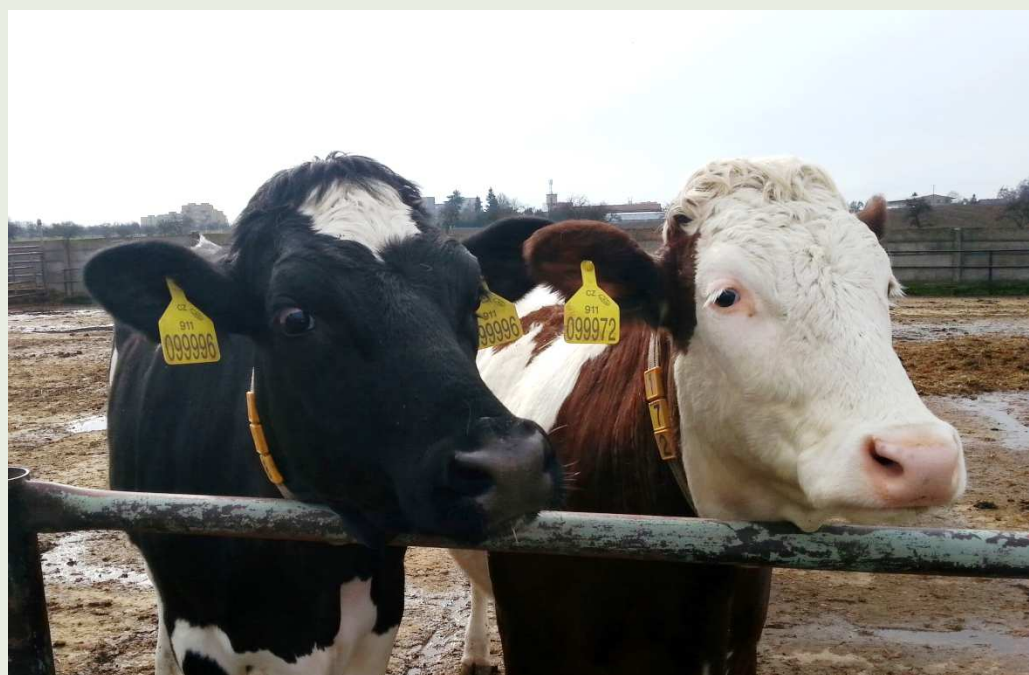


Petr Pešek

Josef Příbyl

PŘEDPOVĚĎ GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO PLODNOST U DOJENÉHO SKOTU



ISBN: 978-80-7403-165-6

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

PŘEDPOVĚĎ GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO PLODNOST U DOJENÉHO SKOTU

Autoři

Ing. Petr Pešek (60 %)
Prof. Ing. Josef Příbyl, DrSc. (20 %)
Ing. Ludmila Zavadilová, Ph.D. (20 %)

Oponenti

Ing. Zdenka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha
prof. Ing. Tomáš Urban, Ph.D.
Ústav morfologie, fyziologie a genetiky zvířat
Mendelova univerzita v Brně

Metodika byla vypracována v rámci řešení výzkumného projektu **NAZV QJ1510144**.

Překladatel: 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.: 267 009 511 (ústředna)
Fax: + 420 267 710 779
www: <http://www.vuzv.cz>
e-mail: vuzv@vuzv.cz

Zástupcem autorského týmu je Ing. Ludmila Zavadilová, CSc.

Obsah

I. Cíl	5
II. Vlastní popis metodiky	5
Úvod	5
Popis datových souborů	6
Soubor s provedenými inseminacemi - Kmr67	6
Rodokmenové soubory	6
Soubory s genotypy Kgnp	6
Modelové rovnice pro předpověď GEPH	7
Příprava rodokmenového souboru	8
Předpověď GEPH	8
Zpracování plemenných hodnot	10
III. Srovnání „novosti postupů“	11
IV. Popis uplatnění Certifikované metodiky	11
V. Ekonomické aspekty	11
VI. Seznam použité literatury	12
VII. Seznam publikací, které předcházejí metodice	12
Přílohy – program pro přípravu datových souborů	13

Seznam často používaných zkratk

GEPH – genomická plemenná hodnota

M – mezidobí – interval mezi dvěma oteleními

PD – JAL – interval mezi první a poslední (úspěšnou) inseminací u jalovic

PD – KR – interval mezi první první a poslední (úspěšnou) inseminací u krav

PH – plemenná hodnota

rGEPH – relativní genomická plemenná hodnota

SNP – single nucleotide polymorphism, jednobodová mutace DNA

SP – servis perioda – interval od otelení po zabřeznutí

ssGBLUP – single step genomic best linear unbiased prediction – jednokroková genomická nejlepší lineární nestranná předpověď

VI – věk při první inseminaci u jalovic

VO – věk při prvním otelení

I. Cíl

Cílem předkládané metodiky je popsat postup genomického hodnocení vybraných vlastností plodnosti u dojeného skotu s použitím jednoznakových modelů a jednokrokové metody předpovědi GEPH ssGBLUP, kterou řada chovatelsky vyspělých zemí zavádí do svého hodnocení. Vybranými vlastnostmi jsou věk při první inseminaci, věk při prvním otelení, servis perioda, mezidobí, počet dnů mezi první a poslední inseminací u jalovic a počet dnů mezi první a poslední inseminací u krav. Tyto vlastnosti nebyly doposud v ČR hodnoceny.

II. Vlastní popis metodiky

Úvod

Mléčná užitkovost skotu se za poslední 30 let ztrojnásobila. Ruku v ruce s tím jde bohužel i výrazné zhoršení parametrů plodnosti. Je celosvětově prokázáno, že mezi mléčnou užitkovostí a plodností existují negativní genetické korelace (Abe et al., 2009, Yamazaki et al., 2014), takže selekcí zvířat na vyšší doживost se zároveň zhoršuje genetické založení zvířat pro reprodukci, přičemž plodnost je pro veškerou živočišnou produkci vlastnost limitující. Bez patřičného zohlednění plodnosti zvířat resp. jejich PH a GEPH pro vlastnosti plodnosti tak dochází a bude docházet k dalšímu zhoršování plodnosti. V ČR je v současné době hodnocena u holštýnského skotu pouze úspěšnost zapouštění – zabřeznutí po provedené inseminaci (Plemdat, 2016), což je poměrně komplikovaná vlastnost, která však plodnost zvířat podchycuje pouze z části. Nezohledňuje například rychlost rekonvalescence krav po porodu. V šlechtitelském programu holštýnského skotu jsou délka mezidobí a věk při prvním otelení uvedeny jako jedny z hlavních hledisek chovného cíle, avšak genetické hodnocení pro tyto vlastnosti neprobíhá. V zahraničí je hodnocená řada dalších vlastností (Kadarmideen et al., 2000; Jamrozik et al., 2005; Liu et al., 2008; Guo et al., 2014), z nichž byly vybrány vlastnosti podle podmínek v ČR a dostupných údajů v databázích.

Příklady členských států organizace Interbull, ve kterých se hodnotí zde prezentované vlastnosti:

VI – Holandsko

M – Itálie, Irsko, Austrálie, Spojené království, Holandsko, Nový Zéland, Norsko, JAR

SP – Kanada, Dánsko, Finsko, Švédsko, Německo, Rakousko, Polsko, Španělsko

PD-KR – Kanada, Dánsko, Finsko, Švédsko, Francie, Německo, Rakousko, Švýcarsko, Holandsko

PD-JAL – Německo, Rakousko

Popis datových souborů

Pro odhad genetických parametrů a předpověď GEPH dodala Českomoravská společnost chovatelů, a. s. následující soubory:

- Kmrt67 – soubor s provedenými inseminacemi
- Kgnp41u-kgnp49u – soubor s genotypy zvířat
- Kgn008 – rodokmen krav
- Kgn009 – rodokmen býků

Soubor s provedenými inseminacemi - Kmrt67

Soubor Kmrt67 obsahuje záznamy o provedených inseminacích u mléčného i masného skotu v ČR. Z tohoto souboru byly na základě dostupných údajů dopočítány hodnoty pro zkoumané vlastnosti.

Soubor obsahuje záznamy v následující podobě:

- Kráva
- Datum provedené inseminace
- Technik – inseminační technik provádějící inseminaci
- Pořadí inseminace
- Býk – linie a registr býka použitého při inseminaci
- Chov
- Výsledek inseminace – označení výsledku zapouštění 0-9
- Kráva/jalovice – označení, zdali se jedná o inseminaci jalovice, nebo krávy
- Servis perioda – počet dnů od otelení do úspěšného zapaštění
- Datum posledního otelení krav
- Pořadí laktace
- Plemeno – alfanumerické vyjádření plemenné příslušnosti

Rodokmenové soubory

Oba rodokmenové soubory (pro býky i krávy) mají shodnou strukturu. Ze souborů byly použity prvé tři sloupce ze záznamů, které obsahují alfanumerické označení jedince, jeho otce a matku, pokud jsou známi. Pro setřídění zvířat od nejmladších po nejstarší byl načten rok narození. Ostatní sloupce nejsou pro potřeby předpovědi GEPH použity.

Soubory s genotypy Kgnp

Soubory s genotypy obsahují pro každého jedince až 54 609 řádků, kde každý řádek odpovídá jednomu SNP pro konkrétního jedince. Někteří jedinci se v jednotlivých souborech opakují, jelikož část genotypů byla získána mezinárodní výměnou. Soubory obsahují genotypy krav i býků v následující podobě:

- Jedinec
- Alfanumerické označení SNP
- Číslo SNP (1-54 609)
- Alela 1 – A,B, nebo chybějící
- Alela 2 – A,B, nebo chybějící
- GC skóre
- GT skóre

Soubory s údaji z SNP čipů jsou spojeny do jednoho a podrobeny kontrole a výběru údajů pro tvorbu genomické matice příbuznosti. Prvním krokem je převedení genotypů na četnosti „druhých“ alel (0, 1, 2), přičemž která alela je zvolena jako „druhá“ nehraje roli.

Lokusy, ve kterých chybí genotyp, jsou vyřazeny. Pro další zpracování je potřeba vyřadit zmnožené vzorky býků. Ze souboru s genotypy jsou vyřazeny vzorky zvířat, která mají méně než 90 % správně ogenotypovaných lokusů. Dále byly vyřazeny ty lokusy, jejichž genotyp chybí u více, než 5 % zvířat a lokusy, u kterých je četnost jedné z alel nižší než 5 %. Všechny zbylé SNP jsou přečíslovány od jedné.

Modelové rovnice pro předpověď GEPH

Pro jednotlivé vlastnosti byly navrženy modelové rovnice tak, aby zahrnuté efekty co nejlépe podchycovaly proměnlivost dané vlastnosti. Jednotlivé efekty a soubory jsou připraveny v programu SAS (případně jiném programu pro práci s databázemi). V příloze je uveden příklad programu pro přípravu všech datových souborů potřebných pro předpověď GEPH v programu SAS. Použity jsou užitkovosti zaznamenané v roce 2005 a později. V Tab. 1 jsou uvedeny rozpětí pro jednotlivé vlastnosti. Užitkovosti mimo uvedené hodnoty jsou z předpovědi vyřazeny.

1) Pro věk při první inseminaci a věk při prvním otelení má modelová rovnice následující tvar:

$$Y = SRON + A + E$$

2) Modelová rovnice pro počet dnů mezi první a poslední inseminací u jalovic:

$$Y = SRON + VĚK + VĚK^2 + A + E$$

3) Modelová rovnice pro servis periodu, mezidobí a počet dnů mezi první a poslední (úspěšnou) inseminací u krav:

$$Y = SRON + SRMO + L + PP + VĚK + VĚK^2 + A + PE + E$$

Kde:

Y je vyhodnocovaná vlastnost

SRON je sdružený efekt stáda, roku a období narození (tříměsíční) jako pevný efekt

SRMO je sdružený efekt stáda, roku a měsíce posledního otelení jako náhodný efekt

A je náhodný efekt jedince (GEPH)

E je residuum

L je pořadí laktace

PP je průběh posledního porodu

VĚK je věk při první provedené inseminaci u jalovic a věk při prvním otelení u krav

PE je trvalé prostředí jedince

SRON - jedná se o efekt, ve kterém jsou sdruženy všechny plemenice, které se narodily ve stejném stádě, roce a stejném období a jsou tak ovlivněny stejnými podmínkami při narození. V každém SRON jsou vždy minimálně dvě užitkovosti, dvou plemenic po dvou nepříbuzných otcích, aby byla zajištěna odhadnutelnost efektu SRON. Užitkovosti, které tuto podmínku neplní, jsou z předpovědi GEPH vyřazeny.

SRMO - jedná se o náhodný efekt, ve kterém jsou sdruženy všechny krávy, které se naposled otelily před zjištěním užitkovosti ve stejném stádu, roku a měsíci a jejich užitkovost je ovlivněna stejnými prostředkovými podmínkami.

A - je náhodný efekt jedince, v tomto případě jeho GEPH. Jednotlivé úrovně (jedinci) tohoto efektu jsou v soustavě rovnic propojeny kombinovanou maticí příbuznosti (H), zahrnující genomické (G) a rodokmenové informace (A).

E - v modelové rovnici představuje náhodné a nevysvětlitelné prostředkové odchylky (residuum), kterými je ovlivněna užitkovost jedince. Počet úrovní efektu odpovídá počtu užitkovostí.

L - představuje pevný efekt laktace, na které byla užitkovost zaznamenána. Použity jsou záznamy z prvních deseti laktací.

PP – pevný efekt průběhu posledního porodu před zaznamenáním užitkovosti. Efekt má čtyři úrovně kde 1 znamená snadný porod, 2 porod s pomocí max. dvou osob, 3 znamená těžký porod s pomocí více osob, veterináře nebo císařský řez a 9 je nezaznamenaný průběh porodu. Užitkovosti s nezaznamenaným, nebo chybným průběhem posledního porodu jsou z předpovědi GEPH vyřazeny.

VĚK – jedná se o regresi na věk v měsících. U krav jsou zahrnuty užitkovosti krav, které se poprvé otelily ve věku 650-1100 dnů. U jalovic jsou zahrnuty užitkovosti jalovic, které byly poprvé inseminovány ve věku 380-820 dnů.

PE – představuje náhodný efekt trvalého prostředí jedince, kde všechny užitkovosti jednoho jedince jsou spojeny jedním trvalým prostředím. Počet úrovní odpovídá počtu krav s užitkovostí.

Tab. 1 Rozpětí hodnot pro jednotlivé vlastnosti

Vlastnost	Minimum (dny)	Maximum (dny)
VI	380	820
VO	650	1100
SP	20	220
M	300	500
PD-JAL	0	100
PD-KR	0	150

VI – věk při první inseminaci u jalovic, VO – věk při prvním otelení, SP – servis perioda, M – Mezdobí, PD-JAL – počet dnů mezi první a poslední (úspěšnou) inseminací u jalovic, PD-KR – počet dnů mezi první a poslední (úspěšnou) inseminací u krav

Příprava rodokmenového souboru

Postup sestavování rodokmenového souboru je shodný pro všechny vlastnosti. Při sestavování se vychází od jedinců s užitkovostí a genotypovaných jedinců, kteří tvoří první generaci. K tomu jsou přidány čtyři generace předků. Celý rodokmen je seříděn od nejstarších zvířat po nejmladší, přečíslován od jedné a vložen do samostatného souboru spolu s rokem narození. Je vytvořen číselník zvířat obsahující původní a nové číslo jedince.

Konečný rodokmenový soubor má čtyři sloupce:

- Jedinec
- Otec
- Matka
- Rok narození

Předpověď GEPH

Pro předpověď PH a GEPH je potřeba dosadit genetické parametry odhadnuté pro

danou vlastnost. Odhadnuté genetické parametry, které jsou zadávány do parametrových souborů, a koeficient dědivosti jsou uvedeny v Tab. 1.

Tab. 1 Genetické parametry pro předpověď

	σ^2_{SRMO}	σ^2_A	σ^2_{EP}	σ^2_E	h^2
VI		92,32		1 501,87	0,058
VO		114,3		3 556,09	0,031
SP	84,69	128,39	170,09	3 117,47	0,038
M	89,17	108,91	181,08	2 935,45	0,034
PD-JAL		18,14		1 715,57	0,01
PD-KR	62,23	74,63	104,99	2 816,67	0,025

VI – věk při první inseminaci u jalovic, VO – věk při prvním otelení, SP – servis perioda, M – Mezidobí, PD-JAL – počet dnů mezi první a poslední (úspěšnou) inseminací u jalovic, PD-KR – počet dnů mezi první a poslední (úspěšnou) inseminací u krav, σ^2_{SRMO} – rozptyl efektu stáda roku měsíce otelení, σ^2_A – aditivně genetický rozptyl, σ^2_{EP} – rozptyl trvalého prostředí jedince, σ^2_E je residuální rozptyl, h^2 je dědivost

Statistický model pro vlastnosti bez trvalého prostředí krávy:

$$Y = X_1\beta + Zu + e$$

Statistický model pro vlastnosti, u kterých je zohledněno trvalé prostředí krávy:

$$Y = X_1\beta + X_2s + Zu + Wpe + e$$

Kde:

Y je vektor užitekosti

X₁ je matice přiřazující pevné efekty k jednotlivým užitekostem

X₂ je matice přiřazující užitekosti k jednotlivým SRMO

Z je matice přiřazující naměřené užitekosti jedincům

β je vektor řešení pro pevné efekty

u je vektor GEPH

pe je vektor řešení pro trvalé prostředí jedince

e je residuum

Soustava rovnic pro vlastnosti bez trvalého prostředí krávy v maticové podobě má následující tvar:

$$\begin{bmatrix} X_1'X_1 & X_1'Z \\ Z'X_1 & Z'Z + \alpha_2H^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1'Y \\ Z'Y \end{bmatrix}$$

Pro vlastnosti s trvalým prostředím:

$$\begin{bmatrix} X_1'X_1 & X_1'X_2 & X_1'Z & X_1'W \\ X_2'X_1 & X_2'X_2 + \alpha_1 I & X_2'Z & X_2'W \\ Z'X_1 & Z'X_2 & Z'Z + \alpha_2 H^{-1} & Z'W \\ W'X_1 & W'X_2 & W'Z & W'W + \alpha_3 I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ s \\ u \\ pe \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1'Y \\ X_2'Y \\ Z'Y \\ W'Y \end{bmatrix}$$

Kde:

α_1 je poměr rozptylu SRMO a residuálního rozptylu

α_2 je poměr aditivně genetického a residuálního rozptylu

α_3 je poměr rozptylu trvalého prostředí jedince a residuálního rozptylu

Kombinovaná matice příbuznosti **H** vznikne sloučením rodomenové matice příbuznosti **A** a genomické matice příbuznosti **G** (Misztal et al., 2009, Přibyl et al., 2014), které je přiřazena váha ω 0,8.

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \omega(G^{-1} - A_{22}^{-1}) \end{bmatrix}$$

Genomická matice příbuznosti je tvořena na základě odchylek genotypů jedinců (**T**) (VanRaden, 2008; Forni et al., 2011) od průměrných alelových četností populace (**Q**). Diagonální prvky matice **G** jsou standardizovány na průměr diagonálních prvků matice **A₂₂** a mimodiagonální prvky matice **G** jsou standardizovány na průměr mimo diagonálních prvků matice **A₂₂** :

$$G = \frac{(T - Q)(T - Q)'}{\frac{\text{trace}((T - Q)(T - Q)')}{n}}$$

Pro vlastní předpověď GEPH jsou použity programy DMU (Madsen et Jensen, 2013), nebo BLUPF90 (Misztal et al., 2015). Oba programy pracují s parametrovým souborem, který je potřeba vytvořit. Přesná podoba potřebných parametrových souborů se odvíjí od vlastnosti, která je hodnocená a návodu pro daný program.

Zpracování plemenných hodnot

Výstupy z programů DMU a BLUPF90 jsou po výpočtu umístěny do adresáře, ve kterém je umístěn parametrový soubor. Popisy souborů s řešením jsou uvedeny v návodech použitých programů. Výsledky jsou zpracovány v programu SAS (případně jiném programu vhodném pro práci s databázemi). Jednotlivé náhodné efekty jsou přečíslovány zpět na originální čísla jedinců a vyhodnoceny. GEPH vyjadřují genetický potenciál zvířete pro zkrácení (mínusové GEPH), nebo prodloužení (plusové GEPH) intervalu konkrétní vlastnosti.

Pro lepší prezentaci výsledků jsou GEPH převáděny na relativní GEPH (rGEPH), kde průměrná hodnota je 100 a směrodatná odchylka GEPH je 12, v souladu s ostatními vlastnostmi hodnocenými u holštýnského skotu. Při přepočtu GEPH na rGEPH se zároveň provádí bázování rGEPH na ročník narození 2005. GEPH na rGEPH jsou přepočteny tak, že čím vyšší je zkrácení intervalu dané vlastnosti, tím vyšší je hodnota předpovězené rGEPH, podobně, jako je tomu u PH pro počet somatických buněk v mléce:

$$r\text{GEPH} = 100 - \left[\frac{\text{GEPH} - \bar{x}_{2005}}{s} * 12 \right]$$

Kde:

GEPH je genomická plemenná hodnota hodnoceného jedince

\bar{x}_{2005} je průměrná GEPH zvířat narozených v roce 2005

s je směrodatná odchylka GEPH celého souboru zvířat

III. Srovnání „novosti postupů“

Plodnost je limitující a ekonomicky významnou vlastností. V České republice je jedinou hodnocenou vlastností plodnosti úspěšnost zapouštění u krav a jalovic. V zahraničí je standardem celá řada dalších vlastností, které lépe podchycují tak složitou užitkovou vlastnost, kterou plodnost je. V chovném cíli holštýnského skotu jsou uvedeny požadavky na věk při prvním otelení a délku mezidobí, avšak tyto vlastnosti nejsou geneticky hodnoceny a není tak možné u těchto vlastností provádět efektivní a ekonomicky opodstatněnou selekci. Tato metodika zavádí hodnocení těchto a dalších vlastností.

Předpověď GEPH namísto PH přináší zpřesnění odhadu genetického založení zvířat, zvláště u mladých býků, což urychluje genetický pokrok a přináší úspory ve šlechtění. Většina chovatelsky vyspělých zemí předpovídá GEPH, nebo na jejich zavedení pracuje. V České republice se pro předpověď GEPH používá jednokroková metoda ssGBLUP, u které je přesnější předpověď genetického založení genotypovaných i negenotypovaných zvířat, což jiné metody předpovědi GEPH neumožňují.

IV. Popis uplatnění Certifikované metodiky

Organizací zodpovědnou za genetické hodnocení hospodářských zvířat v ČR a uživatelem této metodiky je Českomoravská společnost chovatelů, a. s. Výsledky genetického hodnocení jsou využívány šlechtitelskými společnostmi a chovateli.

V. Ekonomické aspekty

Předpokládané ekonomické přínosy pro uživatele se pohybují na úrovni 0 Kč ve formě hospodářského výsledku v průběhu následujících pěti let v důsledku očekávané delší odezvy na šlechtění. V souladu s doporučením Rady vlády pro výzkum uživatel metodiky nevytváří těmito činnostmi zisk, poskytuje široké chovatelské veřejnosti jednotný servis a zabezpečuje co nejobektivnější vyhodnocení celostátních databází. Tímto vytváří podklady pro zvýšení kvality plemenářské práce chovatelů a základní předpoklady pro ekonomické přínosy pro jednotlivé chovatele.

VI. Seznam použité literatury

- Abe H., Masuda Y., Suzuki M. 2009. Relationship between reproductive traits of heifers and cows and yield traits for Holstein in Japan. *Journal of Dairy Science*, 92: 4055-4062.
- Forni S., Aguilar I., Misztal I. 2011. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. *Genetic Selection Evolevolution*, 43.
- Guo G., Guo X., Wang Y., Zhang X., Zhang S., Li X., Liu L., Shi W., Usman T., Wang X., Du L., Zhang Q. 2014. Estimation of genetic parameters of fertility traits in Chinese Holstein cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, 94: 281-285.
- Jamrozik J., Fatehi J., Kistemaker G. J., Schaeffer L. R. 2005. Estimates of Genetic Parameters for Canadian Holstein Female Reproduction Traits. *Journal of Dairy Science*, 88: 2199-2208.
- Kadarmideen, H.N., Thompson, R., Coffey, M.P., Kossaibati, M.A. 2003. Genetic parameters and evaluations from single and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livestock production*, 81: 183-195.
- Liu Z., Jaitner J., Reinhard F., Pasman E., Rensing S., Reents R. 2008. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using multiple-trait animal model. *Journal of Dairy Science*, 91: 4333-4343.
- Madsen P., Jensen J. 2013. A Package for Analysing Multivariate Mixed Models.
- Misztal I., Legarra A., Aguilar I. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92: 4648-4655.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z. 2015. Manual for BLUPF90 family of programs.
- Plemdat. 2016. Popis stanovení plemenné hodnoty pro plodnost u plemene H. Staženo 31.5.2017 z www.plemdat.cz.
- Příbyl J., Bauer J., Pešek P., Příbylová J., Vostrý L., Zavadilová L. 2014. Domestic and Interbull information in single step genomic evaluation of Holstein milk production. *Czech Journal of Animal Science*, 59: 409-415.
- VanRaden P. M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91: 4414-4423.
- Yamazaki T., Hagiya K., Takeda H., Yamaguchi S., Osawa T., Nagamine Y. 2014. Genetic correlations among female fertility, 305-day milk yield and persistency during the first three lactations of Japanese Holstein cows. *Livestock Science*, 168: 26-31.

VII. Seznam publikací, které předcházeli metodice

- Pešek, P., Příbyl, J., Vostrý, L. 2015. Genetic variances of SNP loci for milk yield in dairy cattle. *Journal of Applied Genetics*, 56: 339-347.
- Příbyl, J., Bauer, J., Čermák, V., Pešek, P., Příbylová, J., Šplíchal, J., Vostrá Vydrová, H., Vostrý, L., Zavadilová, L. 2015. Domestic estimated breeding values and genomic enhanced breeding values of bulls in comparison with their foreign genomic enhanced breeding values. *Animal*, 9: 1635-1642.
- Příbyl, J., Bauer, J., Kranjčevičová, A., Pešek, P., Příbylová, J., Vostrý, L., Zavadilová, L. 2016. Metodika GEPH na základě referenčního souboru složeného z domácích TD záznamů a Interbullem přepočtených mezinárodních MACE hodnot. *Metodika, Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.*
- Příbyl, J., Bauer, J., Krupa, E., Krupová, Z., Milerski, M., Novotná, A., Pešek, P., Příbylová, J., Schmidová, J., Svitáková, A., Veselá, Z., Vostrá Vydrová, H., Vostrý, L., Zavadilová, L., Žáková. 2014. Genetic Evaluation by Linear Models Using Own Algorithms and Standard Software. *Metodika, Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.*
- Zavadilová, L., Příbyl, J., Vostrý, L., Bauer, J. 2014. Single-step genomic evaluation for linear type traits of Holstein cows in Czech Republic . *Animal Science Papers and Reports*, 32: 201-208.
- Příbyl, J., Bauer, J., Pešek, P., Příbylová, J., Vostrý, L., Zavadilová, L. 2014. Domestic and Interbull information in the single step genomic evaluation of Holstein milk production. *Czech Journal of Animal Science*, 58. 409-415.

Přílohy – program pro přípravu datových souborů

```
/* Priprava souboru pro odhag genetických parametru, predpoved PH a GEPH*/
/*SROnar=SRO1*/
/*SROot=SRO2*/
/*SROins=SRO3*/
/*SROnar_jal=SRO4*/
/*SROins_jal=SRO5*/
%let pohlavi1=2; /*; 2,1 - kravy, 3,1- kravy + jalovice, 3,3 - jalovice */
%let pohlavi2=1;

%let minpocins=0; /* minimalni pocet insminaci na byka*/
%let minpocuzkr=0; /* minimalni pocet uzitkovosti u kravy*/
%let minpocuzjal=0; /*minimalni pocet uzitkovosti u jalovic*/

%let minsro1=2; /* minimalni pocet zvirat uvnitr SRO1 */
%let minsro2=0; /* minimalni pocet zvirat uvnitr SRO2 */
%let minsro3=0; /* minimalni pocet zvirat uvnitr SRO3 */
%let minsro4=0; /* minimalni pocet zvirat uvnitr SRO4 */
%let minsro5=0; /* minimalni pocet zvirat uvnitr SRO5 */

%let minot1=2; /* minimalni pocet otcu uvnitr SRO narozeni*/
%let minot2=0; /* minimalni pocet otcu uvnitr SRO pro oteleni */
%let minot3=0; /* minimalni pocet otcu uvnitr SRO pro inseminaci */
%let minot4=0; /* minimalni pocet otcu uvnitr SRO pro narozeni jalovic */
%let minot5=0; /* minimalni pocet otcu uvnitr SRO pro inseminaci jalovic */

%let minbyk1=0; /* minimalni pocet byku uvnitr SRO narozeni*/
%let minbyk2=0; /*minimalni pocet byku uvnitr SRO pro oteleni */
%let minbyk3=0; /* minimalni pocet byku uvnitr SRO pro inseminaci */
%let minbyk4=0; /*minimalni pocet byku uvnitr SRO pro narozeni jalovic */
%let minbyk5=0; /*minimalni pocet byku uvnitr SRO pro inseminaci jalovic */

%let minpocstad=2; /*minimalni počet stad na byka*/

%let pocgen=4; /*pocet generaci skutecnych (ne PPG) predku (min 2), pocet iteraci odpovida poctu pridanych generaci predku*/

/*****Nacitani uzitkovosti krav*****/
ods graphics off;

%let vstup=/home/pesek/Dis_prog/vstup;
%let vystup=/home/pesek/Dis_prog/vystup1;
%let pomoc=/home/pesek/Dis_prog/pomoc;

proc printto print= "&vystup/stat_zpr.txt";
proc printto log = "&vystup/log_zpr.lst";

Data vstup_kr;
format byk $char14.;

infile "&vstup/insem_dop_kr.txt";

input krava $1-14 roknar 15-18 mesnar 19-20 dennar 21-22 vekotmes 23-24 vekotdny 25-26 porlak 27-28 rokot 29-32
mesot 33-34 rokz 35-38 mesz 39-40 denz 41-42 tech 43-45 pi 46-47 chov 48-57 B 58 insit 59-61 sp 62-64 mezd 65-68
byk $ 69-74 ncj 75-84 pp 86;

if rokz<2005 then delete; /*uzitkovosti od roku*/
```

```

if sp>220 then delete; /*maximalni delka servis periody*/
if sp<20 then delete; /*minimalni delka servis periody*/
if mezd<300 and mezd ne 0 then delete; /*minimalni delka mezidobi*/
if mezd>500 then delete; /*maximalni delka mezidobi*/
if insit<10 then delete; /*minimlani delka inseminacního intervalu*/
if insit>300 then delete; /*maximalni delka inseminacního intervalu*/
if pi>10 then delete; /*maximalni poradi inseminace*/
if porlak>10 then delete; /*maximalni poradi laktace*/
if vekotmes=0 then delete;
p=1; /*pohlavi=krava*/
vekot=vekotmes*30.4+vekotdny; /*prepocet veku oteleni*/
proc means; title "Vstup kravy";

run;

/*.....Dopocitani poctu dnu mezi prvni a posledni inseminaci u krav..... */
Data pocd;
    set vstup_kr;
    keep porlak ncj insit b pi sp;
    run;
proc iml;
    use pocd; read all into A;
    pocp=nrow(A);

    do i= 2 to pocp;

        if A[i,6]=A[i-1,6] then do; /* pokud je stejny jedinec*/
            if A[i,1]=A[i-1,1] then do; /*pokud je stejne poradi laktace*/

                A[i,4]=A[i-1,4];

            end;
        end;
    end;

create pocd2 from A;
append from A;

Data pocd;
    set pocd2;
    rename col1=porlak col2=pi col3=B col4=prvins col5=sp col6=ncj;
    run;

Data vstup_kr;
    merge vstup_kr pocd;
    if sp>0 then prvins=sp-prvins; /*interval mezi první a poslední inseminaci*/
    if pi=1 and b=9 then prvins=0; /*zabreznuti na první inseminaci=0 dnu mezi první a poslední inseminaci*/
    if abs(prvins)<5 and prvins ne . then prvins=0; /*vynulovani pri malem rozdilu*/
    if b<9 then prvins= ".";
    run;

Data vstup_kr2;
    set vstup_kr;
    if b=0 then delete;
    proc freq; tables prvins; title "Rozdeleni cetnosti poctu dnu mezi prvni a posledni inseminaci";
    run;

proc means;

```

```

run;
/*****Nacitani uzitkovosti jalovic*****/
Data vstup_jal;
  format byk $char14.;

  infile "&vstup/insem_dop_jal.txt";

  input krava $1-14 roknar 15-18 mesnar 19-20 dennar 21-22 vekz 23-25 rokz 26-29 mesz 30-31 denz 32-33
  tech 34-36 pi 37-38 chov 39-48 B 49 byk $ 50-55 ncj 56-66;

  if rokz<2005 then delete; /*Vyber uzitkovosti od roku*/
  p=3; /*3=jalovice*/
  proc means; title "Vstup jalovice";
  proc sort data=vstup_jal; by krava pi;
  run;
/*.....Dopocitani poctu dnu mezi prvni a posledni inseminaci u jalovic.....*/
Data insit_jal;
  set vstup_jal;
  keep ncj pi B vekz;
  proc sort; by ncj pi;
Data insit_jal_prv;
  set insit_jal; by ncj; if first.ncj;
  rename vekz=vekz1;
  drop b;
Data insit_jal_pos;
  set insit_jal; by ncj; if last.ncj;
  rename vekz=vekz2;
Data insit_jal_spoj;
  merge insit_jal_prv insit_jal_pos; by ncj;
  if b<9 then delete;
  prvins=vekz2-vekz1; /*dopocitani intervalu*/

  proc sort; by ncj pi;
Data insit_jal_spoj;
  merge vstup_jal insit_jal_spoj; by ncj pi;
  drop vekz1 vekz2;
  if pi=1 and b=9 then prvins=0; /*zabreznuti na prvnii inseminaci=0*/
  if abs(prvins)<5 and prvins ne . then prvins=0; /*Oprava chybnych*/

/*****vytvoreni SRO u krav i jalovic*****/

Data SROot; /*SRO oteleni*/
  set vstup_kr;
  format SRO2 $char16.;
  if mesot=12 or mesot=1 or mesot=2 then obdot=1;
  if mesot=3 or mesot=4 or mesot=5 then obdot=2;
  if mesot=6 or mesot=7 or mesot=8 then obdot=3;
  if mesot=9 or mesot=10 or mesot=11 then obdot=4;

  SRO2=chov*1000000+rokot*100+mesot;

Data SROins; /*SRO provedene inseminace u krav*/
  set SROot;
  format SRO3 $char16.;
  if mesz=12 or mesz=1 or mesz=2 then obdz=1;
  if mesz=3 or mesz=4 or mesz=5 then obdz=2;

```

```
if mesz=6 or mesz=7 or mesz=8 then obdz=3;
if mesz=9 or mesz=10 or mesz=11 then obdz=4;
```

```
SRO3=chov*1000000+rokz*100+mesz;
proc sort; by krava;
```

```
Data SROnar; /*SRO narozeni*/
set SROins;
format SRO1 $char16.;
if mesnar=12 or mesnar=1 or mesnar=2 then obdnar=1;
if mesnar=3 or mesnar=4 or mesnar=5 then obdnar=2;
if mesnar=6 or mesnar=7 or mesnar=8 then obdnar=3;
if mesnar=9 or mesnar=10 or mesnar=11 then obdnar=4;
```

```
SRO1=chov*1000000+roknar*100+obdnar;
```

```
proc sort; by krava;
```

```
Data SROins_jal; /*SRO provedene inseminace u jalovic*/
set insit_jal_spoj;
format SRO5 $char16.;
if mesz=12 or mesz=1 or mesz=2 then obdz=1;
if mesz=3 or mesz=4 or mesz=5 then obdz=2;
if mesz=6 or mesz=7 or mesz=8 then obdz=3;
if mesz=9 or mesz=10 or mesz=11 then obdz=4;
```

```
SRO5=chov*1000000+rokz*100+mesz;
proc sort; by krava;
run;
```

```
Data SROnar_jal; /*SRO narozeni jalovic*/
set SROins_jal;
format SRO4 $char16.;
if mesnar=12 or mesnar=1 or mesnar=2 then obdnar=1;
if mesnar=3 or mesnar=4 or mesnar=5 then obdnar=2;
if mesnar=6 or mesnar=7 or mesnar=8 then obdnar=3;
if mesnar=9 or mesnar=10 or mesnar=11 then obdnar=4;
```

```
SRO4=chov*1000000+roknar*100+obdnar;
```

```
Data SRO;
set SROnar SROnar_jal; /*spojeni krav a jalovic*/
if chov=. then delete;
proc sort; by krava;
```

```
Data otec; /*prirazeni otce kravy pro SRO */
format otec $char14.;
infile "&vstup/kgm008.txt";
input krava $ 1-14 otec $ 16-21;
proc sort; by krava;
```

```
Proc datasets nolist; delete vstup_kr vstup_jal pocd vstup_kr2 insit_jal insit_jal_prv insit_jal_pos insit_jal_spoj SROot
SROins SROnar_jal SROnar SROnar_jal;
```

```
Data prvot;
merge SRO otec (in=a) ; by krava; if a;
if p=. then delete;
```



```

if p=1 and vekotmes=. then delete; /*vyhozeni krav bez znameho veku oteleni*/
vekot=vekotmes *30.44+vekotdny;
vekot=round(vekot,1);
if p=1 and vekot<650 then delete; /*dolni hranice pro vek při prvním oteleni*/
if p=1 and vekot>1100 then delete; /*horni hranice pro vek při prvním oteleni*/
drop vekotmes vekotdny;
run;

proc sort; by krava;

Data prec;
set prvot /*ncj*/; by krava;
if b=9 then b=1000; /*uprava meritka*/
if b>0 and b<9 then delete; /*vyrazeni zaznamu s jinym výsledkem nez jalova/brezi*/

/*****Vyber zavisle promenne*****/

Zavprom=vekot; /*zavisle promenna*/
/*if zavprom=0 or zavprom= . then delete; if pp=. or pp>3 or pp=0 then delete;*/ /*vyhozeni radku pro insit, sp,
mezd*/;
if zavprom= . then delete; /*pro pocet dnu mezi prvni a posledni inseminaci a vek zapusteni*/
if zavprom<650 then delete; if zavprom>1500 then delete; /*pro vek při prvním oteleni*/
if porlak>1 then delete;
if porlak= . then delete;

proc means; title "Vybrana promenna";

/*****Osetreni cetnosti pozorovani*****/

%macro Oset;

%do op=1 %to 20; /*Pocet opakovani vseh kriterii*/

/*.....Pocet uzitkovosti na kravu.....*/
Data prec;
set prec;
if p=1 then Inskr=compress(krava||"1");
if p=3 then Inskr=compress(krava||"3");
proc sort; by Inskr;

Data _null_;
keep Inskr p;
file "&pomoc/Inskr.txt";
set prec; by Inskr;
if first.Inskr then do;
poc=0;
end;
if Inskr ne " " then do;
poc+1;
end;

if last.Inskr then put
Inskr $ 1-15 poc 17-20 p 22; run;
Data Inskr;

```

```

infile "&pomoc/Inskr.txt";
input Inskr $ 1-15 pocuz 17-20 p 22;
if p=1 and pocuz<&minpocuzkr then delete;
if p=3 and pocuz<&minpocuzjal then delete;

proc sort; by Inskr;

Data prec;
merge prec (in=aa) Inskr (in=a); by Inskr; if a; if aa;
drop Inskr pocuz;

/*.....Pocet inseminaci na byka.....*/

Data prec;
set prec;

If p=1 then Insbyk=compress(byk|"1");
If p=3 then Insbyk=compress(byk|"3");

Proc sort; by Insbyk;

Data _null_;
keep Insbyk;
file "&pomoc/Insbyk.txt";
set prec; by Insbyk;
If first.Insbyk then do;
poc=0;
end;
If Insbyk ne " " then do;
poc+1;
end;

if last.Insbyk then put
Insbyk $ 1-15 poc 17-20; run;
Data Insbyk;
infile "&pomoc/Insbyk.txt";
input Insbyk $ 1-15 pocins 17-20;
if pocins<&minpocins then delete;
proc sort; by Insbyk;

Data prec;
merge prec (in=aa) Insbyk (in=a); by Insbyk; if a; if aa;
drop pocins;

/*proc means; title "Pocet ins na byka&op";*/

/*.....Pocet stad na byka.....*/
Data prec;
set prec;
bykstad=compress(byk|chov);

Proc sort; by bykstad;
Data stada;
set prec; by bykstad; if first.bykstad;
proc sort; by byk;

Data _null_;

```

```

keep byk;
file "&pomoc/bykstad.txt";
  set stada; by byk;
  if first.byk then do;
    poc=0;
  end;
  if byk ne " " then do;
    poc+1;
  end;

  if last.byk then put
  byk $ 1-14 poc 17-20; run;
Data bykstad;
  infile "&pomoc/bykstad.txt";
  input byk $ 1-14 poc 17-20;
  if poc<&minpocstad then delete;
  proc sort; by byk;

proc sort data=prec; by byk;
Data prec;

  merge prec (in=aa) bykstad (in=a); by byk; if a; if aa;
  drop poc;

Proc datasets nolist; delete bykstad stada;

/*.....Pocet otcu uvnitr SRO.....*/
%do f=1 %to 5; /*iterace pres jednotlivu SRO*/

Data prec;
  set prec;
  sroot&f=compress (SRO&f|otec);
Proc sort; by SROot&f;
Data SROotec;
  set prec; by SROot&f; if first.SROot&f;

keep SRO&f SROot&f otec ;proc sort; by SRO&f;run;

Data _null_;
  keep SRO&f;
  file "&pomoc/SRO.txt";
  set SROotec; by SRO&f;
  if first.SRO&f then do;
    poc=0;
  end;
  if SRO&f ne " " then do;
    poc+1;
  end;

  if last.SRO&f then put
  SRO&f $ 1-16 poc 18-22; run;
Data SRO&f;
  infile "&pomoc/SRO.txt";
  input SRO&f $ 1-16 pocotSRO&f 18-22;
  proc sort; by SRO&f;
  proc sort data=prec; by SRO&f;

```

```
Data prec;  
  merge prec (in=aa) SRO&f (in=a); by SRO&f; if a; if aa;  
  drop SROot&f;  
  
  /*proc means; title "SROotec&op&f";*/  
%end;
```

```

Data prec;
  set prec;
  if SRO1 ne " " and pocotSRO1 < &minot1 then delete;
  if SRO2 ne " " and pocotSRO2 < &minot2 then delete;
  if SRO3 ne " " and pocotSRO3 < &minot3 then delete;
  if SRO4 ne " " and pocotSRO4 < &minot4 then delete;
  if SRO5 ne " " and pocotSRO5 < &minot5 then delete;
  drop pocotSRO1 pocotSRO2 pocotSRO3 pocotSRO4 pocotSRO5;

/*.....Pocet pouzitych byku uvnitr SRO.....*/

%do g=1 %to 5; /*iterace pres jednotlivu SRO*/

Data prec;
  set prec;
  srobyk&g=compress (SRO&g| |byk);
Proc sort; by SRObyk&g;
Data SRObyk;
  set prec; by SRObyk&g; if first.SRObyk&g;

keep SRO&g SRObyk&g byk ;proc sort; by SRO&g;run;

Data _null_;
  keep SRO&g;
  file "&pomoc/SRO.txt";
  set SRObyk; by SRO&g;
  If first.SRO&g then do;
    poc=0;
    end;
  If SRO&g ne " " then do;
    poc+1;
  end;

  if last.SRO&g then put
  SRO&g $ 1-16 poc 18-22; run;
Data SRO&g;
  infile "&pomoc/SRO.txt";
  input SRO&g $ 1-16 pocbSRO&g 18-22;
  proc sort; by SRO&g;
  proc sort data=prec; by SRO&g;

Data prec;
  merge prec SRO&g (in=a); by SRO&g; if a;

  drop SRObyk&g;
  /*proc means; title "SRObyk&op&g";*/
%end;

Data prec;
  set prec;
  if SRO1 ne " " and pocbSRO1<&minbyk1 then delete;
  if SRO2 ne " " and pocbSRO2<&minbyk2 then delete;
  if SRO3 ne " " and pocbSRO3<&minbyk3 then delete;
  if SRO4 ne " " and pocbSRO4<&minbyk4 then delete;
  if SRO5 ne " " and pocbSRO5<&minbyk5 then delete;
  drop pocbSRO1 pocbSRO2 pocbSRO3 pocbSRO4 pocbSRO5;
run;

```

```

/*.....Pocet pozorovani uvnitr každého SRO.....*/

%do e=1 %to 10; /*opakovani */
  %do i=1 %to 5; /*iterace pres jednotlivá SRO*/

proc sort data=prec; by SRO&i;

data _null_;
  keep SRO&i;
  file "&pomoc/sro.txt";
  set prec; by sro&i;
  if first.sro&i then do;
    poc=0;
    end;
  if sro&i ne " " then do;
    poc+1;
  end;

  if last.sro&i then put
  SRO&i $ 1-16 poc 18-22; run;
Data SRO;

  infile "&pomoc/sro.txt";
  input SRO&i $ 1-16 pocSRO&i 18-22;
  if SRO&i=" " then delete;
  proc sort; by SRO&i;

Data prec;
  merge prec SRO ; by SRO&i;

%end;
Data prec;
  set prec;
  if pocSRO1< &minsro1 and p=1 then delete;
  if pocSRO2< &minsro2 and p=1 then delete;
  if pocSRO3< &minsro3 and p=1 then delete;
  if pocSRO4< &minsro4 and p=3 then delete;
  if pocSRO5< &minsro5 and p=3 then delete;
  drop pocsro1 pocsro2 pocsro3 pocsro4 pocsro5;

  %end;

  %end;
/*.....Precislovani SRO od 1.....*/
%do l=1 %to 5; /*iterace pres jednotlivá SRO*/
  proc sort data=prec; by SRO&l;
Data sro_nc;
  set prec; by SRO&l; if first.SRO&l;
  if SRO&l=" " or SRO&l="0" then delete;
  keep SRO&l;
  proc sort; by SRO&l;

Data sro_nc;
  set sro_nc;
  ncSRO&l=_n_;
Data prec;

```

```

merge prec sro_nc; by SRO&l;
drop pocSRO&l;

proc datasets nolist; delete sro_nc;
%end;
%mend;
%Oset;

/*****/

/*.....Vyber jalovice/kravy/obe.....*/

Data prec;
    set prec;
if p > &pohlavi1 then delete;
if p < &pohlavi2 then delete; /*pouze kravy*/
rename krava=jedinec;
drop ncj;

proc means data=prec; title "Precislovana SRO";
proc sort data=prec; by jedinec p porlak pi;

/*****Zacatek tvorby rodokmenu*****/

Data genotjed; /*seznam genotypovanych jedincu*/

    infile "&vstup/cisgen";
    input jedinec $1-14;
        proc sort; by jedinec;

Data krava_prv; /*seznam krav */
    set prec; by jedinec; if first.jedinec;
    proc sort data=prec; by byk;

Data byk_prv; /*seznam byku*/
    set prec; by byk; if first.byk;
    keep byk;
    rename byk=jedinec;
proc sort data=prec; by jedinec porlak pi;

Data rodByk; /*rodokmen byci*/
    format jedinec $char14.;
    format otec $char14.;

    infile "&vstup/kg009.txt";
    input jedinec $ 1-6 otec $ 8-13 matka $ 15-28 zeme 42-44 roknar 46-49;

Data rodKr; /*rodokmen kravy*/
    format jedinec $char14.;
    format otec $char14.;
    infile "&vstup/kg008.txt";
    input jedinec $ 1-14 otec $ 16-21 matka $ 23-36 zeme 50-52 roknar 54-57 ;

Data rod1;
    set rodbyk rodkr;

```

```

proc sort; by jedinec;

Data sort; /*roky narozeni pro precislovani od nejstarsich*/
set rod1; keep jedinec roknar;

Data rod2; /*vsichni jedinci jednou, kompletne rodokmen*/
set rod1; by jedinec; if first.jedinec;

proc sort; by jedinec;

Data rod;
set krava_prv byk_prv /*genotjed*/;
keep jedinec;
proc sort; by jedinec;

Data rod; /*rodokmen pro jedince s uzitkovosti + pripousteni byci + genotypovani*/
merge rod (in=a) rod2; by jedinec; if a;

Data rodgensk (keep=jedinec gensko genskma roknar zeme ); /*Tvorba genetickych skupin*/
set rod2;
format gensko $char14.;
format genskma $char14.;
gensko=zeme*1000000+roknar /*"0"*/; /* 0-bez genetickych skupin*/
genskma=zeme*1000000+90000+roknar ;

proc sort; by jedinec;

/*.....tvorba rodokmenu vcetne genetickych skupin neznámnych rodičů.....*/

/* Vstupni soubory:
1) rod – seznam vychozich jedincu + otec + matka
2) rod2 - kompletne seznam (rodokmen) - jedinec + otec + matka
3) rodgensk - soubor s genetickymi skupinami - jedinec + geneticka skupina otce + geneticka skupina matky*/

/*Vystupni soubory:
1)rodokfin - soubor s rodokmenem + precislovani jedinci
2) Ciseljed - jedinci + ncj*/

%macro rodok;

%do i=1 %to &pocgen; /*pocet odpovida poctu generaci skutecnych prtedku+1 (1 pro GSK)*/

Data jedinci;
set rod (keep=jedinec);

proc means; title "jedinci &i";

Data otcove;
set rod (keep= otec);
rename otec=jedinec;
proc means; title "otcove &i";

Data matky;
set rod (keep=matka);
rename matka=jedinec;
proc means; title "matky &i";

```



```

proc datasets nolist; delete rod;

Data spojrod1;
  set jedinci otcove matky;
  if jedinec="0" or jedinec="." or jedinec=" " or jedinec="00000000000000" or
  jedinec="000000"
  or jedinec="000000000000" or jedinec="CZ000000000000" or jedinec=" " then
  delete;
proc sort data=spojrod1;
  by jedinec;
proc datasets nolist; delete jedinci otcove matky;

Data spojrod2; /*vektor jedincu, otcu a matek*/
  set spojrod1;
  by jedinec;

  if first.jedinec;
  proc means; title "jedinci+otcove+matky &i";

Data rod;
  merge spojrod2 (in=a) rod2; by jedinec; if a; /*spojeni s kompletnim rodokmenem*/

  %if &i = &pocgen-1 %then %do;
Data rod3; /*vystupni soubor - vystup z posledniho kola pro tvorbu posledni generace*/
  set rod;
  proc means; title "Vystupni soubor pred pridanim GSK";
  %end;
  %end;
/*.....Prirazovani genetickych skupin neznamych rodiču pro posledni generaci a jedince s
neznamymi predky.....*/

Data rod;
  merge spojrod2 (in=a) rod3 rodgensk; by jedinec; if a; /*spojeni s rodokmenem z
predchozi iterace*/
  proc datasets nolist; delete rod3 rod2;

Data rod;
  set rod;
  if otec=" " or otec="000000" then otec=gensko;

Data rod ;
  set rod;
if matka=" " or matka="000000000000" or matka="CZ000000000000" then matka=genskma;
drop genskma gensko;

Data jedinci;
  set rod (keep=jedinec);
  proc means; title "jedinci gensk";

Data otcove;
  set rod (keep=otec);
  rename otec=jedinec;
  proc means; title "otcove gensk";

Data matky;
  set rod (keep=matka);
  rename matka=jedinec;
  proc means; title "matky gensk";

Data spojrod1;
  set jedinci otcove matky;

```

```

                if jedinec="0" or jedinec="." or jedinec=" " or jedinec="00000000000000" or
jedinec="000000"
                or jedinec="000000000000" or jedinec="CZ000000000000" or jedinec="." then
                    delete;
proc sort data=spojrod1;
    by jedinec;
proc datasets nolist; delete jedinci otcove matky;

Data spojrod2; /*vektor jedincu, otcu a matek*/
    set spojrod1;
    by jedinec;

                if first.jedinec;
/*.....precislovani vseh jedincu od 1.....*/
Data NCJ1;
    set spojrod2;
    proc sort; by jedinec;
Data NCJ2;
    merge NCJ1 (in=a) sort; by jedinec; if a;
    proc sort; by rok nar jedinec;
Data NCJ3;
    set NCJ2;
    ncj=_n_;
    proc sort; by jedinec;
Data ciseljed;
    set ncj3;
    sort=0;
    file "&vystup/ciselnik_jed";
    put jedinec $ 1-14 ncj 15-30;
    proc sort; by jedinec;

Data precj;
    merge NCJ3 (in=a) rod; by jedinec; if a;

    proc sort; by otec;

Data ncj;
    set ncj3;
    rename ncj=nco;
    rename jedinec=otec;
    proc sort; by otec;
Data precot;
    merge precj (in=a) ncj; by otec; if a;
    if nco=. then nco=0;
    proc sort; by matka;
Data ncj;
    set ncj;
    rename nco=ncm;
    rename otec=matka;
    proc sort; by matka;
Data rodokfin; /*hotovy rodokmen*/
    merge precot (in=a) ncj; by matka; if a;
    if ncm=. then ncm=0;
    proc sort; by ncj;
Data rodokfin; /*hotovy precislovany rodokmen*/
    set rodokfin;

    proc means data=rodokfin; title "Hotovy a precislovany rodokmen";

```

```

proc datasets nolist; delete precj preco ncj;

Data rodok_vystup;
    set rodokfin;
    if ncj=ncm then ncm=0;
    if ncj=nco then nco=0;

    if roknar=" " then roknar="0";
    file "&vystup/rodok";
    put ncj 1-8 nco 10-17 ncm 19-26 roknar 28-31;
Proc means; title "Rodok";
    Proc sort data=rodokfin; by jedinec;
/*.....oprava a dopocitani roku narozeni pro DMU.....*/
Data rodok;
infile "&vystup/rodok";

    input ncj 1-8 nco 10-17 ncm 19-26 roknar 28-31;
    run;

Proc iml;
use rodok; read all into rod;
pocjed=nrow(rod);
do f=1 to 100;

do i=1 to pocjed;

jedinec=rod[i,1];
otec=rod[i,2];
matka=rod[i,3];
if matka>0 then do;
matkamatky=rod[matka,3];

if matkamatky=jedinec then do;
rod[matka,3]=0;

rod[i,3]=0;
end;
end;

if otec>0 then do;

matkaotce=rod[otec,3];
if matkaotce=jedinec then do;
rod[otec,3]=0;
rod[i,3]=0;
end;
end;

rokjedinec=Rod[i,4];

if otec>0 then do;
rokotec=Rod[otec,4];
if rokotec>=rokjedinec then do; rod[i,4]=rokotec+1;
end;
end;

if matka>0 then do;
rokmatka=Rod[matka,4];

```

```

        if rokmatka>=rokjedinec then do; rod[i,4]=rokmatka+1;
        end;
    end;

end;
end;
    create rod_oprav from rod;
append from rod;
Data rod_opr;
    set rod_oprav;
    ncj=col1; nco=col2; ncm=col3; roknar=col4;
    file "&vystup/rodok"; /*Prepsani původního rodokmenu doplnenym*/
        put ncj 1-8 nco 10-17 ncm 19-26 roknar 28-31;

        %mend;
        %rodok;

/*.....Konec tvorby rodokmenu.....*/

/*****Precislovani genomicke matice podle nového čísla*****/
Proc sort data=rodokfin; by jedinec;
    Data sezgenot;
        merge genotjed (in=a) rodokfin; by jedinec; if a;
        gen=1;
        file "&vystup/sezgenot"; /*seznam ncj genotypovaných byku*/
        put ncj;

Data Ciselnik; /*vstupni ciselnik genotypovaných jedincu*/
format jedinec $char14.;

infile "&vstup/cisgen";
input jedinec $1-14 cislo 15-25;

        proc sort; by jedinec;

Data spoj_ciselnik; /*prepsani čísla*/
        merge ciselnik (in=a) ciseljed; by jedinec; if a;
Data ciselnik_genm;
    set spoj_ciselnik;
        keep cislo ncj;

Data Genot; /*nacistani genomicke matice příbuznosti*/
    format genot best20.;
        infile "&vstup/genmat" missover;
        input jed1 1-9 jed2 11-19 genot 21-40;
        proc sort; by jed1;

Data prejm1;
    set ciselnik_genm;
    rename cislo=jed1;
    rename ncj=ncj1;
    proc sort; by jed1;
Data prec1;
    merge Genot prejm1 (in=a) ; by jed1; if a;
    proc sort; by jed2;

Data prejm1;

```

```

        set ciselnik_genm;
        rename cislo=jed2;
        rename ncj=ncj2;
        proc sort; by jed2;
        proc sort data=prec1; by jed2;

Data prec2;
    merge prec1 prejm1 (in=a); by jed2; if a;
    proc sort; by jed1 jed2;

Data oprgenot;
    set prec2;

    file "&vystup/gemat"; /Precislovana genomicka matice podle nového ciselniku*/
    put ncj1 1-8 ncj2 15-22 genot 30-50 .8;
    Proc means; title "Gemat";

/*****Precislovani jednotlivych efektu *****/

Proc sort data=prec; by jedinec;
Data ciseljed (keep=jedinec ncj);
    set ciseljed;

proc sort data=ciseljed; by jedinec;
/*.....Precislovani uzitkovosti krav..... */
Data precuzit1; /*precislovani uzitkovosti krav*/
    merge prec (in=a) ciseljed; by jedinec; if a;
    rename ncj=nckr;
    rename jedinec=krava;
    rename byk=jedinec;

    proc sort; by jedinec;

Data precuzit2; /*precislovani uzitkovosti byku*/
    merge precuzit1 (in=a) ciseljed; by jedinec; if a;
    rename ncj=ncbyk;
    drop jedinec;
/*.....Precislovani inseminavnicich techniku..... */
Data prectech1;
    set precuzit2;
    technik=tech*10000+rokz; /*interakce technik * rok*/
    if porlak=. then porlak=0;

    proc sort; by technik;
Data prectech2;
    set prectech1; by technik; if first.technik;
Data prectech2;
    set prectech2;
    nctech=_n_;
    keep technik nctech;run;
Data prectech2;
    merge prectech1 prectech2; by technik;
    if porlak=. then porlak=0;
    nck=nckr; /*100+porlak; interakce krava x laktace pro TP*/
    proc sort; by nck;
    run;
/*.....Precislovani trvalého prostredi kravy..... */
Data precpekr;
    set prectech2; by nck; if first.nck;
    keep nck p;

```

```

Data precpekr;
  set precpekr;
  ncpekr=_n_;
  proc sort; by nck;

Data precpekr;
  merge prectech2 (in=a) precpekr ; by nck; if a;
  drop nck;

proc sort; by ncbyk;

/*.....Precislovani pouzitych byku.....*/
Data precbyk1;
  set precpekr;
  bykprec=ncbyk*10000+rokz;
  proc sort; by bykprec;
Data precbyk2;
  set precbyk1; by bykprec; if first.bykprec;
Data precbyk2;
  set precbyk2; keep bykprec ncprpbyk;
  ncprpbyk=_n_;
  proc sort; by bykprec;
Data spojbyk;
  merge precbyk1 (in=a) precbyk2; by bykprec; if a;
  keep ncbyk ncprpbyk;
  proc sort; by ncbyk;
  proc sort data=precpekr; by ncbyk;

Data vystup;
  merge precpekr (in=a) spojbyk (in=aa); by ncbyk; if a; if aa;
  proc sort; by nckr porlak pi;

/*****Zapisovani vystupu uzitkovosi podle vlastnosti*****/
Data vystup;
  set vystup;
  insit2=insit*insit;
  vekins=vekot+insit; /*dopocitani veku při provedene insminaci*/
  vekins2=vekings*vekings;
  vekot2=vekot*vekot; /*vek pri 1. oteleni*/

  file "&vystup/uzit_vse";
  put ncsro1 1-6 ncsro2 8-13 ncsro3 15-20 ncsro4 22-27 ncsro5 29-34 p 36 vekot 38-41 vekot2 43-50
  vekins 52-56 vekins2 58-67 /*u krav
  insit 69-72 insit2 74-82 porlak 84-85 pi 87-88 vekz 90-93 /*u jalovic*/ nckr 95-101 /*nc kravy podle
rodokmenu*/
  ncpekr 103-108 /*ncpe od 1 po laktacich*/ ncbyk 110-116 /*nc byka podle rodokmenu*/ ncprpbyk
118-122 /*nc byka od 1*/ nctech 124-127 zavprom 129-135 mesz 137-138 mesot 140-141 pp 143;

proc means; title "vystup";
run;

```

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

Název: **PŘEDPOVĚĎ GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO PLODNOST U DOJENÉHO SKOTU**

Autoři: Ing. Petr Pešek (60 %)
prof. Ing. Josef Příbyl, DrSc. (20 %)
Ing. Ludmila Zavadilová, Ph.D. (20 %)

Oponenti: Ing. Zdenka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha
prof. Ing. Tomáš Urban, Ph.D.
Ústav morfologie, fyziologie a genetiky zvířat
Mendelova univerzita v Brně

ISBN: 978-80-7403-165-6

Dedikace: Metodika byla vypracována v rámci řešení výzkumného projektu NAZV QJ1510144.

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