prvních vrhů	16434	4289
Počet dat 2. a dalších vrhů	52101	14021

Počet dat vztahujících se k fantomovým předkům u plemene bílé ušlechtilé

Vývoj podílu dat vztahujících se k FP u plemene bílé ušlechtilé dokumentují grafy 1-3.

Napříč hodnocenými typy dat (produkční data - tabulka 4 a data 1. vrhů – tabulka 5) se celkově nejvyšší podíl dat vztahuje k FP zvířat importovaných z Francie s ročníkem narození 2005-2009 a zvířat domácí populace s ročníkem narození nižším než 1978 (06000), jejichž podíl však stabilně klesá. V posledních 3-5 letech narůstá podíl dat FP zvířat importovaných z Francie s datem narození 2010 a výše a zvířat importovaných z Dánska a Polska s ročníkem narození 2010 a výše.

Graf 1 Vývoj zastoupení FP v produkčních datech plemene bílé ušlechtilé



Tabulka 4 Podíl produkčních dat vztahujících se k fantomovým předkům u bílého ušlechtilého*

Fantomový předek	PODÍL PRODUKČNÍCH DAT (%)								
	2020	2018- 2019	2016- 2017	2014- 2015	2012- 2013	2010- 2011	2008- 2009	2007	celkem
10533	23,6	25,8	30,4	32,9	32,1	27,0	12,4	3,4	25,32
10433	8,7	10,2	12,5	14,5	15,5	14,8	11,2	8,4	12,66
10633	5,2	6,0	7,3	8,1	7,5	6,9	3,3	0,7	6,13
10933	12,1	11,8	9,4	6,1	3,0	0,3	0,0	0,0	5,11
06000	1,4	1,7	2,3	3,0	4,0	5,7	9,7	12,3	4,74
10833	5,1	4,9	6,4	5,6	3,5	2,1	0,1	0,0	3,61
10733	6,5	5,4	5,6	5,5	3,3	1,8	0,2	0,0	3,53
09244	0,7	1,0	1,3	1,6	2,2	2,7	3,9	4,9	2,20
09344	0,5	0,7	1,0	1,3	2,0	2,7	4,4	5,1	2,15
11033	6,8	6,0	4,8	0,7	0,0	0,0	0,0	0,0	2,03
10546	0,3	0,6	0,9	1,1	1,7	2,3	3,6	4,3	1,81
09246	0,5	0,6	0,8	1,1	1,5	2,1	3,9	4,7	1,80
10045	0,5	0,5	0,7	1,0	1,3	2,1	3,9	4,9	1,74
10746	0,9	1,9	2,1	1,7	2,1	3,3	0,4	0,0	1,73
10333	0,3	0,5	0,7	1,4	1,7	2,2	3,5	2,9	1,72
09544	0,4	0,5	0,6	0,9	1,2	1,8	3,2	4,1	1,47
10344	0,4	0,6	0,9	1,0	1,5	1,7	2,1	2,7	1,34
09144	0,4	0,5	0,7	0,9	1,2	1,6	2,4	3,1	1,30
09546	0,4	0,4	0,6	0,8	1,1	1,5	2,4	3,2	1,22
09445	0,5	0,5	0,6	0,8	1,0	1,4	2,4	3,2	1,22
09446	0,4	0,6	0,8	0,9	1,1	1,4	1,8	2,3	1,14
10245	0,4	0,5	0,7	0,9	1,2	1,4	1,7	1,2	1,07
09245	0,3	0,4	0,5	0,6	0,8	1,2	2,1	2,6	1,01
11133	4,1	4,1	1,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,92
11048	0,7	1,5	1,5	1,4	0,9	0,0	0,0	0,0	0,85
11233	3,7	3,0	0,9	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,72
11333	3,4	3,1	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,59
11733	4,6	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,24
11433	2,1	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,15

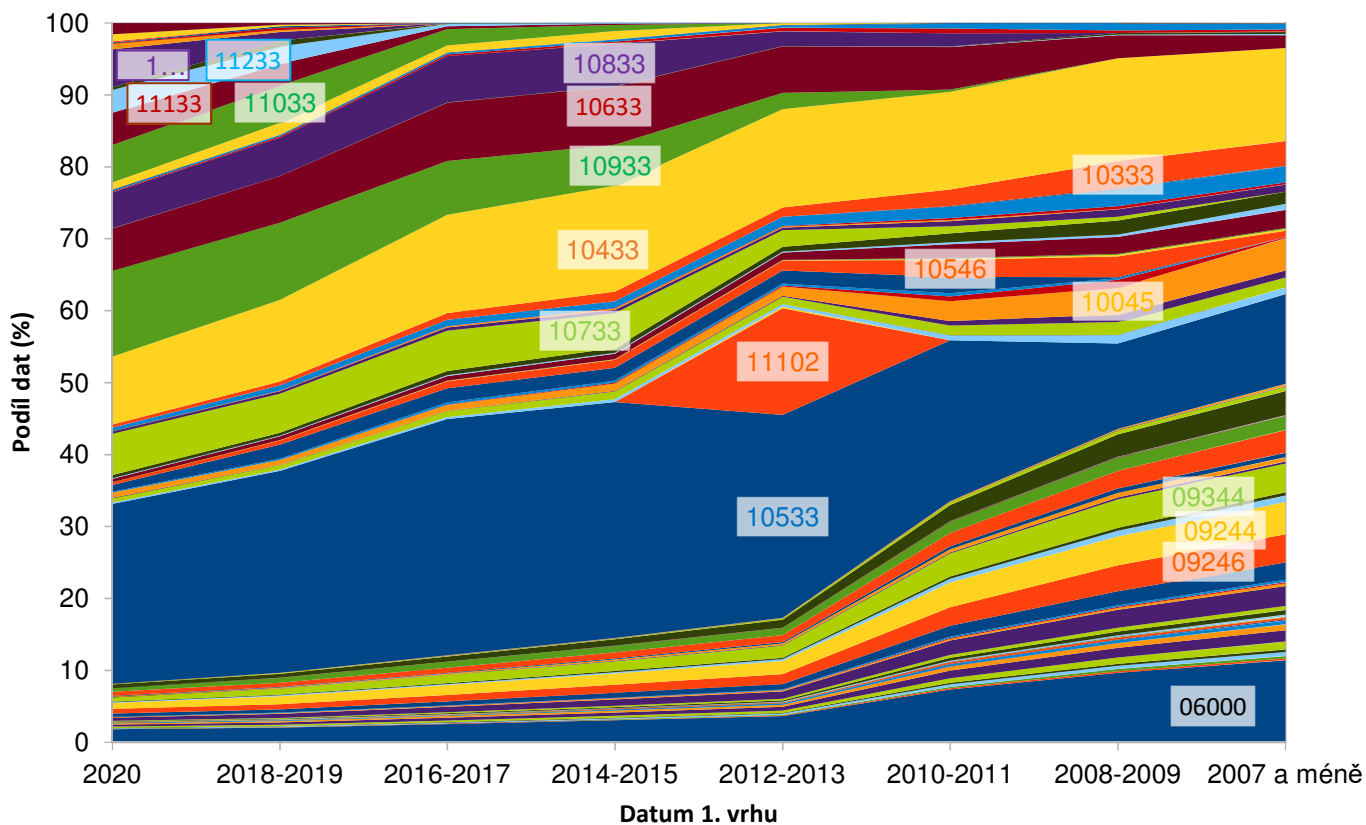
* uvedeni jsou FP s celkovým podílem vyšším než 1 % dat nebo FP, kde v průběhu posledních 5 let došlo k nárůstu podílu aspoň na 1 % dat daného ročníku (noví FP)

Tabulka 5 Podíl dat 1. vrhů vztahujících se k fantomovým předkům u bílého ušlechtilého*

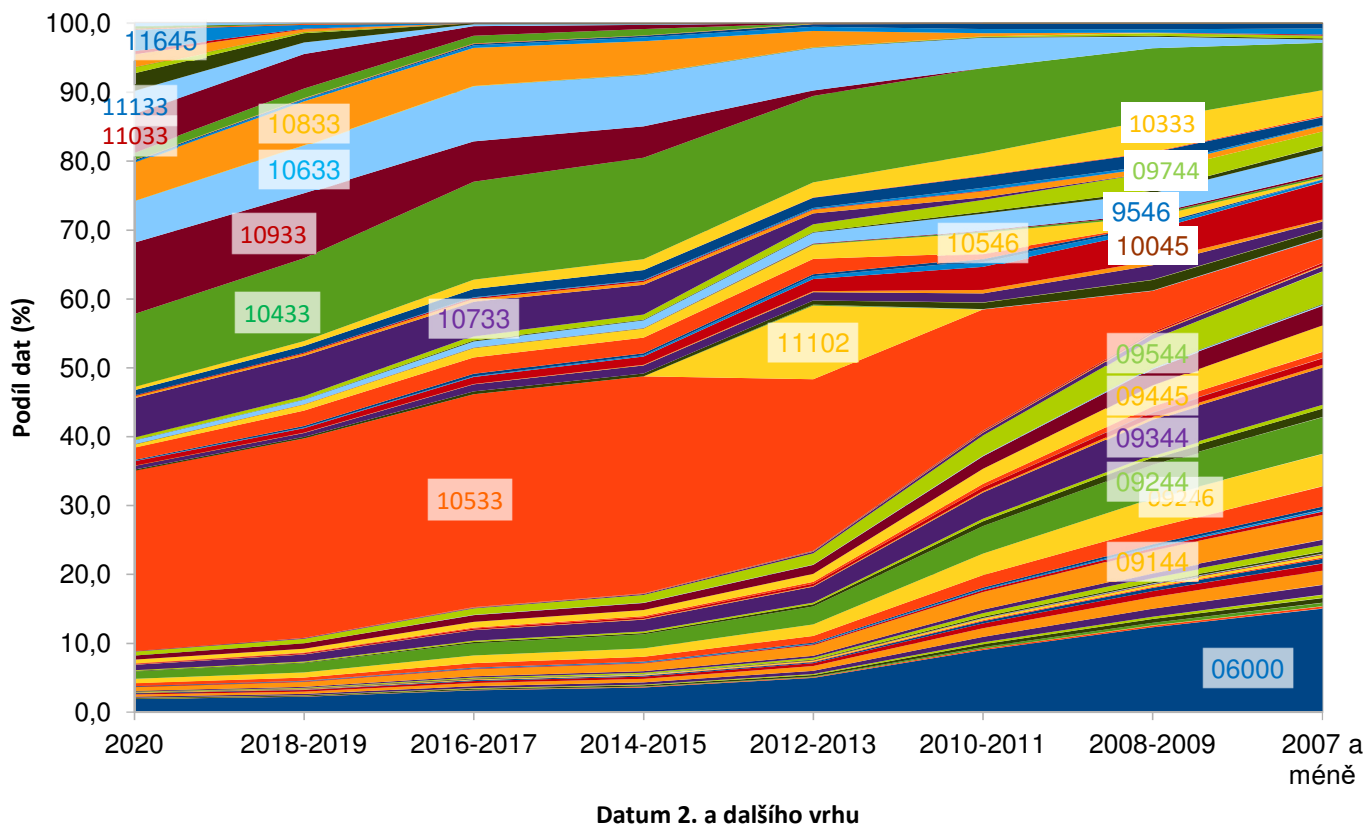
Fantomový předek	PODÍL DAT 1. vrhů (%)								
	2020	2018- 2019	2016- 2017	2014- 2015	2012- 2013	2010- 2011	2008- 2009	2007	celkem
10533	25,0	28,1	32,8	32,8	28,2	22,4	11,8	12,5	23,8
10433	9,4	11,4	13,7	14,7	13,7	13,6	14,3	12,9	13,6
10633	5,8	6,5	8,1	8,1	6,5	5,9	3,2	1,8	5,8
06000	1,8	2,1	2,5	3,1	3,7	7,3	9,6	11,4	5,6
10933	12,0	10,7	7,5	5,7	2,2	0,3	0,0	0,0	3,6
10833	5,0	5,3	6,4	5,9	2,1	1,8	0,0	0,0	3,0
10733	5,8	5,4	5,6	4,8	2,3	1,0	0,5	0,0	2,8
09244	0,8	1,1	1,4	1,5	1,9	3,4	4,0	4,5	2,5
09344	0,6	0,8	1,1	1,4	1,7	3,2	4,0	4,0	2,3
11102	0,0	0,0	0,0	0,0	14,9	0,0	0,0	0,0	2,1
10045	0,7	0,7	0,8	1,0	1,3	2,7	3,7	4,5	2,1
09246	0,7	0,7	0,9	1,1	1,3	2,6	3,6	3,9	2,0
10333	0,5	0,5	0,9	1,3	1,3	2,3	3,8	3,4	2,0
09544	0,5	0,6	0,7	0,9	1,1	2,2	3,1	3,4	1,7
10546	0,4	0,6	1,0	1,1	1,4	2,3	2,9	0,9	1,7
09144	0,4	0,6	0,8	0,9	1,1	2,0	2,5	2,8	1,5
09445	0,6	0,6	0,7	0,9	1,0	1,9	2,4	3,1	1,5
10344	0,5	0,7	0,9	0,9	1,3	1,6	2,3	2,3	1,5
10746	0,9	1,9	2,0	1,8	1,8	2,3	0,1	0,0	1,4
09546	0,4	0,5	0,7	0,8	1,0	1,9	2,4	2,5	1,4
10245	0,6	0,6	0,8	1,1	1,0	1,4	1,8	1,4	1,2
09245	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	1,5	2,0	2,4	1,2
11033	5,2	5,2	2,3	0,8	0,0	0,0	0,0	0,0	1,1
09744	0,4	0,4	0,6	0,7	0,7	1,2	2,0	1,7	1,1
11048	1,0	1,6	1,0	1,1	0,3	0,0	0,0	0,0	0,5
11133	4,5	3,1	0,4	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5
11233	3,1	2,4	0,3	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4
11333	5,2	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3
11448	0,4	0,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1
11733	1,6	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1
11433	0,8	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
11833	1,0	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0

* uvedení FP s celkovým podílem vyšším než 1 % dat nebo FP, kde v průběhu posledních 5 let došlo k nárůstu podílu aspoň na 1 % dat daného ročníku (noví FP)

Graf 2 Vývoj zastoupení fantomových předků v datech 1. vrhů plemene bílé ušlechtilé



Graf 3 Vývoj zastoupení fantomových předků v datech 2. a dalších vrhů plemene bílé ušlechtilé



Počet dat vztahujících se k fantomovým předkům u plemene landrase

U plemene landrase (grafy 4-6, tabulka 6 a 7) dosahují nejvyšších zastoupení FP zvířat importovaných z Francie s datem narození v roce 2004-2009 a dále importy z Dánska (narození v roce 2000, 2004 a 1995), Norska s datem narození 1996, Velké Británie narození v roce 2004 a Švédska narození v roce 2006. K nárůstu podílu dat dochází u importů z Francie s ročníkem narození 2010 a výše, z Polska (nar. 2009, 2014 a 2015), Velké Británie (nar. 2014 a 2018) a Švédska (nar. 2004).

Tabulka 6 Podíl produkčních dat vztahujících se k fantomovým předkům u plemene landrase*

Fantomový předek	PODÍL PRODUKČNÍCH DAT (%)								
	2020	2018-2019	2016-2017	2014-2015	2012-2013	2010-2011	2008-2009	2007	Celkem
10533	24,7	29,0	33,1	40,6	39,1	18,8	12,9	5,2	28,5
06000	3,7	4,0	4,4	4,1	5,4	10,2	12,6	14,7	6,6
10045	3,0	3,3	3,5	3,4	5,4	9,7	11,4	13,5	5,9
09647	3,4	3,6	4,0	3,6	4,3	8,4	10,5	13,8	5,7
10633	2,9	4,1	4,7	5,6	6,0	5,7	4,3	0,8	4,8
10933	6,7	5,7	8,3	7,8	3,6	0,8	0,0	0,0	4,6
10833	5,1	5,3	6,9	5,8	6,2	1,2	0,1	0,0	4,3
10433	2,3	2,4	2,9	2,9	3,3	4,4	3,9	2,7	3,2
10733	2,8	3,1	3,8	4,4	3,4	2,8	0,4	0,0	2,9
09835	1,7	1,8	2,0	1,9	2,3	4,2	4,0	4,4	2,6
10444	1,8	1,8	2,3	2,4	2,0	2,5	3,5	5,3	2,4
10646	2,8	3,1	3,4	2,9	2,7	2,2	0,2	0,0	2,4
10445	1,7	1,7	1,7	1,5	2,3	4,2	3,0	3,9	2,3
09545	1,4	1,5	1,5	1,3	1,5	2,8	3,7	4,1	2,0
09200	1,0	1,1	1,2	1,1	1,5	2,7	3,2	3,8	1,8
09645	0,9	1,0	1,0	0,9	1,4	2,7	3,8	4,8	1,8
09447	1,0	1,0	1,2	1,0	1,3	2,4	2,9	4,0	1,6
11133	5,4	3,9	2,0	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	1,3
10948	2,7	1,9	2,0	2,3	0,4	0,0	0,0	0,0	1,2
11033	2,7	2,7	2,6	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	1,1
11448	2,8	5,0	0,2	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0	1,1
11333	3,4	0,9	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4
11548	1,2	1,6	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4
11233	1,9	1,0	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3
11533	2,1	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1
11433	1,4	0,2	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1

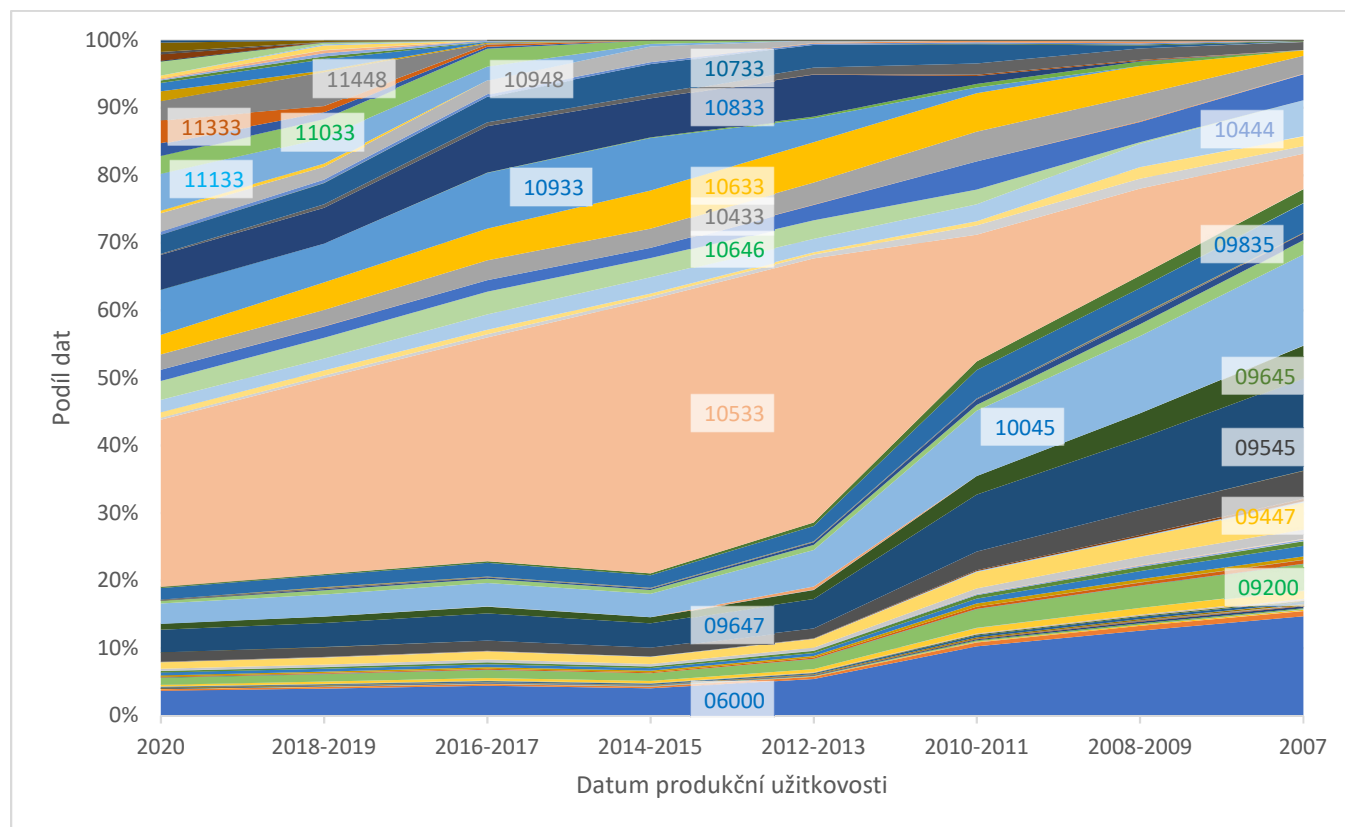
* uvedeni FP s celkovým podílem vyšším než 1 % dat nebo FP, kde v průběhu posledních 5 let došlo k nárůstu podílu aspoň na 1 % dat daného ročníku (noví FP)

Tabulka 7 Podíl dat 1. vrhů vztahujících se k fantomovým předkům u plemene landrase*

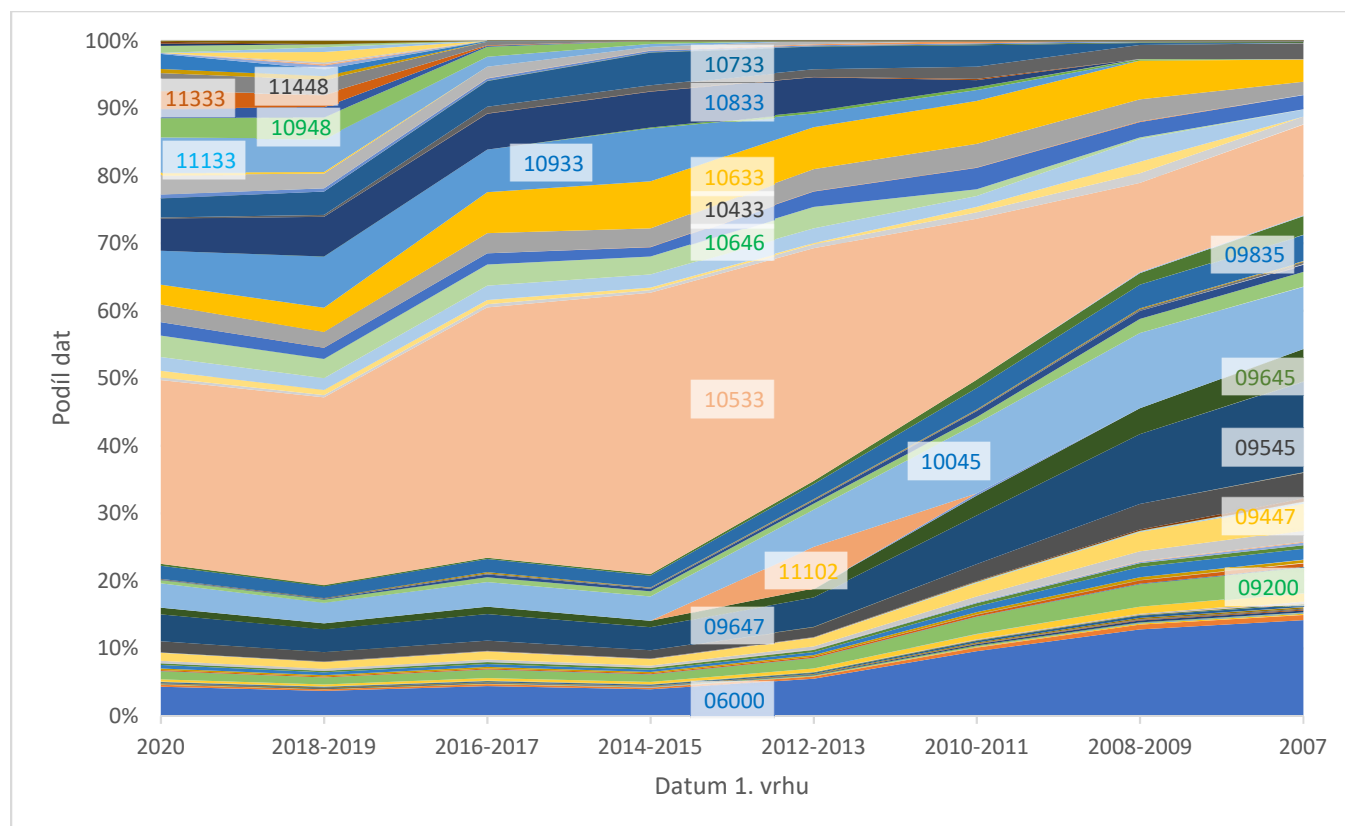
Fantomový předek	PODÍL PRODUKČNÍCH DAT (%)								
	2020	2018- 2019	2016- 2017	2014- 2015	2012- 2013	2010- 2011	2008- 2009	2007	Celkem
10533	27,2	27,8	37,1	41,7	34,4	23,9	13,3	13,4	26,8
06000	4,3	3,7	4,4	4,0	5,5	9,6	12,8	14,2	7,9
10045	3,6	3,1	3,6	3,6	5,5	10,3	11,1	9,2	7,0
09647	3,9	3,4	4,0	3,4	4,4	7,2	10,3	13,5	6,5
10633	2,9	3,6	6,1	7,0	6,2	6,3	5,7	3,3	5,7
10933	5,0	7,6	6,3	7,8	2,0	1,6	0,0	0,0	3,3
10833	4,8	5,9	5,3	5,3	5,0	1,0	0,0	0,0	3,1
10433	2,6	2,3	3,0	2,8	3,3	3,5	3,3	2,0	3,0
09835	2,0	1,7	2,0	1,7	2,3	3,2	3,5	3,9	2,6
10733	2,8	3,4	3,8	4,9	3,4	3,2	0,2	0,0	2,6
09545	1,6	1,4	1,5	1,2	1,5	2,5	3,8	3,8	2,3
10444	2,1	1,7	2,1	1,9	2,2	1,6	3,4	1,1	2,3
09645	1,0	0,9	1,1	1,0	1,3	2,9	3,9	4,8	2,2
10445	2,0	1,7	1,7	1,4	2,3	3,2	2,2	2,1	2,1
09200	1,2	1,0	1,2	1,1	1,5	2,5	3,3	3,7	2,1
10646	3,2	2,8	3,1	2,6	3,2	1,0	0,3	0,0	1,8
09447	1,2	1,0	1,2	0,9	1,3	2,0	2,8	3,9	1,8
10333	0,2	0,3	1,0	0,9	1,1	1,8	2,1	2,4	1,4
10149	0,5	0,5	0,7	0,8	0,9	1,0	2,1	2,2	1,2
11102	0,0	0,0	0,0	0,0	6,1	0,0	0,0	0,0	1,0
11133	5,2	5,0	1,4	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,9
10446	1,0	0,8	0,6	0,4	0,2	0,8	1,7	0,0	0,8
10948	2,9	2,2	1,7	0,5	0,6	0,0	0,0	0,0	0,7
11033	2,9	3,1	1,5	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,7
11448	2,7	2,1	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4
11333	2,5	1,9	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3
11233	1,4	1,5	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2
11548	2,2	1,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2
11748	0,0	1,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1
11533	1,1	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1

* uvedeni FP s celkovým podílem vyšším než 1 % dat nebo FP, kde v průběhu posledních 5 let došlo k nárůstu podílu aspoň na 1 % dat daného ročníku (noví FP)

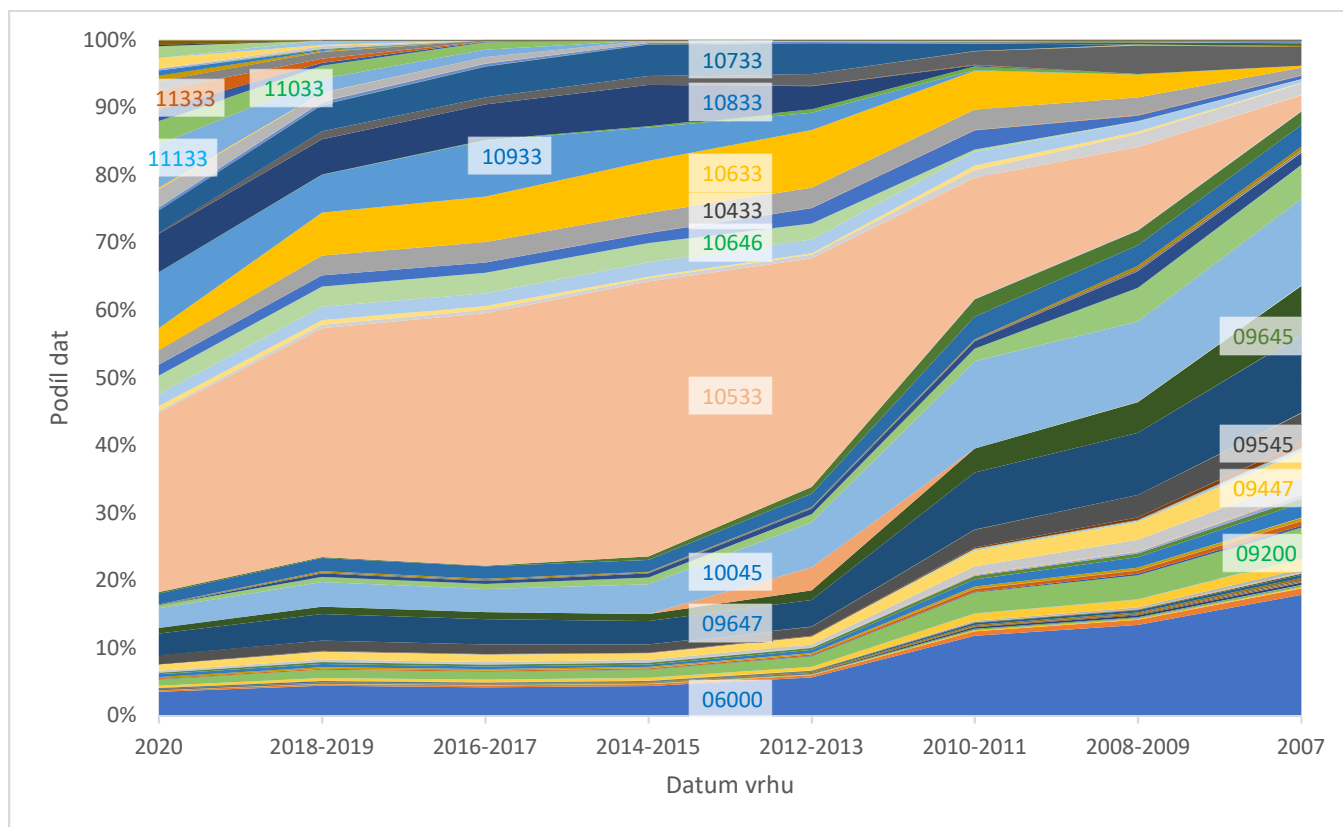
Graf 4 Vývoj zastoupení fantomových předků v produkčních datech plemene landrase



Graf 5 Vývoj zastoupení fantomových předků v datech 1. vrhů plemene landrase



Graf 6. Vývoj zastoupení fantomových předků v datech 2. a dalších vrhů plemene landrase



Návrh sdružování fantomových předků do genetických skupin podle rozsahu dat

Z pohledu dostupných dat přispívajících k odhadu genetických skupin navrhuje fantomové předky sloučit do genetických skupin tak, jak je uvedeno v tabulce 8 a 9. Pro omezený počet dat potomků importů ze zemí vyjma Francie navrhuje sloučení provést u těchto zemí pouze na základě ročníku narození. Vzhledem k omezení dat v odhadu plemenných hodnot na posledních 10 let bude pak v průběhu cca 2 let nezbytné sloučit nejstarší genetické skupiny s ročníky narození do roku 1990.

Tabulka 8 Genetické skupiny u plemene bílé ušlechtilé

Označení GS	Počet dat vztahujících se ke genetické skupině*			Popis genetické skupiny	
	produkční data	1. vrhy	2. a další vrhy	Země	Ročník narození
06099	5760,1	934,4	3755,7	Domácí	1960
07899	2470,3	404,0	1607,2	Všechny	1978–1985
08699	1004,2	163,5	642,6	Všechny	1986–1989
09099	19466,2	3045,7	12244,8	Všechny	1990–1995
09695	2213,5	376,0	1471,9	Importi	1996–1999
10095	7674,2	1140,6	4006,4	importi bez Francie	2000–2004
10033	17812,4	2640,6	7878,7	Francie	2000–2004
10595	4388,3	517,0	1532,7	importi bez Francie	2005–2009
10533	30180,2	3883,7	10425,1	Francie	2005
11095	1460,6	460,4	1116,2	Importi bez Francie	2010 a dále

10633	15825,4	1887,7	5110,6	Francie	2006–2008
10933	8503,4	762,9	1930,7	Francie	2009–2010
11133	3282,3	217,6	378,4	Francie	2011 a dále
celkem	120041,0	16434,0	52101,0		

* vypočítáno jako $nrec_g$

Tabulka 9 Genetické skupiny u plemene landrase

Označení GS	Počet dat vztahujících se ke genetické skupině*			Popis genetické skupiny	
	produkční data	1. vrhy	2. a další vrhy	Země	Ročník narození
06099	3130,9	331,8	1218,5	Domácí	1960
07899	411,8	43,6	166,2	Všechny	1978–1990
09199	5598,7	596,5	2168,5	Všechny	1991–1995
09695	4617,1	469,0	1592,5	Importi	1996–1999
				importi bez Francie	2000–2008
10095	7582,6	718,4	2563,5	importi bez Francie	2009 a dále
10995	1567,0	106,1	169,3	Francie	2000–2005
10033	15489,8	1334,9	4186,8	Francie	2006–2008
10633	5477,5	460,9	1394,7	Francie	2009 a dále
10933	3735,6	227,7	560,8	Francie	
celkem	47611,0	4289,0	14021,0		

* vypočítáno jako $nrec_g$

II.4. Analýza genetických skupin podle DNA informací

Dostupná molekulárně-genetická data

Dostupnými molekulárně-genetickými informacemi byly informace o mikrosatelitních markerech (MS) plemenných kanců a plemenic. Data o MS jsou do DBKU zasílána spolupracujícími laboratořemi. Od roku 2013 se používá panel mikrosatelitních lokusů (387A12F, S0655, SBH1, SBH2, SBH4, SBH10, SBH13, SBH18, SBH19, SBH20, SBH22 a pohlavně specifický SBH23) Animaltype Pig firmy Biotype®. V DBKU byly k dispozici informace o MS tohoto panelu u 426 zvířat plemene bílé ušlechtilé a 278 zvířatech plemene Do molekulární analýzy byly použiti jedinci, kteří splňovali více než 50% zastoupení jednotlivých genetických skupin (u plemene bílé ušlechtilé 106 jedinců a u plemene landrase 120 jedinců).

Metoda analýzy molekulárně genetických dat

K stanovení genetické struktury a stupně admixie mezi jednotlivými genetickými skupinami byla použita diskriminační analýza hlavních komponent (DACP) implementovaná do balíku R-projektu AdeGenet (Jombart a Ahmed, 2011). Přístup DACP navrhuje optimální rozdělení jedinců do definovaných skupin ve vztahu k diskriminační funkci hlavních složek.

Výsledky analýz molekulárně-genetických dat

Vzhledem k omezenému množství molekulárně-genetických dat zvířat byla provedena analýza meziplenných rozdílů zvířat (obrázek 1) a u jednotlivých plemen analýzy rozdílů genetických skupin zvířat s nadpolovičním podílem genetických skupin Francie s ročníkem narození 2000 a výše (obrázek 2 a 3).

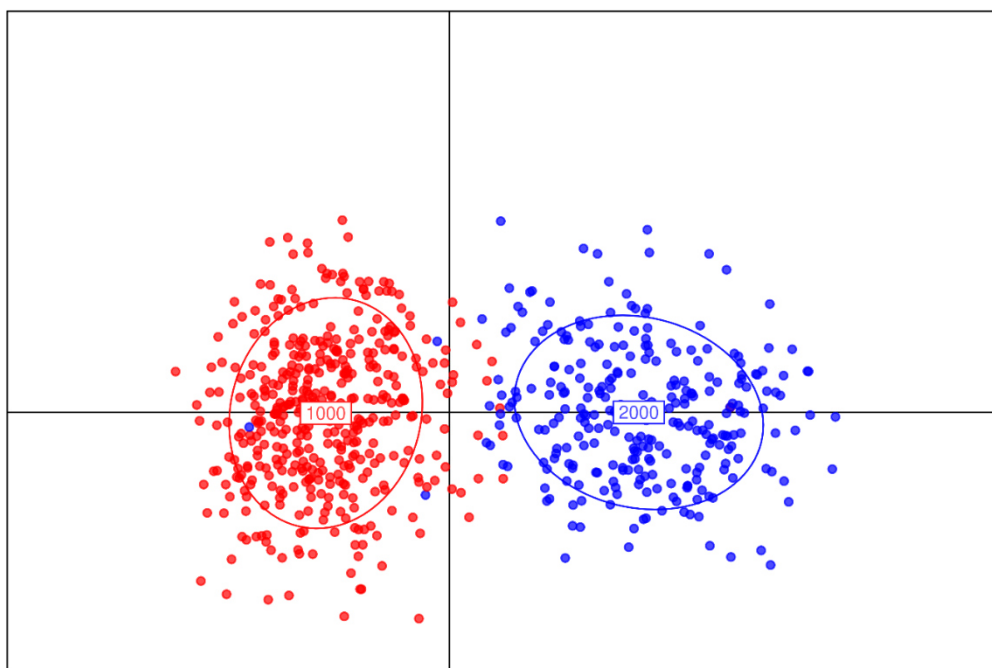
Analýzou rodokmenu bylo zjištěno, že zvířata s více než 5 % podílem plemene landrase jsou předky celkem 5549 zvířat (tabulka 10). U 37 zvířat plemene bílé ušlechtilé byl odhadnut více než 1% genetický podíl alel plemene landrase. U tohoto souboru zvířat byl proveden průzkum rodokmenů s cílem vytipovat pravděpodobné nositele alel plemene landrase. Celkem byl zkoumán průnik předků v rodokmenech u 31 zvířat (6 zvířat z 37 bylo přímými potomky jiných zvířat z analyzovaného souboru). Pro všechny kombinace zvířat ze zkoumaného souboru byli zjištěni společní předkové v jejich rodokmenu. Sumářem společných předků byla nalezena zvířata, která jsou předky zvířete 112192594 a zároveň se v rodokmenech opakují nejčastěji (tabulka 11). Bez další molekulárně-genetické analýzy však nelze u zvířat z tabulky 12 s jistotou potvrdit jejich plemennou příslušnost.

Tabulka 10 Zvířata plemene bílé ušlechtilé s více než 5 % odhadovaným podílem alel plemene landrase*

AMčíslo	Podíl plemene bílé ušlechtilé	Podíl plemene landrase	Počet potomků zvířete	Minimální generace potomků	Ročník narození potomků
115045257	0,9459	0,0541	592	1-4	2016-2020
119044153	0,9370	0,0630	8	1	2020
116044940	0,9342	0,0658	149	1-3	2017-2020
117191214	0,9339	0,0661	107	1	2018-2019
114169677	0,9304	0,0696	58	1	2016-2017
113177825	0,9221	0,0779	126	1-2	2014-2016
112165681	0,9034	0,0966	0		
119192430	0,9013	0,0987	0		
113045379	0,8966	0,1034	34	1-2	2014-2016
113044660	0,8923	0,1077	200	1-3	2014-2017
113042695	0,8471	0,1529	3445	1-6	2014-2020
119043808	0,8453	0,1547	1	1	2020
112176884	0,7705	0,2295	251	1-3	2014-2016
112168527	0,6737	0,3263	144	1-4	2013-2020
114169676	0,6636	0,3364	37	1	2016
120041062	0,6580	0,3420	0		
114190977	0,5340	0,4660	52	1-3	2015-2017
112162707	0,4442	0,5558	0		
112192438	0,3449	0,6551	0		
115034820	0,3139	0,6861	0		
112034763	0,3097	0,6903	362	1-3	2014-2016
112192594	0,0000	1,0000	539	1-5	2013-2020

* tučně jsou vyznačena zvířata, která jsou potomky jiných zvířat v tabulce

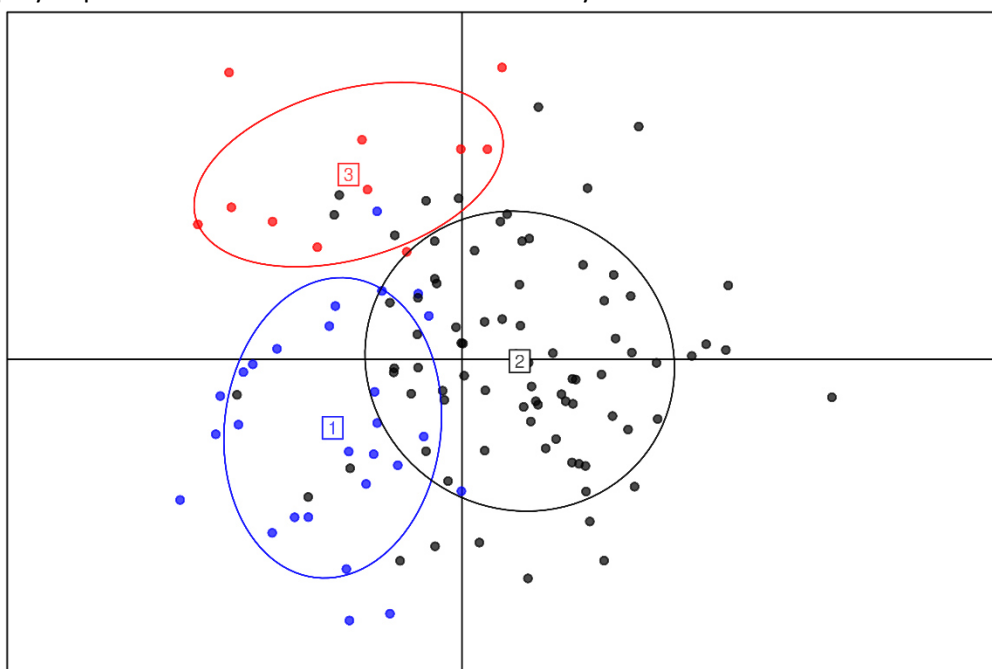
Obrázek 1 Rozdíly mezi plemeny bílé ušlechtilé (1000) a landrase (2000)



Tabulka 11 Zvířata nejčastěji se vyskytující v rodokmenech zvířat s více než 1% podílem plemene landrase, která jsou zároveň předky zvířete 112192594

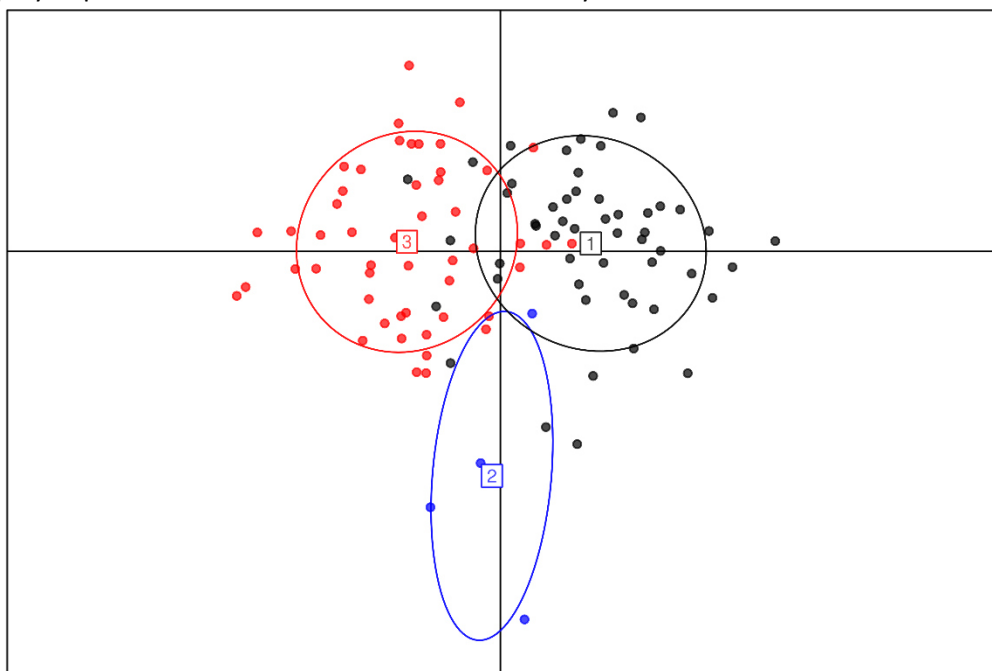
AMčíslo	Počet opakování	AMčíslo	Počet opakování	AMčíslo	Počet opakování
300000726	406	300000897	253	300001298	78
300001595	351	300000549	231	300001558	66
300001315	351	300000553	231	300001889	66
300002267	351	300001416	210	300002275	66
300001598	351	300001293	210	300001891	66
300002270	351	300000878	210	300001553	66
300001341	325	300000880	210	300001890	66
300001651	325	300001413	210	300001463	66
300001344	325	300000893	210	300001306	45
300001302	325	300000884	210	300001433	45
300001664	325	300001311	210	300001402	36
300000555	325	300001429	153	300002002	28
300001332	300	300001475	153	300001484	28
300001385	276	300001652	153	300002268	21
300001411	253	300002572	136	300002006	21
300000896	253	300002573	91	300001642	21
300001457	253	300002579	91	300000221	21
300001606	253	300001992	91	300001994	21
300001346	253	300001991	91	300001482	21
300000903	253	300001428	91	300002588	21
300001317	253	300002589	91	300003070	15
300001324	253	300001673	91	300003072	15
300001473	253	300002577	91	300003071	15
300001294	253	300001479	78	300003082	15
300001654	253	300001466	78	300003661	3
300001305	253	300001670	78	300003662	3
300001716	253	300001675	78	300003663	3
300001337	253				

Obrázek 2 Výsledky analýzy molekulárně-genetických dat u zvířat bílé ušlechtilé s nadpolovičním podílem genetické skupiny importů z Francie s rokem narození 2000 a výše*



* Skupina 1: $0,5 < (10633 + 10033)$, skupina 2: $0,5 < (10933 + 11133)$, skupina 3: $0,5 < (10533)$

Obrázek 3 Výsledky analýzy molekulárně-genetických dat u zvířat plemene landrase s nadpolovičním podílem genetické skupiny importů z Francie s rokem narození 2000 a výše*



* Skupina 1: $0,5 < (10933)$, skupina 2: $0,5 < (10633)$, skupina 3: $0,5 < (10033)$

Z obrázků 2 a 3 je patrný posun v zastoupení alel mikrosatelitů u zvířat v genetických skupinách. Tyto změny jsou dokladem nejen rozdílného genetického základu importovaných zvířat, ale také selekčního tlaku, který se v populacích uplatňuje.

II.5. Tvorba genetických skupin

V rutinním odhadu plemenné hodnoty se genetické skupiny budou tvořit podle návrhu uvedeném v tabulce 8 a 9. Překódování fantomových předků na genetické skupiny bude probíhat pomocí programů ggB.f90 a ggL.f90.

II. 6. Příloha

Součástí metodiky nejsou žádné přílohy.

III. Srovnání novosti postupů

Dosud se sdružování bázevých zvířat do genetických skupin provádělo podle země původu a ročníku narození bázevého zvířete, přičemž hlavním rozhodovacím kritériem byl počet bázevých zvířat ve tvořené genetické skupině bez ohledu na jejich další uplatnění (počet dat potomků v populaci). V situaci, kdy se k odhadům plemenných hodnot nevyužívají všechna dostupná produkční a reprodukční data, ale pouze data z posledních let klouzavě k datumu zpracování, dochází k nerovnoměrným změnám v počtech dat přispívajících k odhadům efektů genetických skupin. Nový přístup tvorby genetických skupin je založen na zjištění počtu dat, která přispívají k odhadu efektu genetické skupiny v daném datovém souboru. Zajišťuje tedy dostatečný počet dat v genetické

skupině, který je nezbytný pro nevychýlené odhady efektů genetických skupin na užitkovost. Výsledkem daného postupu je zpřesnění odhadu plemenných hodnot.

IV. Popis uplatnění metodiky

Vypracované postupy předkládané metodiky tvoří základ pro formování genetických skupin v odhadu plemenných hodnot u mateřských plemen prasat. Vyvinuté programy budou použity k přípravě datových souborů pro odhad plemenných hodnot v rutinním provozu.

V. Ekonomické aspekty

Náklady na vypracování metodiky jsou minimální. Veškeré programy pro stanovení genetických skupin byly vyvinuty v rámci řešení projektu NAZV QK1910217. Úprava genetických skupin povede ke zpřesnění odhadu vlivu genetických skupin na užitkovost zvířat.

VI. Seznam použité související literatury

Jombart T., Ahmed I. (2011): adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics*, 27, 3070–3071.

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

Mrode R. A. (2014): Animal model with groups. In: *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*, 3. vydání, CABI, 2014, 54-60. ISBN 978-1-84593-981-6.

Wolf J., Groeneveld E., Peškovičová D., Wolfová M., Jelínková V., Pražák Č., Fiedler J. (1999): Odhad plemenné hodnoty u prasat v České republice – aktuální stav a perspektivy dalšího vývoje. In: Wolf, J., Groeneveld E., Peškovičová D. (ed.): *Odhad plemenné hodnoty u prasat v Česku a na Slovensku – aktuální stav a perspektivy dalšího vývoje*. VÚŽV Praha-Uhřetěves, 15-39.

Wolf J., Žáková E. (2004): Metodika nového animal modelu pro mateřská plemena. *Metodika*. Praha Uhřetěves: VÚŽV, v.v.i.

Wolf J., Žáková E., Groeneveld E. (2005): Genetic parameters for a joint genetic evaluation of production and reproduction traits in pigs. *Czech J. Anim. Sci.*, 50(3), 96–103.

Wolf J., Wolfová M. (2012): Impact of genetic groups and herd-year-season fixed/random on genetic parameter estimates from large data sets in pigs. *Research In Pig Breeding*, 6(2), 88-96.

VII. Seznam publikací, které předcházely metodice

Žáková, E., Krupa, E., Příbyl J., Krupová Z. (2018): Genetic Groups of Dam Lines in the Czech Pig Breeding Values Prediction. In: *XXVIIIth Genetic Days 2018*. České Budějovice: University of South Bohemia.

- Vydal: Výzkumný ústa živočišné výroby, v.v.i.
Přátelství 815, 104 0 Praha-Uhřetěves
- Název: Genetické skupiny mateřských plemen prasat
- Autoři: Ing. Eliška Žáková, Ph.D. (35 %)
Prof. Ing. Luboš Vostrý, Ph.D. (35 %)
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (20 %)
Ing. Emil Krupa, Ph.D. (10 %)
- Oponenti: doc. Ing. Karel Mach, CSc.
Emeritní docent, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů
Česká zemědělská univerzita, Praha

Ing. Zdeňka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha
- Dedikace: Metodika je výsledkem řešení výzkumného projektu NAZV QK1910217 s názvem „Vytvoření referenční populace a vývoj postupů pro odhad genomických plemenných hodnot znaků prasat zařazených do Českého národního šlechtitelského programu“.

ISBN 978-80-7403-260-8

Vydáno bez jazykové úpravy.

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

Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.

Přátelství 815

104 00 Praha – Uhřetěves

www.vuzv.cz