

Alexandra Novotná
a kolektiv

GENETICKÉ HODNOCENÍ OBVODU ŠOURKU U MASNÝCH PLEMEN SKOTU V ČR



ISBN 978-80-7403-275-2

Česká plemenářská inspekce

Slezská 100/7, Praha 2, 120 00

v y d á v á

OSVĚDČENÍ

9045/2022 - ČPI

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

Název metodiky: **Genetické hodnocení obvodu šourku u masných plemen skotu v ČR**

Autor / autoři: **Ing. Alexandra Novotná, Ph.D., Ing. Alena Birovaš, Ph.D., Ing. Michaela Brzáková, Ph.D., Ing. Zdeňka Veselá, Ph.D.**

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

Místo vydání: **Praha**

Rok vydání: **2022**

Metodika byla vypracována v rámci výzkumného projektu č. **NAZV QK1910059**
„Využití genomických údajů a optimalizace šlechtitelských postupů u masného skotu.“

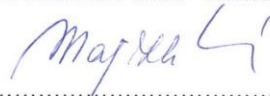
Jméno zástupce odborného útvaru státní správy:

Funkce zástupce odborného útvaru státní správy:

V Praze, dne 5. 12.2022

Ing. Zdenka Majzlíková

vedoucí služebního úřadu - ředitelka



Podpis/elektronický podpis zástupce
odborného útvaru státní správy

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

Souhlas ředitele Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V Praze dne 12. 12. 2022



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

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

Genetické hodnocení obvodu šourku u masných plemen skotu v ČR

Autoři: Ing. Alexandra Novotná, Ph.D. (40 %)
Ing. Alena Birovaš, Ph.D. (40 %)
Ing. Michaela Brzáková, Ph.D. (5 %)
Ing. Zdeňka Veselá, Ph.D. (15 %)

Oponenti: Ing. Zdeňka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce

doc. Ing. Karel Mach, CSc.
Česká zemědělská univerzita v Praze

Metodika byla vypracována v rámci řešení výzkumného projektu NAZV QK1910059

OBSAH

I. Cíl metodiky	5
II. Vlastní popis metodiky	5
II.1. Úvod	5
II.2. Datové soubory a jejich příprava	5
II.2.1. Struktura datových souborů:	6
II.2.1.1. soubor s údaji o obvodu šourku:	6
II.2.1.2. soubor s údaji o původu zvířat:	6
II.2.2. Kontrola správnosti a vyřazení pochybných záznamů	6
II.3. Modelová rovnice	7
II.4. Vlastní výpočet	7
II.4.1. Přechíslování efektů	7
II.4.2. Příprava rodokmenového souboru	7
II.4.3. Genetické parametry	8
II.4.4. Parametrický soubor	8
II.5. Zpracování výsledků	9
II.5.1. Příklad souboru výsledků (solutions)	9
II.5.2. Zpracování výsledků	9
III. Srovnání „novosti postupů“	10
IV. Popis uplatnění Certifikované metodiky	10
V. Ekonomické aspekty	10
VI. Seznam použité související literatury	11
VII. Seznam publikací, které předcházely metodice	12
VIII. Jména oponentů	12
IX. Dedikace	12
X. Přílohy a tabulky	12
X.1. Číselník plemen	12

I. Cíl metodiky

Cílem této metodiky je shrnutí postupu předpovědi plemenných hodnot pro výsledky obvodu šourku u masných býků v odchovu plemenných býků. Tento postup bude nadále využíván v rutinním provozu. Novost metodiky spočívá ve využití více plemenného jednoznakového BLUP – animal modelu. Výpočet nebyl dosud uplatňován, přitom obvod šourku je nejen ukazatelem plodnosti býků a jejich budoucích reprodukčních schopností, ale má také spojitost s raností dcer a porodní hmotností potomků. Díky znalosti předpovědi plemenných hodnot je možná účinnější selekce budoucích plemeníků. Postup je shrnut v několika navazujících krocích, včetně přípravy vstupních souborů.

II. Vlastní popis metodiky

II.1. Úvod

Chov masného skotu patří mezi zdárně se rozvíjející odvětví živočišné výroby. Stavby krav bez tržní produkce mléka rostou. Do systému kontroly užitkovosti masných plemen jsou zařazena jak čistokrevná zvířata, tak jejich kříženci (ČSCHMS, 2016). Hodnocení zvířat pomocí plemenných hodnot (PH) je základem určení aditivního genetického založení jedinců a tím i účinnějšího využití kvalitních zvířat v plemenitbě (Jakubec et al., 1999). Nejlepší lineární nevychýlená předpověď (Best Linear Unbiased Prediction = BLUP) je nejpoužívanějším modelem pro předpověď PH. Podstatou metody BLUP je současný odhad jak plemenných hodnot (náhodných efektů), tak i efektů fixních v jednom kroku pomocí lineárních modelů se smíšenými efekty (Henderson, 1973).

V individuálním modelu jedince (BLUP – Animal Model) je možno provést předpověď plemenné hodnoty každého zvířete současně v závislosti na příbuznosti s ostatními jedinci hodnocené populace, třeba jen na základě informací o užitkovosti rodičů (v takovém případě mluvíme o rodokmenové plemenné hodnotě). Vyhodnocování souborů údajů a předpověď plemenné hodnoty je rutinně prováděno pomocí BLUP – AM (Schaeffer, 2012).

Plodnost je jednou z ekonomicky nejdůležitějších vlastností většiny produkčních systémů v chovu masného skotu (Krupová et al., 2020; Van Eenennaam, 2013). Větší pozornost je obecně věnována plodnosti samic, nicméně neméně významnou roli hraje i plodnost býka. Špatný výběr býka totiž může zásadním způsobem ovlivnit počet narozených telat a tím způsobit značné ekonomické ztráty. Jedním z indikátorů plodnosti je obvod šourku (Chenoweth and McPherson, 2016). Jeho správným měřením lze relativně snadno, rychle a levně získat představu o reprodukčním potenciálu býka (Menegassi et al., 2019). Obvod šourku je korelován s mnoha produkčními a reprodukčními vlastnostmi býků i jejich potomků. Souvislost byla prokázána mezi obvodem šourku a kvantitou i kvalitou produkovaného spermatu (Brinks, 2021; Schmidt et al., 2019) nebo růstovou schopností býka (Abreu Silva et al., 2018; Boligon et al., 2015; Schmidt et al., 2019). Bylo také zjištěno, že dcery býků, jejichž obvod šourku dosahoval mírně nadprůměrných hodnot, dosahovaly dříve pohlavní dospělosti a prvního otelení než dcery býků s průměrným nebo podprůměrným obvodem šourku (Bonamy et al., 2018; Buzanskas et al., 2017), rovněž délka produkčního života dcer byla delší (Martínez-Velázquez et al., 2020).

II.2. Datové soubory a jejich příprava

Datové soubory jsou pořizovány v rámci kontroly užitkovosti masných plemen, kterou provádí inspektoři Českého svazu chovatelů masného skotu. Pro výpočty jsou používány vstupní soubory s následující strukturou:

II.2.1. Struktura datových souborů:

II.2.1.1. soubor s údaji o obvodu šourku:

- tele – jedinečný kód telete – přečíslovaný údaj (od jedné do maximálního počtu)
- cisOPB – číselný kód odchovny – přečíslovaný údaj
- odch – kód typu odchovu: 1: OPB, 2: odchov u chovatele
- země původu
- plemeno telete – dle číselníku (Příloha 1)
- číslo chovu
- pohlaví telete – dle číselníku (Příloha 2)
- rok výběru
- datum narození matky
- datum začátku testu
- přírůstek od narození do začátku testu (g)
- datum konce testu
- přírůstek v testu (g)
- přírůstek od narození (g)
- přírůstek od přepočtené 210 denní hmotnosti do konce testu (g)
- obvod šourku (cm)
- datum narození telete

II.2.1.2. soubor s údaji o původu zvířat:

- Tele – jedinečný kód telete – přečíslovaný údaj
- Otec - přečíslovaný údaj
- Matka - přečíslovaný údaj
- Plemeno telete – dle číselníku
- Plemeno otce – dle číselníku
- Plemeno matky – dle číselníku

II.2.2. Kontrola správnosti a vyřazení pochybných záznamů

Obvod šourku se měří v jeho nejširším místě pomocí pásma. Údaje pro vyhodnocení obvodu šourku masného skotu pochází z odchoven býků. Databáze zahrnovala při odhadu genetických parametrů měření obvodu šourku býků různých plemen za roky 1996 až 2020. Za toto období bylo změřeno celkem 22065 býků. Celkem bylo do analýzy zahrnuto 19 čistokrevných plemen býků.

Pro přípravu datových souborů a vyhodnocení všech výsledků byl použit program SAS (SAS, 2004). Pro stanovení komponent rozptylu byla podkladová databáze upravena tak, aby v každé skupině byl dostatečný počet případů a vlivy jednotlivých činitelů, které ovlivňují výsledek, byly odhadnutelné. Z databáze byli vyloučeni otci býků s méně jak pěti změřenými potomky. Dále byli vyloučeni jedinci, kteří nevytvořili skupinu s minimálně pěti vrstevníky a v posledním případě byli také vyloučeni jedinci, kteří tvořili skupinu vrstevníků a v této skupině byli všichni jedinci pouze po jednom stejném otci. Souběžně byly z podkladového souboru vyloučeny nesmyslně naměřené údaje obvodu šourku. Nicméně i po úpravách bylo použito pro ověření vhodných postupů hodnocení dostatečných 16404 výsledků.

Celkový počet jedinců zahrnutých do rodokmenu včetně čtyř generací předků bylo 55296. Neznámé skupiny předků v rodokmenu (pátá generace) byly vytvořeny na základě plemen býků. Celkem bylo takto vytvořeno 36 neznámých skupin předků. Celkový počet obou známých předků v rodokmenu bylo 77,94 %,

jednoho známého předka a jednoho neznámého předka bylo 0,35 % a obou neznámých předků bylo 21,71 %.

Pro rutinní výpočet plemenných hodnot jsou omezení na propojenost souboru odstraněna a databáze je vyhodnocena jako celek. Vyřazeny jsou pouze záznamy nekompletní (nelze vytvořit všechny nutné efekty) a nesmyslné (obvod šourku menší než 25 cm a nebo vyšší než 50 cm).

II.3. Modelová rovnice

Plemenné hodnoty jsou předpovídány podle následující modelové rovnice:

$$Y_{ijkl} = \mu + SRO_i + hmot_j + hmot^2_j + věk_k + věk^2_k + GH_l + e_{ijkl}$$

kde:

Y_{ijkl} = obvod šourku (cm)

μ = populační průměr

SRO_i = náhodný efekt skupiny vrstevníků (náhodný efekt)

$hmot_j$ = lineární regrese na hmotnost býka

$hmot^2_j$ = kvadratická regrese na hmotnost býka

$věk_k$ = lineární regrese na věk býka ve dnech

$věk^2_k$ = kvadratická regrese na věk býka ve dnech

GH_l = náhodný efekt aditivní genetické hodnoty jedince

e_{ijkl} = náhodná reziduální chyba.

II.4. Vlastní výpočet

Programové vybavení k ověření výpočtu:

K přípravě datových souborů a rozebrání výsledků byl používán program SAS (SAS, 2004). Pro vlastní předpovědi plemenných hodnot program BLUPf90 (Misztal et al., 2002).

Plemenná hodnota je stanovena metodou Animal Model, podle dané modelové rovnice, do výpočtu vstupuje soubor s užitkovostmi „uz“ a rodokmenový soubor „matpri“.

II.4.1. Přechíslování efektů

Pro vlastní předpovědi plemenných hodnot je nutné datový soubor upravit, přechíslovat efekty.

Úrovně všech efektů vstupujících do předpovědi plemenných hodnot jsou přechíslovány od 1 do maximálního počtu. Výjimku tvoří efekty, které jsou vyjádřeny jako regrese, v tomto případě se efekt nepřechíslovává.

Datový soubor pro přechíslované užitkovosti se nazývá „uz“.

II.4.2. Příprava rodokmenového souboru

Při sestavování rodokmenového souboru vycházíme od jedinců s užitkovostí. K nim se dosazují čtyři generace předků. Zvířata v rodokmenu jsou přechíslována od 1 do maximálního počtu. Čísla v rodokmenu musí odpovídat číslům zvířat uvedených v souboru užitkovostí, tzn. rodokmenové údaje mají přidělena čísla až po zvířatech s užitkovostí.

Rodokmen je zakončen skupinami neznámých předků, které sdružují jednotlivá plemena. Pokud je

v rodokmenu předeek neznámý, popřípadě se jedná už o čtvrtou generaci předků, je vygenerován předeek, který se skládá z čísla 9000000 + kódu plemene podle posledního známého jedince. Skupiny neznámých předků jsou na konci rodokmenu a jsou generovány zvlášť pro otce a matky.

Aby bylo možné určit, který předeek je neznámý, do výpočetního souboru se přidává položka **koeficient**:

- koeficient = 1 oba rodiče jsou známí
- koeficient = 2 jeden rodič je neznámý
- koeficient = 3 oba rodiče jsou neznámí

Rodokmenový soubor „**matpri**“ má tyto položky:

- jedinec
- otec
- matka
- koeficient

II.4.3. Genetické parametry

Nové variance a kovariance dosazované do výpočtu plemenných hodnot jednotlivých náhodných efektů a reziduí jsou uvedeny v parametrovém souboru. Genetické parametry jsou shrnuty v následující tabulce:

Znak	σ_g^2	σ_e^2	σ_p^2	$h^2 \pm SD$
Obvod šourku (cm)	1.91	3.01	6.84	0.28 ± 0.11

II.4.4. Parametrický soubor

Zde je uveden parametrický soubor vstupující do programu BLUPF90 s vysvětlivkami (kurzívou).

```
# parametry pro BLUP                                     * Popis výpočtu a další poznámky.
DATAFILE
uz                * Název datového souboru (musí být uložen ve stejném adresáři jako parametrický
soubor).
NUMBER_OF_TRAITS
1                                                         * Počet znaků.
NUMBER_OF_EFFECTS
6                                                         *Počet efektů.
OBSERVATION(S)
10                                                         *Obvod šourku
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT [EFFECT
NESTED]
* Pro každý efekt je uvedeno číslo sloupce, ve kterém se v datovém souboru nachází daný efekt, počet
úrovní efektu (maximum) a typ efektu (CROSS – křížový efekt).
4      1          cov      * hmotnost býka – lineární regrese
5      1          cov      * hmotnost býka – kvadratická regrese
8      1          cov      * věk býka ve dnech – lineární regrese
9      1          cov      * věk býka ve dnech – kvadratická regrese
2      1818       cross     * SRO – náhodný efekt
1      69392      cross     * Přímý efekt jedince – náhodný efekt
RANDOM_RESIDUAL VALUES                                  * Variance reziduální
3.0200
```

RANDOM_GROUP	* Náhodný efekt SRO (pátý efekt v pořadí).
5	
RANDOM_TYPE	
diagonal	
FILE	
(CO)VARIANCES	* Variance pro náhodný efekt SRO.
1.9035	
RANDOM_GROUP	* Náhodný efekt jedince (šestý efekt v pořadí).
6	
RANDOM_TYPE	
add_an_upg	
FILE	* Rodokmenový soubor.
matpri	
(CO)VARIANCES	* Variance genetická.
1.9110	
OPTION conv_crit 1e-17	
OPTION maxrounds 80000	

II.5. Zpracování výsledků

Datový i rodokmenový soubor jsou textové soubory. Při výpočtech by měly být umístěny ve stejném adresáři jako parametrický soubor. Do stejného adresáře je rovněž uložen soubor výsledků předpovědi plemenných hodnot – solutions.

II.5.1. Příklad souboru výsledků (solutions)

trait/effect	level	solution
1 1	1	77.593166
1 1	1	139.903713
1 1	1	121.776234
1 1	1	144.551274
1 1	1	189.227494

trait: první sloupec označuje počet znaků v modelu (v tomto případě nabývá hodnot 1 pro obvod šourku).

effect: druhý sloupec označuje pořadové číslo efektu (celkem tolik efektů, kolik je v modelové rovnici, tzn. 1 - 7).

level: třetí sloupec je pořadové číslo úrovně efektu.

solution: čtvrtý sloupec je vlastní předpověď.

II.5.2. Zpracování výsledků

Konečné zpracování výsledků je opět provedeno v programu SAS a všechny efekty jsou opět přečíslovány zpět na původní čísla pomocí uložených číselníků. Plemenné hodnoty zvířat v rodokmenu jsou uloženy do samostatného souboru a jsou podkladem pro další využití ve šlechtitelské práci.

Pro lepší interpretaci chovatelské veřejnosti byly plemenné hodnoty standardizovány k průměru žijící populace. Vyjadřují se tedy pomocí relativní plemenné hodnoty (RPH). Největší rozdíl oproti klasickým plemenným hodnotám v sobě RPH zahrnuje pořadí zvířete v rámci populace a tím jednodušší výběr lepších zvířat. Průměr RPH je roven 100 a se směrodatnou odchylkou 10 bodů.

Výpočet je podle následujícího vzorce:

$$RPH = \left(\frac{PH_j - PH_p}{S_{PH}} * 10 \right) + 100$$

Kde:

RPH = relativní plemenná hodnota

PH_j = plemenná hodnota jedince

PH_p = průměrná plemenná hodnota populace

S_{PH} = směrodatná odchylka plemenných hodnot

III. Srovnání „novosti postupů“

Genetické parametry pro obvod šourku nebyly v České republice prozatím stanoveny. Přitom se jedná o dlouhodobě sledovaný znak, který je úzce spjat s reprodukčním potenciálem býka i včasným pohlavní dospělostí jeho dcer. V zahraničí se jedná o chovatelsky velmi ceněný údaj, který přímo souvisí s ekonomikou a rentabilitou chovu. Každý den, o který je možné dcery býka zařadit dříve do reprodukce znamená ekonomickou úlevu pro chovatele.

IV. Popis uplatnění Certifikované metodiky

Tato metodika je podkladem pro rutinní předpovědi plemenných hodnot pro obvod šourku u býků všech plemen masného skotu. Metodika bude uplatněna prostřednictvím ze zákona pověřenou organizací Českomoravská společnost chovatelů, a.s. (ČMSCH). Výsledky této metodiky budou využity Českým svazem chovatelů masného skotu.

V. Ekonomické aspekty

Podle zákona č. 110/1997 Sb. O potravinách a zákona č. 154/2000 Sb. O šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat ve znění pozdějších předpisů je ČMSCH právnická osoba pověřená ministerstvem k výkonu činností podle jednotlivých bodů § 23c. Jmenovitě podle odstavců 1 a 2 a §7 je povinna poskytovat chovatelům a oprávněným osobám údaje, zpracovávat, zveřejňovat a evidovat výsledky, což se týká všech chovatelsky důležitých vlastností, včetně růstové schopnosti masného skotu. V souladu s doporučením Rady vlády pro výzkum uvádíme, že ČMSCH nevytváří těmito činnostmi zisk, poskytuje široké chovatelské veřejnosti co nejobjektivnější údaje a vyhodnocením celostátních databází vytváří podklady pro prokázání kvality plemenářské práce chovatelů. Získané plemenné hodnoty jsou předány Českému svazu chovatelů masného skotu, který je dále předává jednotlivým chovatelům jako služba pro chovatelskou veřejnost.

Díky vyšší genetické směrodatné odchylce dojde vyššímu genetickému zisku. I kdyby tento posun byl v řádech korun na jedno zvíře, tak dopad pro celé odvětví chovu krav bez tržní produkce mléka bude v řádech statisíců. Přesné vyčíslení těchto dopadů není možné, vzhledem k tomu, že předpokládaný genetický zisk je velmi ovlivněn výběrem zvířat (intenzitou selekce) a tedy jednotlivými chovateli.

VI. Seznam použité související literatury

- Abreu Silva, B.C., Eler, J.P., Santana, M.L., Mattos, E.C., Menezes, I.R., Ferraz, J.B.S., 2018. Genetic association between mature weight and early growth and heifer pregnancy traits in Nelore cattle. *Livest. Sci.* 211, 61–65. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.03.003>
- Boligon, A.A., Silveira, F.A., Silveira, D.D., Dionello, N.J.L., Santana, M.L., Bignardi, A.B., Souza, F.R.P., 2015. Reduced-rank models of growth and reproductive traits in Nelore cattle. *Theriogenology* 83, 1338–1343. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2015.01.025>
- Bonamy, M., de Iraola, J.J., Baldo, A., Prando, A., Giovambattista, G., Munilla, S., 2018. Early rather than late scrotal circumference measurements better reflect female precocity in beef cattle. *Livest. Sci.* 218, 79–84. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.10.019>
- Brinks, J.S., 2021. Relationships of Scrotal Circumference to Puberty and Subsequent Reproductive Performance in Male and Female Offspring, in: *Factors Affecting Calf Crop*. CRC Press, Boca Raton, pp. 363–370. <https://doi.org/10.1201/9781003069119-26>
- Buzanskas, M.E., Pires, P.S., Chud, T.C.S., Bernardes, P.A., Rola, L.D., Savegnago, R.P., Lôbo, R.B., Munari, D.P., 2017. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. *Theriogenology* 92, 204–209.
- CSCHMS, 2016. Metodika kontroly užítkovosti masných plemen, dostupná z: http://cschms.cz/DOC_LEGISLATIVA_svaz/117_Metodika_KUMP.pdf
- Chenoweth, P.J., McPherson, F.J., 2016. Bull breeding soundness, semen evaluation and cattle productivity. *Anim. Reprod. Sci.*, Special Issue on 10th Biennial Conference of the Association for Applied Animal Andrology 169, 32–36. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2016.03.001>
- Henderson, C.R. 1973. Sire evaluation and genetic trends, *Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium*, American Society of Animal Science and American Dairy Science Association, Champaign, 10-41.
- Jakubec, V., Říha, J., Golda, J., Majzlík, I. 1999. Odhad plemenné hodnoty hospodářských zvířat, *VÚCHS Rapotín*, 175 s.
- Krupová, Z., Krupa, E., Wolfová, M., 2020. Economic weights of current and new breeding objective traits in Aberdeen Angus. *Czech J. Anim. Sci.* 65, 77–85. <https://doi.org/10.17221/255/2019-CJAS>
- Martínez-Velázquez, G., Ríos-Utrera, A., Román-Ponce, S.I., Baeza-Rodríguez, J.J., Arechavaleta-Velasco, M.E., Montaña-Bermúdez, M., Vega-Murillo, V.E., 2020. Genetic correlations between scrotal circumference, heifer fertility and stayability in Charolais–Charbray cattle. *Livest. Sci.* 232, 103914. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.103914>
- Menegassi, S.R.O., Pereira, G.R., McManus, C., Roso, V.M., Bremm, C., Koetz, C., Lopes, J.F., Barcellos, J.O.J., 2019. Evaluation and prediction of scrotal circumference in beef bulls. *Theriogenology* 140, 25–32. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2019.08.008>
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D. (2002): BLUPF90 and related programs (BGF90). In: *Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Montpellier, France, Session 28, 1–2.
- Schaeffer, L.R. 2012. Lineární modely. citováno online [12.01.2012], dostupné z: <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABMethods/notesx.html>
- SAS. 2004. The MIXED Procedure, The GLM Procedure. SAS/STAT Software, SAS Institute Inc.
- Schmidt, P.I., Campos, G.S., Roso, V.M., Souza, F.R.P., Boligon, A.A., 2019. Genetic analysis of female reproductive efficiency, scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. *Theriogenology* 128, 47–53. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2019.01.032>
- Van Eenennaam, A.L., 2013. Considerations related to breed or biological type. *Vet. Clin. North Am. Food Anim. Pract.* 29, 493–516. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2013.07.012>

VII. Seznam publikací, které předcházely metodice

- Novotná, A., Brzáková, M., Birovaš, A., Veselá, Z. 2022. Genetic evaluation of scrotal circumference of beef bulls in the Czech Republic. Czech Journal of Animal Science, 67 (9): 349-355.
- Svitakova, A., Bauer, J., Příbyl, J., Veselá, Z., Vostrý, L. 2014. Changing of genetic parameters and assesing the suitability of the test method over time. Czech Journal of Animal Science, 59 (1): 19-25
- Svitakova, A., Schmidova, J., Pesek, P., Novotna, A. 2014. Recent developments in cattle, pig, sheep and horse breeding – a review. Acta Veterinaria Brno, 83: 327-340
- Brzáková M., Svitáková A., Veselá Z. (2021): Na velikosti záleží. Zpravodaj ČSCHMS, 4: 24-25.

VIII. Jména oponentů

Ing. Zdeňka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce

Doc. Ing. Karel Mach, CSc.
Česká zemědělská univerzita v Praze

IX. Dedikace

Metodika byla vypracována v rámci řešení výzkumného projektu NAZV QK1910059.

X. Přílohy a tabulky

X.1. Číselník plemen

Od	DO	skupina	popis plemene
<i>A</i>	<i>A100</i>	1	mléčná plem.
<i>H</i>	<i>H100</i>	1	mléčná plem.
<i>J</i>	<i>J100</i>	1	mléčná plem.
<i>V</i>	<i>V100</i>	1	mléčná plem.
<i>F</i>	<i>F100</i>	1	mléčná plem. (ZXX)
<i>M</i>	<i>M100</i>	1	mléčná plem.
<i>X</i>	<i>X100</i>	1	mléčná plem.
<i>C</i>	<i>C 49ZZZZ</i>	2	CESTR DO 49
<i>C 50</i>	<i>C 74ZZZZ</i>	3	CESTR 50-74
<i>I 50</i>	<i>I 50C24Z</i>	3	CESTR 50-74
<i>C 75</i>	<i>C 87ZZZZ</i>	4	CESTR 75-87
<i>I 50C25</i>	<i>I 50C37Z</i>	4	CESTR 75-87
<i>I 50C38</i>	<i>I 50C50</i>	5	CESTR 88-100
<i>I 75</i>	<i>I100</i>	5	CESTR 88-100
<i>C 88</i>	<i>C100</i>	5	CESTR 88-100
<i>S 25</i>	<i>S 25C24Z</i>	6	MS DO 49
<i>S 25C25</i>	<i>S 25C49Z</i>	7	MS 50-74
<i>S 25C50</i>	<i>S 25C62Z</i>	8	MS 75-87
<i>S 25C63</i>	<i>S 25C75</i>	9	MS 88-100
<i>S 26</i>	<i>S 49ZZZZ</i>	10	MS 26-49
<i>S 50</i>	<i>S 74ZZZZ</i>	11	MS 50-74
<i>S 75</i>	<i>S 87ZZZZ</i>	12	MS 75-87

S 88	S100	13	MS 88-100
C100M	C100M	13	MS 88-100
B 50	B 74ZZZZ	14	BM 50-74
B 75	B 87ZZZZ	15	BM 75-88
B 88	B100	16	BM 87-100
E 50	E 74ZZZZ	17	HI 50-74
E 75	E 87ZZZZ	18	HI 75-87
E 88	E100	19	HI 88-100
W 50	W 74ZZZZ	20	W 50-74
W 75	W 87ZZZZ	21	W 75-87
W 88	W100	22	W 88-100
K 50	K 74ZZZZ	23	GS 50-74
K 75	K 87ZZZZ	24	GS 75-87
K 88	K100	25	GS 88-100
U	U 49ZZZZ	26	HE DO 49
U 50	U 74ZZZZ	27	HE 50-74
U 75	U 87ZZZZ	28	HE 75-87
U 88	U100	29	HE 88-100
G	G 49ZZZZ	30	AA DO 49
G 50	G 74ZZZZ	31	AA 50-74
G 75	G 87ZZZZ	32	AA 75-87
G 88	G100ZZZZ	33	AA 88-100
T	T 49ZZZZ	34	CH DO 49
T 50	T 74ZZZZ	35	CH 50-74
T 75	T 87ZZZZ	36	CH 75-87
T 88	T100	37	CH 88-100
Y	Y 49ZZZZ	38	LI DO 49
Y 50	Y 74ZZZZ	39	LI 50-74
Y 75	Y 87ZZZZ	40	LI 75-87
Y 88	Y100	41	LI 88-100
Q 50	Q 74ZZZZ	42	BA 50-74
Q 75	Q 87ZZZZ	43	BA 75-87
Q 88	Q100	44	BA 88-100
P 50	P 74ZZZZ	45	PI 50-74
P 75	P 87ZZZZ	46	PI 75-87
P 88	P100	47	PI 88-100
Z 50	Z 74ZZZZ	48	SA 50-74
Z 75	Z 87ZZZZ	49	SA 75-87
Z 88	Z100	50	SA 88-100
L	L100	51	Česká červinka
UU (u)	UU100	52	Aubrac
PP (p)	PP100	53	Parthenais
DD (a)	DD100	54	Andorský hnědý
TT (t)	TT100	55	Texas longhorn
SS (h)	SS100	56	Shorthorn
BB (b)	BB100	57	Bazadais
MM (r)	MM100	58	Rouge des Pres
VV (v)	VV100	59	Vosgiene
WW	WW100	60	Wagyu
EE	EE100	61	Dexter
		62	Pinzgavský skot

Vydal: Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i. Praha Uhřetěves
Název: Genetické hodnocení obvodu šourku u masných plemen skotu v ČR
Autoři: Ing. Alexandra Novotná, Ph.D. (40 %)
Ing. Alena Birovaš, Ph.D. (40 %)
Ing. Michaela Brzáková, Ph.D. (5 %)
Ing. Zdeňka Veselá, Ph.D. (15 %)

ISBN 978-80-7403-275-2

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