

GENETICKÉ HODNOCENÍ POČTU STRUKŮ PRASAT



ISBN 978-80-7403-195-3

v y d á v á

OSVĚDČENÍ

11798 - 2018/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 počtu struků prasat

Autor / autoři: Ing. Emil Krupa, Ph.D., Ing. Eliška Žáková, Ph.D., Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.

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

Místo vydání: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i., Praha

Rok vydání: 2018

Metodika byla vypracována v rámci výzkumného projektu/podpory na rozvoj výzkumné organizace č. MZe – RO0718 – V001

Využívá projekt „Pravidla pro odvětví zemědělství, lesnictví, rybolov“? NE

V případě, že projekt využívá „Pravidla pro odvětví zemědělství, lesnictví a rybolovu“, je výsledek typu N_{met} zdarma k dispozici všem zájemcům na webové stránce:

V Praze dne 17. 12.2018

Česká plemenářská inspekce
Slezská 100/7
120 00 Praha 2
Razítko odborného útvary státní správy

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy:

Ing. Zdenka Majzlíková

Funkce zástupce odborného útvaru státní správy:

ředitelka


Podpis zástupce odborného útvaru státní správy

Souhlas ředitelky Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V  dne 21-12-2018


Ing. Pavlína Adam, Ph.D.

METODIKA

Genetické hodnocení počtu struků prasat

Autoři

Ing. Emil Krupa, Ph.D.
Ing. Eliška Žáková, Ph.D.
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.

Oponenti

Doc. Ing. Karel Mach, CSc.

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

Ing. Zdeňka Majzlíková

Česká státní plemenářská inspekce, Praha

Metodika je výsledkem řešení podpory na rozvoj výzkumné organizace
č. MZE-RO0718 –V001

Obsah

I. Cíl metodiky	5
II. Vlastní popis metodiky	5
II.1. Úvod.....	5
II.2. Vstupní parametry pro genetické hodnocení CPS	6
II.2.1. Zdroj dat.....	6
II.2.2 Zdrojové soubory a struktura dat.....	7
II.3. Genetické parametry – prvotní analýza.....	8
II.3.1 Genetické korelace – prvotní analýza	9
II. 3. 2 Genetické parametry pro rutinní odhad plemenných hodnot	10
II.4. Odhad plemenných hodnot	10
II.5 Technické provedení odhadu plemenných hodnot	10
II.A. Příloha	12
III. Srovnání novosti postupů	12
IV. Popis uplatnění metodiky.....	13
V. Ekonomické aspekty.....	13
VI. Seznam citované literatury	13
VII. Seznam publikací, které předcházely metodice	14

I. Cíl metodiky

Cílem metodiky bylo vyvinout lineární model pro genetické hodnocení znaku počet struků prasat, který byl definován jako celkový počet všech vyvinutých struků na levé a pravé mléčné liště bez započítání mezistruků a tento lineární model aplikovat do rutinního systému odhadu plemenných hodnot mateřských plemen České bílé ušlechtilé a Česká landrase.

II. Vlastní popis metodiky

II.1. Úvod

Genetické hodnocení mateřských plemen prasat v České republice probíhá od roku 2005 na základě čtyřznakového modelu pro přírůstek, podíl libového masa a pro počet živě narozených selat na prvním a na druhých a dalších vrzích (Wolf a kol., 2005). V průběhu posledních několika let byl zaveden odhad plemenných hodnot pro mezidobí (Wolf, 2012) a také pro nové dva znaky reprodukce – počet všech narozených a dochovaných selat (Krupa a Wolf, 2013). Využíváním zmíněných opatření dochází ke každoročnímu nárůstu počtu narozených selat. V situaci, kdy se meziročně zvyšuje velikost vrhu, je nevyhnutelné zabezpečit náležitou výživu všech selat ve vrhu v období laktace prasnice. Počet struků prasnic se proto stává jedním ze základních limitujících faktorů úspěšného odchovu. V chovech se nedostatek struků matek řeší překládáním selat (homogenizace vrhů nebo systém využití systému kojných prasnic) nebo dokrmem v mléčných automatech (tzv. „umělými prasnicemi“). Přesto se v posledních letech genetické hodnocení počtu struků dostává do popředí zájmu šlechtitelských organizací. Vyhodnocení počtu struků probíhá ve světě několika způsoby. Hodnotí se např. celkový počet všech struků (MacKay a Rahnefeld, 1990), počet funkčních a nefunkčních struků (Lundeheim a kol., 2013), počet struků odděleně pro prasnice a kance (Long a kol., 2010). Rozdílný je také věk, kdy dochází k získávání dat o počtu struků. Lundeheim a kol. (2013) hodnotili počet struků v průběhu testu (75-130 kg živé hmotnosti) v průměru v 158,7 dnech, resp. při průměrné hodnotě živé hmotnosti asi 100,1 kg. Long a kol. (2010) zkoumali celkový počet struků ve věku tří týdnů. Chalkias a kol. (2013) analyzovali počty funkčních a nefunkčních struků ve třech týdnech, stejně jako při živé hmotnosti prasat přibližně 100 kg. McKay a Rahnefeld (1990) zaznamenali počty struků u všech živých selat ve věku jednoho dne, kdy byla selata jednoznačně identifikována. Z praktického hlediska je měření počtů struků v raném životním stádiu snadnější. Další výhodou tohoto přístupu je, že počet struků může být měřen u všech živých selat ve vrhu, zatímco v pozdějším životním stádiu mohou být některé informace ztraceny z důvodu ztrát nebo negativní selekce odchovávaných zvířat. Počet struků měřený v nízkém věku představuje biologický potenciál zvířete. Hodnoty počtu nefunkčních struků měřených v pozdějším stádiu života prasat jsou poněkud závislé na použité technologii nebo poruchách chování selat. Long a kol. (2010) zkoumali také dědivost tvaru struků a zjistili, že obrácené struky na kancích nemusí naznačovat, že budou mít dcery s vyšším počtem obrácených struků.

Důležitá pro šlechtění je také znalost genetických korelací mezi celkovým počtem struků (CPS) a produkčními resp. reprodukčními znaky. Námi prováděná fenotypová analýza ukázala, že přes trvalý nárůst celkového počtu narozených selat nedošlo u CPS téměř k žádnému trendu. Odhadnuté genetické korelace mezi CPS a znaky velikosti vrhu v naší studii také naznačují zanedbatelné korelace. To je v souladu se zjištěními Zhanga a kol. (2000) a Lundeheima a kol. (2013). Přestože jsme nezjistili žádnou významnou genetickou korelaci mezi reprodukčními znaky a CPS, výběrový tlak na počet narozených selat mohl být ovlivněn počtem struků. Nízké genetické korelace mezi CPS a produkčními znaky se výrazně neliší od průměrných hodnot uvedených v literatuře (Zhang a kol., 2000).

V mnoha šlechtitelských organizacích včetně Českého národního programu pro šlechtění prasat je selekce na počet struků založena na takzvaných prahových hodnotách, která vychází z minimálního počtu struků prasat. V těchto programech se počítá se s tím, že jenom jedinci s minimálně čtrnácti struky (u mateřských plemen; minimálně sedm na pravé a sedm na levé mléčné liště) jsou zařazeni do dalšího chovu. Dle některých autorů může využití předselektovaných dat v genetickém hodnocení vést k nepřesnostem, které plynou z odlišné variability daného znaku. Data sesbírána od všech selat z vrhu bez

ohledu na četnost struků přispívají ke zlepšení přesnosti genetického hodnocení a pravděpodobně lépe odráží biologický potenciál rodičů v daném znaku.

Technická poznámka:

Odhad plemenných hodnot se provádí pod operačním systémem LINUX. Celkový přehled technického postupu při odhadu plemenných hodnot pro počet struků je pro názornost uveden v tabulce 1.

II.2. Vstupní parametry pro genetické hodnocení CPS

II.2.1. Zdroj dat

Zdrojem dat jsou data poskytnutá Svazem chovatelů prasat, z.s. (dále Svaz). V pilotní fázi byla data získána z databáze Plemenné knihy Svazu a z dostupné prvotní evidence šlechtitelských chovů, která byla následně pracovníky Svazu převedena do elektronické podoby. Na základě analýzy těchto dat byl navržen způsob sběru dat u všech selat živých ke dni kontroly vrhu plemenářským technikem a vytvořena webová aplikace pro sběr těchto dat. Tuto evidenci vytvořil a spravuje Svaz.

Vzhledem k velkému objemu dat byl navržen dvojí způsob pořizování: individuální evidence a hromadné pořizování dat. V individuální evidenci jsou počty struků pořizovány jednotlivým selatům určeným k dalšímu odchovu, zbytek vrhu je pořizen hromadně (pořizuje se počet selat s daným počtem struků). Kvůli zachování dostatečné variability znaku nejsou stanoveny žádné limitní hodnoty pro počet struků. Data individuální evidence selat jsou poté dále využita k evidenci v polním testu produkčních znaků (unifikovaná testace vlastní užitkovosti) a k evidenci individuální spotřeby krmiva. Formulář pořizování dat je na obrázku 1. Základní popis dat struků z dat dostupných k 30. 9. 2018 v databázi Svazu je uveden v tabulce 1.

Obrázek 1. Formulář webové aplikace pro pořizování struků selat

PLEMENNÁ KNIHA ON-LINE SVAZ CHOVATELŮ PRASAT pátek, 31. srpna 2018
Přihlášený uživatel: Logout

CZEPIG KONTAKTY ZDRAVÍ NABÍZÍME PŘEHLEDY **HLÁŠENÍ** SPRÁVA RUTINA

SELATA STRUKY
TEST VU
MĚŘENÍ PRODEJ
KRMENÍ
REPRODUKCE
ZÁKL. STÁDA
GENOTYPY

AKTUALIZACE DB: 28. 8. 2018

Hlášení > Struky > Struky selat - hlášení
Zobrazit pokyny

Matka: 7010924 Datum vrhu: 21. 7. 2018 SŽ ve vrhu: 12 Struky ks: 9

Číslo	Pohl.	Struky	Akce	Počet struků	Počet selat	Celkem selat	Akce
000 2370	3	0808	Edit Vymaž				
000 2371	3	0708	Edit Vymaž	0607	<input type="text"/>	0	Vlož
000 2372	3	0808	Edit Vymaž	0707	<input type="text"/>	1	Vlož
000 2373	3	0808	Edit Vymaž	0708	<input type="text"/>	2	Vlož
000 2374	3	0808	Edit Vymaž	0808	<input type="text"/>	5	Vlož
000 2375	3	0807	Edit Vymaž	0809	<input type="text"/>	1	Vlož
000 2376	3	0707	Edit Vymaž	0909	<input type="text"/>	0	Vlož
000 2377	3	0808	Edit Vymaž				
000 2378	3	0809	Edit Vymaž				
Nové: 2379	<input type="text"/>	<input type="text"/>	Vlož Storno				

Nový počet

Tabulka 1. Popis dat struků v databázi Svazu z dat k 30. 9. 2018.

	Plemeno selete			
	ČBU	ČBU x ČL	ČL x ČBU	ČL
Počet selat	39693	17267	2045	8910
- z toho individuálně pořízená selata	25386	6342	850	7869
Počet matek	2052	1026	169	505
Počet selat na matku	19,3 ± 13,80	16,8 ± 12,71	12,1 ± 11,67	17,6 ± 11,78
Počet otců vrhu	149	63	29	78
Počet hodnocených vrhů	3626	1780	262	827
Počet selat se známými struky ve vrhu	10,9 ± 3,66	9,7 ± 4,30	7,8 ± 4,95	10,8 ± 3,95
Podíl selat se známými struky z živých selat ve vrhu (%)	84,4	73,9	56,6	77,7
Podíl selat podle počtu struků (%):				
- CPS 12	0,10	0,11		0,33
- CPS 13	1,28	3,51	1,03	1,86
- CPS 14	43,90	40,03	38,39	27,54
- CPS 15	27,97	28,95	30,37	30,71
- CPS 16	22,51	23,07	27,82	32,15
- CPS 17	3,41	3,46	1,91	6,08
- CPS 18	0,81	0,85	0,49	1,31
- CPS 19	0,01	0,01		0,01
- CPS 20	0,01	0,01		

II.2.2 Zdrojové soubory a struktura dat

Odhad genetických parametrů a předpověď plemenných hodnot se bude provádět jednoznakovým animal modelem pro celkový počet struků. Je nutné, aby jeden datový soubor obsahoval informace o daném znaku a všech efektech s ním spojených. Odhad genetických parametrů, stejně tak i předpověď plemenných hodnot probíhá společně pro zvířata plemen ČBU a ČL s využitím dat i od recipročních kříženců (ČBU x ČL a ČL x ČBU).

Vstupní soubory dat pro předpověď plemenných hodnot musí mít z důvodu návazností následných programů strukturu uvedenou v tabulce 2.

Tabulka 2. Struktura datového souboru pro odhad plemenných hodnot struků.

Název údaje	Popis	Pozice
Zvire	Číslo zvířete (u individuálních dat AM číslo, u skupinově pořízených dat 9-místné fiktivní číslo začínající číslem 4 a obsahující pořadové číslo zvířete)	1-9
Stádo	Stádo, ve kterém došlo k opasení	10-14
Datum vrhu	Datum vrhu (YYMMDD) – pro tvorbu hys efektu	15-20
Matka	AM číslo matky	21-29
Datum vrhu	Vrh, ze kterého zvíře pochází (YYMM)	30-33
PlemM	Kód plemene matky (pouze ČBU: 1 nebo ČL: 2)	34
PlemO	Kód plemene otce (pouze ČBU: 1 nebo ČL: 2)	35
CPS	Celkový počet struků	36-37

Datový soubor musí být před dalším krokem seříděn podle stáda a data vrhu (sloupce 10-20), od nejstarších po nejmladší.

Rodokmenový soubor *mphm05* obsahuje v každém řádku číslo zvířete, číslo otce (nebo genetickou skupinu otce) a číslo matky (nebo genetickou skupinu matky). Každé má délku 9 znaků.

Pro oddělení genetického vlivu od vlivu prostředí je nutné sloučit zvířata se stejnými nebo velmi podobnými podmínkami prostředí do jedné skupiny a oddělit je od zvířat, která mají odlišné podmínky prostředí. Prostor je určen především chovem (stádem), ve kterém se zvíře nacházelo v době zjištění údaje, a časem (tzn. rokem a obdobím, ve kterém je znak zjištěn). V terminologii se proto používá faktor nebo efekt stádo-rok-období. Jednotlivé skupiny nebo úrovně faktoru se označují jako třídy. Cílem tvorby tříd faktoru stádo-rok-období je co nejvíce zachytit efekty prostředí tak, aby v rámci každé třídy byly rozdíly prostředí minimální a rozdíly mezi třídami v rámci daných možností maximální. Přitom musí být z technických důvodů zajištěno, aby v každé třídě byl dostatečný počet jedinců nebo záznamů.

Protože tvorba tříd podle optimálních principů je velice komplexním procesem, přizpůsobili jsme počítačový program, který je popsán v práci autorů Wolf a kol. (2005), na datovou strukturu údajů popsanou v této kapitole. Program automatizuje proces tvorby tříd stáda-roku-období podle následujících pravidel:

- 1) Minimální počet pozorování ve třídě je 100.
- 2) Délka třídy je minimálně 30 dní (podle data vrhu).
- 3) V případě menšího než minimálního požadovaného počtu dat se třída prodlouží až do dosažení minimálního počtu pozorování a tak, aby sourozenci z jednoho vrhu nebyli rozděleni do 2 tříd.
- 4) V případě menšího než minimálního požadovaného počtu dat v chovu za všechna data, která se zahrnují do odhadu plemenné hodnoty, jsou všechna pozorování pro tento chov zrušena a nejsou dále použita pro odhad plemenné hodnoty.

II.3. Genetické parametry – prvotní analýza

V prvotních analýzách byla k odhadu genetických parametrů CPS využita data z evidence Svazu o strucích zvířat měřených v testu produkční užitkovosti a data z dostupné prvotní evidence šlechtitelských chovů, která byla následně pracovníky Svazu převedena do elektronické podoby. Byla vybrána jenom data, která splňovala následující podmínky: minimální počet všech narozených selat v jednom vrhu byl 4, délka březosti byla v rozmezí od 105 do 125 dnů, minimální věk při prvním oprasení byl 300 dní, maximální pořadí vrhu prasnice byl 10. vrh, věk prasnic pro první až desátý vrh byl v intervalech: 300 – 500 d, 450 – 750 d, 600 – 950 d, 750 – 1 150 d, 900 – 1 350 d, 1 050 – 1 550 d, 1 200 – 1 750 d, 1 350 – 1 950 d, 1 500 – 2 150 d a 1 650 – 2 350 d, mezidobí prasnic bylo v rozmezí od 130 do 300 dnů. Zmíněné podmínky byly stanoveny kvůli zpětné kompatibilitě s již probíhajícím genetickým hodnocením produkčních a reprodukčních znaků prasat. Celkově bylo do analýz zahrnuto 78 867 záznamů o strucích zjištěných v průběhu let 1995–2015; z toho u ČBU bylo evidováno 58 846 údajů a u ČL 19 321 údajů. Výsledný soubor dat byl tvořen spojením obou zdrojů dat (kontrola užitkovosti a prvotní evidence od chovatelů).

Pro zjištění vlivu vybraných faktorů na CPS byl použit program SAS (SAS Institute Inc., 2008), procedury GLM a MIXED. Odhad genetických parametrů proběhl pomocí modelu zvířete, kde jsou do odhadu zahrnuty všechny dostupné informace od příbuzných zvířat v přímé i bočné řadě. Vztahy mezi zvířaty byly v modelu určeny za pomoci matice příbuznosti konstruované z rodokmenového souboru zvířat. Rodokmenový soubor obsahoval 94250 zvířat. Genetické parametry byly odhadnuty pro všechna zvířata v hodnoceném souboru. Byly testovány různé alternativy modelu se zohledněním zdrojů dat a jedno či víceznakových modelů. V tabulce 3 jsou uvedeny podíly variance pro jednoznakový model pro znak CPS v závislosti na zdroji dat. Tabulky 4 a 5 obsahují podíly variancí pro tříznakové a pětiznakové modely.

Tabulka 3. Podíly variancí (\pm standardní chyby odhadů) pro znak celkový počet struků (CPS) v závislosti na použitém zdroji dat pro jednoznakové modely.

	Heritabilita	Vrh, ze kterého zvíře pochází	Reziduální variance
CPS – data z KU	0.29 ± 0.008	0.05 ± 0.004	0.66 ± 0.008
CPS – data z celých vrhů	0.30 ± 0.029	0.04 ± 0.007	0.66 ± 0.025
CPS – všechna data	0.29 ± 0.008	0.04 ± 0.002	0.67 ± 0.007

Tabulka 4. Podíly variancí (\pm standardní chyby odhadů) pro znaky celkový počet struků, podíl libového masa a přírůstek v závislosti na použitém zdroji dat pro tříznakové modely.

data z KU	Heritabilita	Vrh ze kterého zvíře pochází	Reziduální variance
Celkový počet struků	0.30 ± 0.004	0.05 ± 0.003	0.65 ± 0.004
Podíl libového masa	0.31 ± 0.004	0.11 ± 0.003	0.58 ± 0.004
Přírůstek v testu	0.17 ± 0.006	0.27 ± 0.004	0.56 ± 0.005
všechna data			
Celkový počet struků	0.28 ± 0.004	0.04 ± 0.002	0.68 ± 0.005
Podíl libového masa	0.31 ± 0.005	0.11 ± 0.004	0.58 ± 0.005
Přírůstek v testu	0.17 ± 0.004	0.27 ± 0.004	0.56 ± 0.005

Tabulka 5. Podíly variancí (\pm standardní chyby odhadů) pro znaky celkový počet struků, podíl libového masa, přírůstek, celkový počet narozených selat a počet dochovaných selat v závislosti na použitém zdroji dat pro pěti-znakové modely.

data z KU	Heritabilita	Vrh, ze kterého zvíře pochází	Reziduální variance
Celkový počet struků	0.30 ± 0.002	0.05 ± 0.001	0.65 ± 0.003
Podíl libového masa	0.32 ± 0.003	0.11 ± 0.003	0.57 ± 0.004
Přírůstek v testu	0.19 ± 0.005	0.27 ± 0.003	0.54 ± 0.005
Počet všech narozených selat	0.09 ± 0.001	0.06 ± 0.003	0.85 ± 0.001
Počet dochovaných selat	0.07 ± 0.001	0.05 ± 0.009	0.88 ± 0.001
všechna data			
Celkový počet struků	0.30 ± 0.003	0.04 ± 0.009	0.66 ± 0.003
Podíl libového masa	0.31 ± 0.002	0.11 ± 0.002	0.58 ± 0.003
Přírůstek v testu	0.19 ± 0.005	0.27 ± 0.003	0.54 ± 0.004
Počet všech narozených selat	0.09 ± 0.001	0.07 ± 0.001	0.84 ± 0.001
Počet dochovaných selat	0.07 ± 0.001	0.05 ± 0.010	0.88 ± 0.001

Z výsledků je patrné, že zdroj dat (data z kontroly užítkovosti, data od chovatelů a jejich kombinace) ani zvolený model (jednoznakový, tříznakový s produkčními znaky, či pětiznakový s produkčními a reprodukčními znaky) neměly výrazný vliv na hodnoty podílů variancí.

II.3.1 Genetické korelace – prvotní analýza

Pro výběr vhodného modelu byl také důležitý vývoj vzájemných vztahů mezi znakem CPS a již rutinně hodnocenými produkčními a reprodukčními znaky. V tabulce 4 jsou uvedeny genetické korelace mezi těmito znaky. Z výsledků je patrné, že úroveň genetických vztahů mezi znaky je zanedbatelná a CPS je tedy možné hodnotit samostatně jednoznakovým animal modelem.

Tabulka 7. Genetické korelace (r) mezi CPS a ostatními produkčními a reprodukčními znaky.

	Tříznakový model – data z KU	Tříznakový model – všechna data	Pětiznakový model – data z KU	Pětiznakový model – všechna data
$r_{(CPS,PLM)}$	0.013 ± 0.005^a	0.003 ± 0.006	-0.016 ± 0.007^a	0.013 ± 0.003^a
$r_{(CPS,Prir)}$	0.009 ± 0.005	-0.019 ± 0.021	-0.096 ± 0.009^a	0.010 ± 0.003^a
$r_{(CPS,CPNS)}$	-	-	0.006 ± 0.007	-0.010 ± 0.006
$r_{(CPS,PDS)}$	-	-	0.080 ± 0.007^a	0.059 ± 0.007^a

CPS - celkový počet struků, PLM - podíl libového masa, Prir – přírůstek v testu, CPNS - celkový počet narozených selat, PDS - počet dochovaných selat

II. 3. 2 Genetické parametry pro rutinní odhad plemenných hodnot

Pro účely rutinního odhadu plemenných hodnot byly znovu odhadnuty genetické parametry z dostupných dat zadaných prostřednictvím webové aplikace PkOnline (popis dat je uveden v tabulce 1). Genetické parametry byly odhadnuty jednoznakovým modelem uvedeným v kapitole II. 4 společně pro mateřská plemena a jejich reciproční křížence. Větší počet selat ve vrhu, vyšší variabilita CPS způsobená nižší mírou „předselekcí“ dat a zahrnutí efektu plemene selat ovlivnilo odhadnuté genetické parametry oproti prvotním analýzám. Došlo ke snížení heritability o asi 8 %, zvýšení efektu prostředí vrhu o asi 3 až 4 % a zvýšení reziduální proměnlivosti o asi 4 %. Vzhledem k nižšímu objemu dat a nižšímu počtu generací zvířat se známými struky v odhadu genetických parametrů doporučujeme s nárůstem dat struků provést kontrolu odhadu. Odhadnuté genetické parametry jsou uvedeny v tabulce 6.

Tabulka 6. Genetické parametry pro CPS pro rutinní odhad plemenných hodnot.

	Heritabilita	Vrh, ze kterého zvíře pochází	Reziduální variance
Celkový počet struků	0.22 ± 0.016	0.075 ± 0.004	0.71 ± 0.014

II.4. Odhad plemenných hodnot

Předpověď plemenné hodnoty se provádí programem PEST (Groeneveld a kol., 1990). Strukturu modelové rovnice je možné ve zjednodušené podobě popsat následovně:

$$CPS_{jlmn} = \mu + plem_j + hys_l + vrh_m + animal_{jlmn} + e_{jlmn} ,$$

kde: kde: CPS_{jlmn} je naměřená fenotypová hodnota pro celkový počet struků, μ je obecný průměr, $plem_j$ je efekt j-tého plemene, hys_l je sdružený efekt l-tého stáda-období, vrh_m je efekt m-tého vrhu, ze kterého zvíře pochází, $animal_{jlmn}$ je aditivně genetický efekt n-tého zvířete a e_{jlmn} je zbytkový efekt. Všechny efekty kromě aditivně genetického efektu zvířete, vrhu, ze kterého zvíře pochází a zbytkového efektu jsou pevné. U aditivně genetického efektu zvířete se zohledňuje příbuzenská matice, která se v rutinním odhadu bude počítat se zahrnutím genetických skupin.

II.5 Technické provedení odhadu plemenných hodnot

Datový a rodokmenový soubor struků

Při přípravě datového a rodokmenového souboru znaků je nutné přihlídnout ke specifickému způsobu evidence dat struků u hromadně pořizovaných dat. U těchto dat jsou evidovány údaje: identifikace matky, chov vrhu, datum vrhu, počet struků a počet selat. Pro každé sele z daného počtu je nutné vytvořit datovou větu s fiktivním 9-místným číslem selete začínajícím číslem 4 a obsahujícím pořadové číslo selete, počet struků a ostatní požadované údaje.

Evidence selat a jejich struků je pouze pomocnou evidencí databáze Svazu a proto nejsou údaje o jejich původu ve standardní matici příbuznosti. Při exportu dat z databáze je nutné připojit záznamy o původu

všech selat z datového souboru do souboru rodokmenového. Z tohoto důvodu se pro odhad plemenných hodnot struků exportuje speciální rodokmenový soubor a nelze použít standardní rodokmenový soubor využívaný k odhadům ostatních plemenných hodnot!

Před spuštěním odhadu plemenných hodnot se nejprve provede formování hys efektu v datovém souboru (program FORMHYS) a poté kontrola návaznosti datového a rodokmenového souboru a výběr dat rodokmenového souboru (program CheckDatPed). Oba programy jsou napsány v jazyce Fortran90 a tedy po případných úpravách je nutné je překompilovat.

Pro samotný odhad plemenných hodnot se spouští program PEST (Groeneveld a kol., 1990) s příslušným parametrickým souborem, který obsahuje sekce pro načítání vstupních souborů, definici všech vstupních proměnných (znak a všechny efekty), definici modelové rovnice, definici vstupní variačně-kovariační matice genetických parametrů, definici výstupního souboru a zvolenou metodu odhadu.

Vstupní parametrický soubor pro odhad plemenných hodnot znaku CPS:

```
COMMENT
    Materska plemena-celkovy počet struku
RELATIONSHIP
    rel_for animal
    INFILE = 'scr.strukyM'
    OUTFILE = 'pedi.cod' [text]
    undefined '000000000'
    input
        animal    1    9
        m_p      13    9
        f_p      25    9
```

Název údaje	Popis	Pozice
animal	Číslo zvířete (u individuálních dat AM číslo, u skupinově pořázených dat 9-místné fiktivní číslo začínající číslem 4 a obsahující pořadové číslo zvířete)	1-9
hys	Stádo, ve kterém došlo k oprasení	10-20
vrh	Vrh, ze kterého zvíře pochází (AM číslo matky + YYYY vrhu)	21-33
plem	Kód plemene zvířete	34-35
cps	Celkový počet struků	36-37

```
DATA
    INFILE = 'scr.strukyD'
    OUTFILE = 'mphm08b.dcod' [text]
INPUT  VAR_NAME      MAXLEVEL  START_C  VAR_LENHT  DECIMAL ]
    animal      600000      1        9
    hys         10000      10       11
    vrh        300000      21       13
    plem        5         34        2
    cps         0         36        2
```

```
MODEL
    cps      =  hys vrh plem animal
```

```
HYPOTHESIS
    PEV
```

```
TRANSFORMATION
  TREATED_AS_MISSING
  cps          none 0. none
```

```
VE
  0.59441
```

```
VG

  VG_FOR vrh
  0.063069
  VG_FOR animal
  0.18264
```

```
SOLVER
  SMP
  FSPAK
```

```
SYSTEM_SIZE
  total=250000000
  non_zero=55000000
```

```
PRINTOUT
  outfile 'mpht01.lst'
  page = 500000
  output
  cps          (f10.4)
```

Jako metoda odhadu byla zvolena metoda s přímou inverzí matice (SMP, FSPAK), která umožňuje výpočet spolehlivostí a přesností odhadovaných plemenných hodnot.

II.A. Příloha

Součástí metodiky nejsou žádné přílohy.

III. Srovnání novosti postupů

Navržené genetické hodnocení CPS je v podmínkách České republiky zcela nové. Zavedení CPS do rutinní předpovědi plemenných hodnot vychází ze světových poznatků v oblasti šlechtění prasat i z potřeb vyplývajících z genetického vývoje funkčních a reprodukčních ukazatelů populací mateřských plemen v České republice. Celkový počet struků hodnocený v populacích hlavních mateřských plemen dosáhl nízké až střední dědivosti. Dá se tedy předpokládat, že selekcí založenou na plemenných hodnotách pro počet struků dojde v průběhu několika generací ke zvýšení počtu struků v populacích mateřských plemen. Z našich předchozích analýz i z hodnocení jiných autorů vyplývá, že mezi počtem struků a ostatními produkčními a reprodukčními znaky je minimální genetický vztah. Může být tedy hodnocen samostatně, ale i společně s ostatními znaky. Genetické hodnocení CPS umožní zahrnutí tohoto ekonomicky důležitého znaku do komplexního hodnocení zvířat na základě selekčních indexů. Podle dostatečné genetické variability a dědivosti lze tedy předpokládat uspokojivou odezvu na selekci znaku CPS.

IV. Popis uplatnění metodiky

Předkládána metodika tvoří základ pro rutinní předpověď plemenných hodnot zvířat mateřských plemen prasat chovaných v České republice pro znak celkový počet struků. Navrhovaný metodický postup bude využíván Svazem chovatelů prasat z. s., který zabezpečí její zavedení, uplatnění a zveřejnění pro chovatele prasat. Výpočet bude převáděn pravidelně jednou týdně.

V. Ekonomické aspekty

Náklady na zavedení metodiky jsou minimální, veškeré programy pro výpočet genetických parametrů, ekonomických vah a selekčního indexu byly vyvinuty v rámci řešení podpory na rozvoj výzkumné organizace MZE-RO0718 – V001 a jsou distribuovány zdarma. Data použitá pro analýzu jsou již součástí existující databáze. Licencovaný software PEST je už majetkem organizace, která bude provádět odhad plemenné hodnoty.

Konkrétní ekonomický přínos ze zavedení předkládané metodiky se bude projevovat postupně, v průběhu šlechtitelského procesu a bude nepřímý. Selekcí na celkový počet struků dojde ke zlepšení mateřských schopností prasnic a to zejména zvýšením počtu dochovaných selat a vyšší přežitelnosti selat a také zlepšením welfare selat. Případné snížení nutnosti cross-fosteringu nebo využívání mléčných krmných automatů má přímý vliv na ekonomický výsledek podniků.

VI. Seznam citované literatury

- Chalkias, H., Rythmer, L., Lundeheim, N., 2013. Genetic analysis of functional and non-functional teats in population of Yorkshire pigs. *Livest. Sci.* 152, 127–134.
- Groeneveld, E.; Kovac, M.; Wang, T. (1990): PEST, a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. In: *Proc. 4th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Edinburgh, 13: 488-491.
- Krupa, E., Wolf, J., 2013. Simultaneous estimation of genetic parameters for production and litter size traits in Czech Large White and Czech Landrace pigs. *Czech J. Anim. Sci.* 58, 429–436.
- Long, T., Aasmundstad, T., Holm, B., 2010. Genetics of teat quantity and quality in Norwegian Landrace. *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August 1–6, 2010, Leipzig, Germany, Report 867, pp. 4
- Lundeheim, N., Chalkias, H., Rydhmer, L., 2013. Genetic analysis of teat number and litter traits in pigs. *Acta Agric. Scand. A Anim. Sci.* 63, 121–125.
- McKay, R.M., Rahnefeld, G.W., 1990. Heritability of teat number in swine. *Can. J. Anim. Sci.* 70, 425–430.
- Mrode, R.A. (2014) *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values: 3rd Edition*. CABI, 360 p.
- 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, 96–103.
- Wolf J. (2012). Technical note: A general transformation formula for interval traits connected with reproduction in pigs. *J Anim Sci* 90: 3695-3697
- Zhang, S., Bidanel, J.P., Burlot, T., Legault, C., Naveau, J., 2000. Genetic parameters and genetic trends in the Chinese × European Tiemeslan composite pig line: I. Genetic parameters. *Genet. Sel. Evol.* 32, 41–56.

VII. Seznam publikací, které předcházely metodice

- Krupová Z., Žáková E., Krupa E., Michaličková M. (2017). New breeding objectives for the Czech pig population. *Indian Journal of Animal Sciences*, 87 (6): 778–781, June 2017/Short communication.
- Wolfová M., Wolf J., Krupová Z., Krupa E., Žáková E. (2017): Estimation of economic values for traits of pig breeds in different breeding systems: I. Model development. *Livestock Science*. 2017, 205: 79–87.
- Krupa E., Krupová Z., Wolfová M., Žáková E. (2017): Estimation of economic values for traits of pig breeds in different breeding systems: II. Model application to a three-way crossing system. *Livestock Science*. 2017, 205: 70–78.
- Krupa, E., Žáková, E., Krupová, Z., Michaličková, M. (2016) Estimation of genetic parameters for teat number and reproduction and production traits from different data sources for Czech dam breeds. *Livestock Science*, 2016, roč. 191, s. 97-102.
- Krupa, E., Krupová, Z., Žáková, E., Příbyl, J. (2017). Breeding objectives for dam pig breeds of the Czech national breeding program based on reproduction traits. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, 82, 3, 245-248
- Krupová Z., Krupa E., Wolfová M., Wolf J., Žáková E. (2016): EWPIG – a program to calculate economic weights of traits in pigs. *Book of Abstracts of the 67-th Annual EAAP Meeting, Belfast, UK, August 29 - September 2, 2016, session 48, poster 13, p. 444.*
- Krupa, E., Žáková, E., Krupová, Z., Michaličková, M. (2016). Genetické parametry počtu struků u mateřských plemen prasat. *Náš chov*, 2016, roč.76, č. 7, s. 44-46
- Krupa, E., Žáková, E., Krupová, Z. (2016). A main factors affecting average number of teats in pigs. 2016, In *Acta fytotechnica et zootechnica* , Spec.Issue, Nitra : Slovak University of Agriculture, s. 109-111.

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

Název: Genetické hodnocení počtu struků prasat

Autoři: Ing. Emil Krupa, Ph.D. (50%)
Ing. Eliška Žáková, Ph.D. (35%)
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (15%)

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

Ing. Zdeňka Majzlíková
Česká státní plemenářská inspekce, Praha

ISBN 978-80-7403-195-3

Vydáno bez jazykové úpravy.

Metodika je výsledkem řešení podpory na rozvoj výzkumné organizace MZE-RO0718 - V001

© 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