

Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Katedra genetiky a šlechtění



Inbrední deprese u dojeného skotu

Diplomová práce

Autor práce: Bc. Michala Hofmannová

Vedoucí práce: prof. Ing. Josef Příbyl, DrSc.

**Odborný konzultant: Ing. Petr Pešek a
Ing. Emil Krupa, Ph.D.**

© 2017 ČZU v Praze

Čestné prohlášení

Prohlašuji, že svou diplomovou práci "inbrední deprese u dojeného skotu" jsem vypracovala samostatně pod vedením vedoucího diplomové práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce. Jako autorka uvedené diplomové práce dále prohlašuji, že jsem v souvislosti s jejím vytvořením neporušil autorská práva třetích osob.

V Praze dne 13. dubna 2017

Poděkování

Děkuji touto cestou svému vedoucímu diplomové práce prof. Ing. Josefu Příbylovi, DrSc. za jeho vedení, konzultace, věcné připomínky, pomoc při řešení problémů vzniklých při výpočtech a motivaci. Dále děkuji konzultantovi Ing. Petru Peškovi za věcné rady při zpracování dat a vytváření efektů do modelové rovnice. Mé díky patří také Ing. Emilu Krupovi, Ph.D. za nápomoc a rady při vytváření rodokmenů a koeficientu příbuzenské plemenitby a za poskytnutí potřebných počítačových programů pro výpočet koeficientu inbríding. Dále děkuji Svazu chovatelů holštýnského skotu za pečlivé zaznamenávání dat, společnosti Plemdat s.r.o. za poskytnutí dat, díky kterým celá práce vznikla a Výzkumnému ústavu živočišné výroby v Úhřetěbsku za možnost spolupráce a využití místní techniky. V neposlední řadě také děkuji blízkým přátelům, rodině a především mému partnerovi za podporu, důvěru, pomoc a trpělivost.

Inbrední deprese u dojeného skotu

Souhrn

Modelová rovnice pro plemennou hodnotu plodnosti dojeného skotu není jednotně celosvětově stanovena. Modely jednotlivých zemí se liší jak ve vlastnostech, které jsou hodnoceny, tak v efektech, kterými jsou zohledněny, efekt inbrídingu nebývá v modelech vůbec zahrnut. Snahou této práce bylo zvolit jiný model, než který byl obecně přijat a zvolen pro Českou republiku a kterým zpracovává a vyhodnocuje data Plemdat s.r.o. V České republice probíhá výpočet plemenné hodnoty pro binární záznam zabřeznutí krav a jalovic zvláště v jednoznakovém BLUP animal modelu. Byl vyzkoušen dvouznakový model se zahrnutím efektu inbrídingu, kdy jedním znakem bylo binární zaznamenání zabřezla/nezabřezla pro krávy a druhým znakem pro jalovice. Nejdříve bylo metodou nejmenších čtverců ověřeno několik modelových rovnic.

Koeficient inbrídingu se pohyboval od 0 do 45 %. Průměrný inbríding vzrostl z původního 1 % z roku 1996 na necelých 5 % v roce 2013. Nejvhodnějším modelem byla vysvětlena plodnost jalovic z 22,06 % a u krav z 33,25 %. Přestože byl efekt inbrídingu statisticky významným, koeficient determinace tímto nebyl výrazně ovlivněn. Na základě rozptylů a kovariancí zjištěných metodou gibbs sampling byly vytvořeny tři matice vstupující do výpočtu animal modelu. Nejvhodnější model byl poté spuštěn metodou BLUP, a to opět na datech bez inbrídingu a s inbrídingem. Byl prokázán záporný vliv inbrídingu na plodnost krav i jalovic, plemenné hodnoty vychází při zohlednění efektu inbrídingu s menší směrodatnou odchylkou a jsou tak méně proměnlivé.

Použitím dvouznakového modelu bylo prokázáno, že je plodnost jalovic a krav rozdílná. Korelace mezi jalovicemi a kravami je střední $r=0,56$. Dědivost pro plodnost krav $h^2=0,0199$ s opakovatelností 6 % je vyšší než dědivost u jalovic $h^2=0,0130$ s opakovatelností 7 %. Tyto výsledky koeficientu dědivosti jsou nižší, než jaké používá Plemdat s.r.o. Oproti modelu Plemdat je v práci zahrnut také náhodný efekt trvalého prostředí, který je významnější než genetický efekt jedince. Proměnlivost plodnosti z hlediska genetického efektu je vysvětlena z 1,30 % u jalovic a 1,99 % u krav, ale vysvětlení proměnlivosti trvalým prostředím je u jalovic z 5,67 % a u krav ze 4,09 %. Korelace mezi inbrední a neinbrední plemennou hodnotou je rovna 0,99.

Klíčová slova: Plodnost, inbríding, inbrední deprese, dojený skot

Inbreeding depression in dairy cattle

Summary

The model equation breeding value for the fertility of dairy cows is not uniformly defined worldwide. The models used in each country are proportionately different in their values and the effects of this need to be taken into consideration with the side effect of inbreeding not included within any models. The aim of this study was to select a model that is not generally accepted and voted for by the Czech Republic or evaluated for fertility by Plemdat Ltd. In the Czech the breeding value (binary gestation record) is calculated for cows and heifers using a single trait BLUP animal model. Two-traits model have been tested with the inclusion of the inbreeding effect, where one character had a pregnant/non-pregnant binary record for cows and the other had the same character for heifers. Firstly several models were verified using the least squares method.

The inbreeding coefficient in Holstein population ranged from 0 to 45 % with the average inbreeding increasing from 1 % in 1996 to almost 5 % in 2013. The best model showed an increase in the fertility of heifers by 22.06 % and 33.25% for cows. The effect of inbreeding was statistically significant, but the coefficient for determination was not markedly affected. Thanks to the variance and covariance identified by gibbs sampling where three entering matrixes were used to calculate the animal model - the most suitable model with and without inbreeding was run twice by BLUP. A negative impact for the fertility of heifers and cows was found from inbred breeding values but these breeding values have a smaller standard deviation.

The two-traits model demonstrates the difference between heifers and cows fertility. Correlation between heifers and cows is medium with a value $r=0.56$. Heritability for cows fertility is $h^2=0.0199$ with 6 % repeatability. For heifers the fertility heritability was $h^2=0.0130$ and repeatability 7%. These results are lower than in Plemdat Ltd. The model in this study included a random effect from a permanent environment, which is more important than the animal genetic effect. The explanation of variability by the permanent environment for heifers is 5,67 % and for cows 4.09 % - that is more than heritability. The correlation between inbreeding and non-inbred breeding values is 0.99

Keywords: Fertility, inbreeding, inbreeding depression, dairy cattle

Obsah

1 Úvod	1
2 Cíl práce	2
3 Literární přehled	3
3.1 Šlechtění dojeného skotu	3
3.1.1 Plemenná hodnota	3
3.1.2 Odhad plemenné hodnoty	4
3.2 Plodnost	9
3.2.1 Výpočet plemenné hodnoty pro plodnost v jednotlivých zemích.....	13
3.3 Inbríding	24
3.3.1 Inbrední deprese.....	27
3.3.2 Vliv inbrídingu na plodnost	29
3.3.3 Zahnutí inbrídingu při výpočtu plemenné hodnoty	32
4 Materiál a metody	33
4.1 Vstupní data a jejich úprava	33
5 Výsledky	37
5.1 Popisná statistika	37
5.1.1 Soubor s užítkovostmi	37
5.1.2 Inbríding.....	38
5.2 Výsledky metody nejmenších čtverců pro pevné efekty	41
5.3 Výsledky složek rozptylu	46
5.4 Výsledky z BLUP animal modelu	47
6 Diskuze	71
6.1 Modelová rovnice a efekty v ní zahrnuté	71
6.2 Výsledky	72
6.3 Možné chyby a další doporučení	73
7 Závěr	75
8 Seznam použité literatury	76
9 Seznam použitých symbolů a zkratk	83
10 Přílohy	I
10.1 Příloha 1: Hlavní úprava dat, vytvoření rodokmenu a konečného souboru s plodností	I
10.2 Příloha 2: Výstup z programu CFC	XI
10.3 Příloha 3: Metoda nejmenších čtverců pro krávy bez a s inbrídingem	XVIII
10.4 Příloha 4: Metoda nejmenších čtverců pro jalovice bez a s inbrídingem	XX

10.5	Příloha 5: Metoda nejmenších čtverců pro různě vysoký stupeň inbredního koeficientu.....	XXII
10.6	Příloha 6: Zpracování složek rozptylu a výpočty korelací, dědivosti, opakovatelnosti.....	XXVII
10.7	Příloha 7: Parametrový soubor vstupující do programu Blupf90 s efektem inbrídingu.....	XXIX
10.8	Příloha 8: Parametrový soubor vstupující do programu Blupf90 bez efektu inbrídingu.....	XXX
10.9	Příloha 9: Zpracování výsledků z programu BLUPf90.....	XXXI
11	Seznam příloh	XL

1 Úvod

Šlechtění dojeného skotu je zaměřeno především na zvýšení nádoje a zlepšení jednotlivých složek mléka. Při selekci na množství mléka klesají reprodukční vlastnosti plemenic, které jsou v současné době nejčastějším důvodem vyřazení krávy ze stáda. Umělou inseminací byl počet býků výrazně omezen, díky tomu se snížil efektivní počet býků a klesla genetická rozmanitost jedinců, spolu s tím začalo narůstat procento příbuzenské plemenitby. Na snížení plodnosti plemenic má podíl jednak inbríding, ale také stres, klima, výživa, kvalita vajíček a embryí či nástup luteální fáze po uvolnění vajíčka. Jelikož je plodnost nízké dědivá, je obtížné cíleně vybírat jedince tak, aby reprodukční schopnosti plemenic narůstaly.

Rozdíly v odhadu plemenné hodnoty v jednotlivých zemích jsou jak ve znacích, které jsou odhadovány, tak ve způsobu, jakým jsou předpovídány. Některé země používají pro odhad jednoznakový, jiné země víceznakový animal model. Česká republika jako jediná používá pro odhad plodnosti záznam binárního rozdělení zabřezla/nezabřezla. Ostatní země kombinují další vlastnosti s plodností spojené, jako je servis perioda, inseminační interval, časový úsek od první po poslední úspěšné inseminace, podíl nepřeběhlých plemenic za 56 dní či mezidobí. Všechny země používají k odhadu plemenné hodnoty pro plodnost efekt stádo-rok-období, rozchází se ale v názoru, zda brát efekt jako pevný, či náhodný, dále jsou do modelové rovnice použity efekty inseminační technik, připouštěný býk, věk při inseminaci nebo věk při otelení. Některé země navíc do odhadu zapojují také genomické informace o heterózi či rekombinaci. Efekt inbrídingu používají ve svém modelu USA.

Inbríding neboli příbuzenská plemenitba způsobuje snížení heterozygotních sestav genů, vzrůstá tak homozygotnost celého genomu zvířete. Koeficient inbrídingu lze určit výpočtem podle výskytu jedinců v rodokmenu, nebo určením alel, identických původem. S každým rokem se inbríding v populaci dojeného skotu zvyšuje, v České republice byl za 17 let zvýšen v populaci holštýnského skotu z původního 1 % na skoro 5 %.

Z důvodu rozsáhlých záznamů a rodokmenů je poměrně snadné vyjádřit koeficientu inbrídingu. S nástupem a dostupností SNP čipů je výhodné je použít k nalezení sekvencí DNA, které jsou spojené s plodností a také k nalezení homozygotních úseků, které jsou celé předávány z rodičů na potomky. Využití genomiky by mohlo výrazně zpřesnit koeficient příbuzenské plemenitby u jednotlivých plemenic a použití těchto informací k další selekci zvířat zvýšit genetický zisk. Inbríding má ze studií autorů prokazatelně negativní vliv na inseminační interval, servis periodu, mezidobí, zabřezávání plemenic, kvalitu a vývoj embryí i na životaschopnost embryí.

2 Cíl práce

Hypotéza:

Inbrední deprese má nežádoucí vliv na plodnost. Zohledněné inbrední deprese při předpovědi plemenné hodnoty umožní lepší vysvětlení proměnlivosti plodnosti a lepší předpovědi plemenných hodnot.

Cíl práce:

Cílem práce je zohlednit inbrední depresi při stanovení plemenné hodnoty dojeného skotu.

3 Literární přehled

3.1 Šlechtění dojeného skotu

Cílem šlechtění zvířat je soustavné zlepšování efektivity ekonomiky chovu a zvyšování genetických schopností zvířat. Z toho důvodu je za potřebí předpověď užitkovosti kříženců a genetického zisku (Kulovaná, 2001), který se udává buď za jednu generaci (Jakubec et al., 2010) nebo za rok při podělení genetického zisku generačním intervalem (Jakubec et al., 2003). Dosahovaný genetický zisk předem určuje, jak úspěšná bude daná chovatelská společnost v porovnání s ostatními a je ovlivněn intenzitou selekce, metodami hodnocených zvířat – jako jsou metody odhadu plemenné hodnoty a hodnocení jednotlivých vlastností – a rychlostí s jakou bude žádoucí gen předán dál. Vše je podmíněno také finančními nároky na šlechtění, a proto je potřeba, aby byla výsledkem šlechtění také návratnost vstupujících peněz a ekonomický zisk. Výška genetického zisku je úzce spjatá s výnosovými cenami, za které může chovatel vyvážet zvířata, sperma či zárodky do zahraničí (Kulovaná, 2001).

Genetický zisk je výsledkem odezvy na selekci, proto se též označuje jako selekční pokrok. Výběr jedinců do další plemenitby není možné provádět jen na základě fenotypu, který je zjišťován v kontrole užitkovosti, ale též na základě dědičného založení, jež je vyjádřeno plemennou hodnotou (Jakubec, et al., 1999).

3.1.1 Plemenná hodnota

Pro narození potomků se obecně vybírají rodiče s dobrým genetickým založením, s tím roste pravděpodobnost narození následného potomstva, které bude vykazovat též dobré genetické založení, to je vyjádřeno obecnou plemennou hodnotou (PH). Plemennou hodnotu však nelze měřit přímo, leda by byl koeficient dědivosti roven jedné nebo by se vyskytoval jedinec, u kterého by byly dosažitelné měřené vlastnosti u jeho nekonečně velkého počtu potomků. Ani jeden případ není možný, proto se plemenná hodnota pouze odhaduje a to na základě informací, které s plemennou hodnotou korelují. Jedná se o informace o projevu vlastností, které jsou získávány na základě vlastní užitkovosti či užitkovosti příbuzných anebo skupin příbuzných jedinců jako jsou rodiče, prarodiče, sourozenci, polosourozenci a potomci. Plemenná hodnota je výrazem aditivního působení genů, může být odhadnuta z fenotypově měřitelných hodnot, ovšem fenotyp je kromě aditivního působení genů ovlivněn také efekty dominance, interakce a prostředí. Pokud chováme jedince ve stejném prostředí a ve stejných

podmínkách, lze hovořit o nesystematických prostřed'ových efektech, kromě nich na zvířata působí i systematické prostřed'ové efekty jako například stádo, plemeno, linie atd. (Jakubec et al., 1999)

Plemenná hodnota může být vyjádřena jako odchylka užitkovosti potomků od populačního průměru, nebo může být vyjádřena v absolutních jednotkách. Na rozdíl od průměrného efektu genu, který je vlastností genů a populace, je plemenná hodnota vlastností jedince a populace, nelze tedy plemennou hodnotu vyjádřit, aniž by byla specifikována populace, ve které dochází k páření (Jakubec et al., 2012).

3.1.2 Odhad plemenné hodnoty

Pokud je odhadována plemenná hodnota jedince na základě vlastní užitkovosti, pak je za předpokladu lineární regrese mezi skutečnou PH a fenotypovou hodnotou rovna koeficientu dědivosti. Pokud je plemenná hodnota odhadována na základě znalosti jedné informace, bude regresní koeficient vždy menší než 1, jelikož je odchylka fenotypových hodnot od průměru ovlivněna kromě plemenných hodnot také kladnými a zápornými odchylkami prostředí. Přesnost odhadu plemenné hodnoty je korelace mezi fenotypovou a plemennou hodnotou, platí vztah, že čím vyšší je kovariance mezi fenotypovou a plemennou hodnotou, tím je odhad plemenné hodnoty odvíjen na základě hodnot fenotypových. Odhad plemenné hodnoty na základě jedné vlastnosti a jedné informace se v dnešní době již téměř nepoužívá, jelikož jsou známy promyšlenější a postupy lépe propracované (Jakubec et al., 1999).

METODY ODHADU PLEMENNÉ HODNOTY (Jakubec et al., 1999)

Metody pro odhad plemenné hodnoty na základě jedné vlastnosti a jedné informace

- Odhad na základě vlastní užitkovosti
- Odhad na základě jednoho příbuzného jedince
 - Například odhadnutí plemenné hodnoty mléčné užitkovosti jalovice na základě informací o mléčné užitkovosti její matky.

Metody pro odhad plemenné hodnoty na základě jedné vlastnosti a více informací

- Odhad na základě plemenných hodnot jedinců
- Odhad na základě více zdrojů informací
- Odhad pomocí skupin příbuzných jedinců

- Spadají sem především potomci a sourozenci/polosourozenci plemeníka.

Odhad plemenné hodnoty na základě více vlastností

Je využito zdrojů informací o více užitkových vlastnostech a o více příbuzných jedincích. Je vytvořen selekční index (v peněžních jednotkách), díky kterému je odhadnuta celková plemenná hodnota s maximální přesností. Celková plemenná hodnota je lineární funkce skládající se z ekonomických hodnot a dílčích plemenných hodnot jednotlivých užitkových vlastností.

Odhad plemenné hodnoty pomocí metody BLUP

Selekční indexy nedovedou odhadnout plemennou hodnotu nevychýleně, proto je výhodnější metoda BLUP. Výhodou BLUP je, že lze pomocí lineárních modelů se smíšenými efekty odhadnout jak efekty pevné, tak efekty náhodné (Jakubec et al., 1999). B = best = nejlepší - vytváření nevyšší možné korelace mezi skutečnou a odhadovanou plemennou hodnotou nebo nejnižší možné předpovědi rozptylu chyby, L = linear = lineární – odhady jsou lineární funkcí pozorování, U = unbiased = nevychýlená – objektivní odhad z hodnot pro náhodné proměnné a pevné efekty, P = prediction = předpověď skutečné plemenné hodnoty (Mrode et Thompson, 2005).

Vedle plemenné hodnoty, jež se vyjadřuje v jednotkách pro danou vlastnost, se určuje také RPH neboli relativní plemenná hodnota, která je v České republice a Německu standardizovaná s průměrem 100 a směrodatnou odchylkou 12. Žádoucí vlastnost je vždy vyjádřena hodnotou nad 100 (vyšší dlouhověkost, nižší počet somatických buněk, snazší porody, lepší zabřezávání atd.) (GGI, 2017).

U dojeného skotu je v ČR odhadována plemenná hodnota pro tyto ukazatele:

- **Mléčná užitkovost**

Do výpočtů jsou zařazovány první tři laktace případně kontrolní dojení za předpokladu známých složek mléka. Do hodnocení jsou zařazeny krávy, které mají mezidobí nulové nebo minimálně 210 dní a servis periodu alespoň 17 dní. Pro výpočty je použito jednoznakového vícelaktačního BLUP animal modelu s náhodnou regresí a záznamy o mléku z jednotlivých kontrolních dnů.

Do modelové rovnice pro nádoj spadá pevný efekt stáda-datum kontroly na dané laktaci, koeficient pevné regrese pro laktaci, koeficient náhodné regrese k efektu zvířete na dané laktaci, koeficient náhodné regrese pro efekt trvalého prostředí krávy na dané laktaci, regresor odvozený od laktačního dne (tím jsou násobeny všechny regrese – fixní i náhodné) a reziduální efekt pro daný kontrolní den, danou krávu, regresní skupinu na pořadí laktace

ve stádě-datu kontroly v den laktace. Všechny tři regrese používají regresi Legendrova polynomu 4. stupně.

Výsledná plemenná hodnota je průměr plemenných hodnot za jednotlivé laktace. Je určena také přesnost odhadu plemenné hodnoty býka, která se zvyšuje s počtem dcer býka (Plemdat, 2016).

- **Množství somatických buněk**

Pro zpracování výsledků somatických buněk je použito test day modelu jako pro znaky mléčné užitkovosti, za použití shodných výběrových kritérií i modelové rovnice. Do hodnocení jsou brány kontroly, u kterých je na 1 ml od 13 do 9999 tis./ml. Záznam musí být alespoň u 80 % sledovaného stáda.

Z průměrných plemenných hodnot pro jednotlivé laktace jsou vypočteny celkové plemenné hodnoty, ty jsou převedeny na RPH, které jsou uveřejněny. Je stanovena přesnost odhadu PH býka za použití průměrného efektivního počtu dcer z prvních laktací. Publikovány jsou pouze RPH (Plemdat, 2016).

- **Exteriér**

Býci jsou hodnoceni na základě lineárního popisu prvotek. Modelová rovnice pro jednoznakový BLUP animal model zahrnuje pevný efekt stádo-rok, měsíc hodnocení-klasifikátor, pevný efekt klasifikátora, věk krávy při otelení ve dnech násobený odhadovanými regresními koeficienty, počet dnů od otelení do hodnocení násobený odhadovanými regresními koeficienty, náhodný efekt zvířete a zbytkovou chybu.

Pro náhodný efekt zvířat je předpokládána korelace mezi všemi zvířaty, původy jsou u každého jedince do poslední známé generace. Náhodný efekt zvířete je odhadnutou plemennou hodnotou. Plemenné hodnoty jsou pro býky publikovány pouze jako RPH (Plemdat, 2016).

- **Plodnost**

Plemenná hodnota pro plodnost je stanovena zvlášť pro plemeno H (holštýnský skot) a plemeno C (český strakatý skot). Jsou zde vyhodnocovány všechny inseminace starší tři měsíců (po diagnostice březosti). Nejsou sem zahrnuty údaje starší než z roku 1995, rovněž zde nejsou zařazeny údaje z embryotransferu. Do vyhodnocení zasahují pouze pozorování za první tři laktace a první tři inseminace. Do vyhodnocování nejdou plemenice, které nebyly vyšetřeny na březost nebo se vyskytovaly v období ± 16 dnů okolo inseminace s býkem na pastvě. Do hodnocení se nezařazují ani inseminace sexovaným spermatem. Původy jsou sestaveny na 4 generace, pátá generace či chybějící předci jsou nahrazeni genetickými skupinami.

Pro odhad plemenné hodnoty jsou brány samostatně výsledky zapouštění jalovic a výsledky zapouštění krav. Je použit model ST-BLUP-AM. A jsou použity následující efekty pro jalovice: stádo-rok-období inseminace, stádo-rok-období narození, pořadí inseminace, věk při vyhodnocované inseminaci, inseminační technik-rok zapaštění, jedinec (odhad PH plodnosti dcer), připářený býk (odhad PH vlastní plodnosti býka). Použité efekty pro krávy: stádo-rok-období inseminace, stádo-rok-období předcházejícího otelení, pořadí inseminace, věk při prvním otelení, pořadí laktace, interval od otelení do inseminace, relativní užitkovost za prvních 100 dní ve stádě, inseminační technik-rok zapaštění, jedinec (odhad PH plodnosti dcer), připářený býk (odhad PH vlastní plodnosti býka).

Do pevného efektu stádo-rok-období inseminace je brán jako období jednotlivý kalendářní měsíc, v efektu musí být alespoň dvě inseminace plemenic po různých otcích a alespoň dvě inseminace provedené semenem různých býků (mohou zde být tedy i jen dva záznamy za splnění obou podmínek). V pevném efektu stádo-rok-období narození vystupuje období jako dvou měsíční úsek v daném roce, rovněž tomu je i u pevného efektu stádo-rok-období předchozího otelení. Z důvodu nahodilosti nejsou do pevného efektu pořadí inseminace zohledňovány reinseminace. Věk při vyhodnocované inseminaci je také pevným efektem a je rozdělen do 13 tříd podle dnů a rozpětí mezi nimi. Do 13 tříd je rozdělen i věk při prvním otelení a to podle dnů a jejich rozmezí. Interval od otelení do provedené inseminace je též rozdělen podle rozsahu dní do 13 tříd. Efekt užitkovosti krav ve 100 denní laktaci je též formou tříd a to v závislosti na užitkovosti krávy oproti průměrné roční užitkovosti ve stádě, je uveden v procentech, do poslední osmé třídy spadají plemenice s neznámou užitkovostí. Jedinec je efektem náhodným a to s plným původem na 4 generace a genetické skupiny. Z tohoto efektu se vypočte PH pro plodnost dcer, je vypočtena dědivost h^2 , která činí pro krávy 0,044 a pro jalovice 0,039. Připářený býk je rovněž náhodným efektem s maticí plné příbuznosti na 4 generace, dědivost efektu je zde ve výši 0,015. Technik-rok inseminace je též efektem náhodným.

Plemenná hodnota je pro býka odhadnuta na jalovicích a na kravách, pokud jedna z obou chybí, není stanovena PH na plemenicích, v opačném případě se stanoví plemenná hodnota pro plemenice jako vážený průměr, kde se jako váhy berou efektivní počty inseminací na jalovicích a na kravách. PH je pak přepočtena na RPH. Výsledky jsou publikovány, pokud je vyhodnoceno na býka alespoň 20 inseminací, ověřuje se samostatně pro jalovice, pro krávy, pro vlastní plodnost a pro plodnost dcer. Kromě PH a RPH se uveřejňuje i počet inseminací použitých pro odhad PH, efektivní počet a přesnost odhadu stanovené PH (Plemdat, 2016).

- **Obtížnost porodů**

Pro hodnocení obtížnosti porodu jsou použita data za prvních šest porodů, věk při prvním otelení musí být v rozmezí od 640 do 1150 dnů a narozené tele musí mít průkaz původu. Do výpočtu jsou zahrnuta i mrtvě narozená telata, pokud je délka březosti 260 – 299 dnů. Nejsou zde zahrnuty vícečetné porody ani porody po přenosu embryí. V případě, že je v daném kalendářním roce 97 % a více stejných hodnocení porodů, není tento rok do výpočtů zahrnut.

Odhad PH je za pomoci víceznakového animal modelu s maternálním efektem. Obtížnost porodu při prvním otelení je brána jako samostatný znak, ostatní otelení jsou pak druhým znakem s opakováním. Narozené tele a otelená kráva jsou dva nezávislé náhodné efekty se svými samostatnými maticemi příbuznosti. Stádo-rok-období (SRO) je třetím náhodným efektem, do sezóny spadají vždy tři měsíce typické pro roční období. Mezi pevné efekty pak patří pohlaví telete – pořadí laktace (9 skupin: býček/jalovička/mrtvé tele za 1. otelení/2. otelení/vyšší laktaci) a věk při porodu – pořadí laktace (7 skupin). Za danou sezónu je požadováno minimálně 30 porodů, v opačném případě se do sezóny zahrne další čtvrtletí, maximálně však do 12 měsíců, pokud ani za 12měsíční období není 30 porodů, minimálním požadavkem je počet porodů 20, pokud jich je méně, nejsou data do výpočtu zahrnuta.

Každý býk má vypočteny 4 hodnoty, dvě pro maternální efekt – za první a vyšší otelení a dvě pro přímý efekt. Tyto 4 plemenné hodnoty jsou převedeny na RPH. Pro uveřejnění musí mít býk záznam o alespoň 10 porodech (Plemdat, 2016).

- **Dlouhověkost**

Funkční dlouhověkost neboli délka produkčního života je brána od prvního otelení do vyřazení z kontroly užítkovosti (KU) nebo do aktuálního data v případě stále žijící krávy. Do hodnocení jsou zařazovány krávy z kontroly užítkovosti, u nichž známe datum narození a datum prvního otelením (nejdříve 1. 1. 1992). 1. otelení musí proběhnout v rozmezí 500 – 1200 dnů. Otcové musí být zapsáni v plemenné knize, nejsou hodnoceni býci z přirozené plemenitby.

Je vyhodnocován nelineární jednoznakový otcovský model s příbuzností k otci a k otci matky za použití programového balíku Survival kit, pracujícího s jednorozměrnými modely úměrného rizika. Do modelové rovnice jsou zahrnuty tyto pevné efekty: věk při prvním otelení, pořadí laktace v 8 třídách (do třídy 8 zahrnuty i laktace vyšší jak 8.), stádo-rok-sezóna, odchylka fenotypové užítkovosti krávy od průměru stáda (7 tříd pro mléko, 7 tříd pro tuk a 7 tříd pro bílkoviny), stav krávy ve stádě (6 tříd podle velikosti

stáda). Je zde jediný náhodný efekt a tím je otec krávy (pouze býci mající 5 a více dcer). Příbuznost mezi býky je dána příbuzností mezi hodnoceným býkem, jeho otcem a otcem jeho matky.

Plemenná hodnota vyjadřuje výši rizika, že bude dcera daného býka vyřazena, se spolehlivostí odhadu je uveřejněna RPH a dědivost (Plemdat, 2016).

Samostatnou složkou jsou odhady genomických plemenných hodnot (gPH), sem jsou zařazena zvířata, u nichž je genotyp ve formátu Illumina BovineSNP50 v1 nebo v2 (jiný formát snižuje spolehlivost a je problematičtější z důvodu menšího počtu SNP použitelných pro výpočet). gPH se publikuje jen pro býky a opět se stanovuje pro mléčnou užitkovost, somatické buňky, exteriér, plodnost a dlouhověkost. Rovněž je použit genomický selekční index (Plemdat, 2016).

3.2 Plodnost

Jelikož je výzkum zaměřen na holštýnský skot, jenž je v České republice nejvíce zastoupen v rámci dojeného skotu, následující informace jsou vztahovány především k tomuto plemenu.

Plodnost a další parametry reprodukce většiny stád byly zhoršeny z důvodu selekce na mléčnou užitkovost (Brade, 2016). Za poslední desetiletí byl pozorován dramatický pokles reprodukčních funkcí u holštýnského skotu, problémy s reprodukcí se tak staly nejčastějším důvodem k vyřazení z chovu (Muller et al., 2017). Selekcce na mléčnou užitkovost zhoršuje zdraví holštýnského skotu a není proto vhodné mít u tohoto plemene jednotný chovný cíl na nárůst mléčné užitkovosti (Brade, 2016). Velmi častými zdravotními vadami jsou cystická onemocnění vaječníků, zpoždění říje a ovulace po otelení, méně výrazná říje a se vším spojená snížená míra zabřezávání. Vedle selekce na mléčnou užitkovost má nepříznivý vliv na plodnost mnoho dalších činitelů, je potřeba věnovat pozornost také kvalitě oocytů a embryí (Schneiderová, 2005). Jako ukazatel plodnosti jsou ostatními zeměmi obvykle používány nepřeběhlé plemenice, které do 56 dní od inseminace nemají říji, délka mezidobí, servis perioda, interval od první inseminace do zabřeznutí a další (Interbull, 2006).

Současným úsilím šlechtitelů je intenzivní genetická selekce na množství a kvalitu mléka způsobující zhoršení reprodukčních schopností, cílem by ale mělo být vyhledávání oblastí a variant v genomu, které ovlivňují plodnost a začlenit tyto poznatky do selekčních kritérií. Tím se zabýval Nayeri et al. (2017), jehož snahou bylo najít v genomu pomocí SNP oblasti

spojené s perzistencí laktace, plodností krav, dlouhověkostí a indexem celoživotního zisku. Pro plodnost nebyla žádná oblast jasně stanovena a nalezena, ovšem byly nalezeny nové genomové oblasti pro dlouhověkost, perzistenci laktace a pro index celoživotního užítku, které by mohly být začleněny pro další selekci. Avšak Hax et al. (2017) ve své studii objevil vliv polymorfismu STAT5A BstEII na první otelení v intenzivním chovu holštýnského skotu, nepřítomnost tohoto genu způsobuje pozdější první otelení. Doporučuje proto sekvenci tohoto genu zahrnout mezi molekulární markery pro genetickou selekci na zlepšení reprodukčních schopností holštýnského skotu. Muller et al. (2017) se pokoušel nalézt na celém genomu holštýnského skotu úseky DNA, které by byly spojené s nepříznivým vlivem na plodnost. Pomocí celogenomového sekvenování (pomocí Illumina SNP čipů), za kombinace vazbové nerovnováhy a analýzy vazeb byla vyhodnocena otelení a odhady plemenných hodnot pro znaky plodnosti (interval od první inseminace do zabřeznutí pro jalovice a krávy, podíl nepřeběhlých jalovic a krav za 56dní, inseminační interval, servis perioda, maternální a paternální obtížnost porodů a maternální a paternální životaschopnost embryí). Do smíšeného lineárního modelu byly zahrnuty náhodně vybrané lokusy ovlivňující kvantitativní znaky (QTL) a účinek polygenů. V celém genomu bylo nalezeno 50 významných QTL a z nich byly nalezeny nejvýznamnější úseky přímo spojené s otelením, všechny tyto úseky se nachází na chromosomu 18. Detekcí těchto QTL lze lépe předpovědět plodnost u holštýnského skotu.

Většina typických parametrů reprodukčních vlastností je velmi nízkce dědivá – dědivost se u krav pohybuje v rozmezí 2 – 3,5 % a u jalovic 1 – 2 % (Weller et Ron, 1992). Cílem je proto najít ukazatele, které by vykazovaly vyšší heritabilitu, tu vykazuje luteální aktivita po otelení a stanovuje se hladinou progesteronu v mléce. Hraniční hodnotou progesteronu v mléce je dle Luttgenau et al. (2016) 0,2 ng/ml mléka, autor také našel záporný vliv snížené tělesné kondice a zvýšeného množství neesterifikovaných mastných kyselin v krevním séru po 28. dni po porodu na nástup luteální aktivity a schopnost zabřeznout.

Dědivost odhadoval také Liu et al. (2008), jeho snahou bylo vytvořit genetický hodnotící systém, který byl pro odhad pěti vlastností plodnosti a to: interval od první inseminace do poslední úspěšné inseminace jalovic, poměr nepřeběhlých jalovic do 56 dní, inseminační interval, poměr nepřeběhlých prvotetek za 56dní a interval od první do poslední úspěšné inseminace krávy. Byl použit víceznakový animal model pro vyhodnocení plemenných hodnot pro tyto znaky plodnosti, ostatní hodnoty pro krávy byly brány jako opakovaná měření. Pro všechny znaky plodnosti byly výsledky koeficientu dědivosti nízké a to od 1 do 4 %. Mezi znaky byly potvrzeny nízké genetické i prostředřové korelace. Byla zaznamenána

střední až vysoká korelace mezi nádojem dcer a odhadem plemenné hodnoty býků. Z výsledků byla též potvrzena záporná korelace mezi plodností a mléčnou užitkovostí, ovšem byla nalezena kladná korelace mezi plodností a zdravím vemene a mezi plodností a dlouhověkostí, proto by začlenění tohoto modelu mohlo zvrátit pokles plodnosti a zlepšit dlouhověkost dojnic.

Kvalita embryí je pravděpodobně velmi spojena s produkcí mléka. Navíc krávy v laktaci mají horší kvalitu embryí než jalovice (Schneiderová, 2005). Vliv může mít i stres způsobený vysokými teplotami, které jsou pro skot hůře snášeny než teploty nízké. Negativním vlivem vysokých teplot způsobujících tepelný stres se zabývali Nagamine et Sasaki (2008) a prokázali výrazný negativní regresní koeficient mezi teplotou a plodností holštýnských krav. U krav vyskytujících se v meteorologických podmínkách, ve kterých byla průměrná teplota v letních měsících nad 27°C, byla prokázána nižší reprodukční schopnost, vliv vlhkosti na plodnost nebyl prokázán. Stejně tak i ve své studii Weller et Ron (1992) zmiňují, že největší vliv na zabřeznutí krávy měl měsíc, ve kterém byla kráva inseminovaná.

Výše užitkovosti středně koreluje také s mastitidou, z toho důvodu se kromě stresu dá předpokládat, že plodnost je také ovlivněna zdravotním stavem. Korelace mezi mastitidou a plodností se pohybuje v rozmezí 0,27 – 0,33. Vedle toho se též projevuje korelace mezi kulháním a znaky plodnosti – konkrétně: korelace mezi kulháním a mezidobím 0,35, korelace mezi kulháním a inseminačním indexem 0,38 a korelace mezi kulháním a dlouhověkostí -0,53. Selektce proti mastitidě a kulhání může zlepšit plodnost krav, ovšem z důvodu antagonistického vztahu mezi zdravotními a užitkovými vlastnostmi lze očekávat snížení genetického zisku z hlediska užitkovosti (Pritchard et al., 2013). Vliv mastitidy či metritidy prokázal také Pinedo et al. (2016), krávy, u kterých byla v prvních 50 dnech laktace prokázána alespoň jedna z nemocí, dosahovaly delšího inseminačního intervalu a zabřezávaly později. Na zmíněná onemocnění byl navíc prokázán vliv geografické polohy, ve které jsou krávy chovány. Spolupůsobení klimatických podmínek a onemocnění vemene anebo dělohy nepříznivě ovlivňuje reprodukční schopnosti krav a způsobuje zabřezávání v pozdějších dnech laktace, než je tomu u zdravých krav.

Jelikož současné hodnocení plodnosti je zatíženo chybou záznamu a rozhodnutím chovatele, je pravděpodobné, že se bude více hledět na již zmíněný nástup luteální aktivity po otelení, který má vyšší koeficient dědivosti a prokazuje poměrně vysokou, byť negativní, genetickou korelaci s produkcí mléka, tuku a bílkovin. Pozitivní genetická korelace se pak vyskytuje z hlediska tohoto znaku k energetické bilanci, živé hmotnosti a jejich změn během laktace. Je možné tedy očekávat, že zlepšení příjmu krmiva urychlí nástup luteální aktivity po

otelení. Endokrinní znaky plodnosti, jak je nazývá ve své studii Tenghe et al. (2016), jsou stanovovány z koncentrace progesteronu v mléce a byly navrženy především proto, že jsou méně zkreslené řízením farmy a lépe odráží reprodukční fyziologii krávy, než klasické vlastnosti odvozené od inseminace a otelení. Podle autorů je vhodné pro zlepšení přesnosti genomického odhadu plemenné hodnoty pro plodnost využívat souběžně jak klasických, tak i endokrinních znaků. Mezi endokrinní znaky patří nástup luteální aktivity a podíl plemenic s luteální činností, do klasického znaku byl zahrnut interval od otelení do první inseminace. Jako znak spojující endokrinní a klasickou složku dohromady byl brán interval od začátku luteální aktivity do první inseminace po otelení. Jako cílový znak byl považován interval od otelení do první inseminace či interval od začátku produkce progesteronu žlutým tělískem do první inseminace, zatímco nástup luteální fáze a podíl plemenic v luteální fázi byly znaky pro predikci. Nejvyšší přesnosti odhadu genomické plemenné hodnoty bylo dosaženo předpovědi zvláště pro endokrinní znaky a zvláště pro klasické znaky plodnosti, zatímco přesnost odhadu za použití vlastnosti inseminačního intervalu byla pouhá 4 %, pro efekt nástupu luteální aktivity byla přesnost odhadu PH pro plodnost 14 %. Pokud byly zahrnuty oba znaky, zvýšila se přesnost na 18 %. Dá se tedy očekávat, že by použití endokrinních znaků plodnosti mohlo přinést do současného odhadu plemenné hodnoty výrazné zlepšení.

Cílem je mít o býkovi co možná nejdříve informace o plemenné hodnotě s dobrou spolehlivostí, toho se docílí spojením počtu nepřeběhlých dcer spolu s dalšími souvisejícími ukazateli, jako jsou věk při první inseminaci, inseminační interval, servis perioda, mezidobí, produkce za prvních 100 dní laktace atd. Významnými ukazateli jsou také obtížnost porodů, délka březosti, velikost telete a mrtvě narozená telata (Interbull, 2006).

Byla prokázána korelace mezi tělesnou kondicí a plodností plemenic, nejvyšší korelace je na počátku laktace a s počty dnů laktace postupně klesá, na počátku laktace ovšem platí, že čím je vyšší tělesná kondice, tím je lepší plodnost plemenice. Proto by mohla být plemenná hodnota pro tělesnou kondici jedním z ukazatelů plodnosti a mohla by pomoci selektovat takové krávy, u kterých nebude vysoká negativní energetická bilance (NEB). Pomocí této plemenné hodnoty by byly selektovány takové plemenice, které budou schopny lépe zvládat energetickou rovnováhu po otelení, nástupu laktace a luteální aktivity (Brade, 2016). Negativní energetická bilance způsobuje zvýšenou koncentraci mastných kyselin a ketolátek, omezuje tvorbu gonadotropních hormonů, především luteinizační hormon a výrazně tak zamezuje ovulaci. Snížená koncentrace progesteronu v krvi se projevuje až do 4. cyklu po porodu a prodlužuje tak nástup ovulace a všechny ukazatele s tím spojené (Nehasilová, 2005). Úspěch plodnosti zahrnuje vývoj zdravého folikulu, životaschopných vajíček a embryí, které

jsou schopné zahrnout a udržet se v děloze po celou délku březosti, nemalý vliv má na správnou funkci i výživa, příjem energie, sušiny v krmivu. Vysoký příjem krmiva u střední až vysoké tělesné kondici negativně ovlivňuje kvalitu oocytů a embryí. Omezením krmiva či dávkováním energie lze dosáhnout více kvalitnějších oocytů či embryí. Změnou diety lze ovlivnit koncentraci inzulínu v krvi, což má za následek zlepšení vaječníků, kvality oocytů a správný vývoj a udržení zárodku do konce březosti. Stejně tak zdroje polynenasycených mastných kyselin pozitivně ovlivňují kvalitu embrya a březosti (Sartorie et al., 2017). Na druhou stranu však může doplňování tuků zvýšit intracelulární lipidy embrya způsobující špatnou funkci mitochondrií a nižší kryotoleranci, která se projevuje zhoršením zabřezávání (Sartorie et al., 2017, Schneiderová, 2005). Výživou lze změnit jak koncentrace hormonů a metabolitů přítomných ve folikulech a v krvi, tak i expresi genů oocytů a embrya. Je proto potřeba zvolit odpovídající krmný program pro zlepšení reprodukčních schopností s ohledem na genotyp jedince, zdroj energie, metabolický a fyziologický stav a současnou míru příjmu krmiva (Sartorie et al., 2017). Po otelení se metabolismus energie vysokoprodukčních krav přizpůsobuje mléčné užitkovosti, což nepříznivě ovlivňuje folikulární tekutinu a zrání oocytů. S negativní energetickou bilancí jsou spojeny neesterifikované mastné kyseliny, které ovlivňují kvalitu oocytů a embryí zejména tím, že mění prostředí folikulů, vejcovodů i dělohy, to může vést ke zvýšení mortality embryí. Na nízké plodnosti krav s vysokou mléčnou užitkovostí se pravděpodobně podílí i snížená kvalita embrya 7. den po inseminaci (Schneiderová, 2005).

3.2.1 Výpočet plemenné hodnoty pro plodnost v jednotlivých zemích

Odhad plemenné hodnoty pro plodnost není jednoznačně a celosvětově určen a v jednotlivých zemích se výrazně liší. Některé země, jako je Argentina, Chorvatsko, Estonsko, Maďarsko, Japonsko, Lotyšsko, Litva, Mexiko, Portugalsko, Jižní Korea, Slovinsko a Slovensko odhad plemenné hodnoty pro plodnost vůbec nevyhodnocují. Odlišnosti v jednotlivých zemích jsou jak ve využitých modelech, tak ve vyhodnocovaných vlastnostech i v efektech, které do modelové rovnice vstupují. S odlišností v modelových rovnicích souvisí i výsledná dědivost vyplývající z použitých modelů. V tabulce 1 jsou zaznamenány modely použité pro odhad plemenných hodnot spolu s výslednou dědivostí.

Tabulka 1. Postupy využívané v jednotlivých zemích a koeficient dědivosti

Země	ST	MT	ML	RR	RP	BLUP AM	Rozmezí h^2
Česká republika	X					X	0,039-0,044
Austrálie		X				X	0,036
Belgie	X					X	0,040
Kanada		X				X	0,015-0,072
Dánsko, Švédsko, Finsko		X	X		X	X	0,010-0,097
Francie	X	X			X	X	0,020-0,061
Německou, Rakousko, Lucembursko		X	X		X	X	0,010-0,039
Velká Británie		X				X	0,019-0,035
Irsko		X				X	0,009-0,067
Itálie		X				X	0,014-0,057
Nizozemsko, Vlámsko		X				X	0,012-0,078
Nový Zéland		X	X			X	0,030-0,050
Polsko		X				X	0,020-0,080
Jihoafrická republika		X				X	0,030-0,051
Španělsko		X				X	0,043
Švýcarsko		X				X	0,013-0,59
Spojené státy americké		X				X	0,014-0,066
Uruguay	X				X	X	0,050

ST=jednoznakový model, MT=víceznakový model, ML=vícelaktační model, RR=model s náhodnou regresí, RP=model s opakovatelností, BLUP=nejlepší lineární nevychýlený odhad, AM=animal model, h^2 =dědivost

Jednotlivé země se liší ve využití modelů pro odhad plemenné hodnoty, dědivosti jsou schopné vysvětlit v rozmezí od 1 do 9,7 %.

ČESKÁ REPUBLIKA

Pro Českou republiku byl již model nastíněn výše. Hodnotícím znakem je binární údaj zabřezla či nezabřezla po 3 měsících od inseminace (do 3 měsíců se nepřeběhla). Jsou brána data od roku 1996, jalovice a krávy s prvními třemi oteleními. Je využito jednoznakového BLUP animal modelu.

Do výpočtu pro jalovice vstupují následující efekty: stádo-rok-období inseminace, stádo-rok-období narození, pořadí inseminace, věk při zapaštění, inseminační technik-rok

inseminace, použitý býk-rok inseminace a efekt jedince. Poslední tři efekty jsou náhodné, zbytek jsou efekty pevné. Pro krávy je použito následujícího modelu: stádo-rok-období inseminace + stádo-rok-období předchozího otelení + pořadí inseminace + věk při prvním otelení + pořadí otelení + inseminační technik-rok + počet dní v laktaci + nádoj v kg za prvních 100 dní v laktaci + býk-rok, kde býk-rok a technik-rok jsou efekty náhodné, zbylé efekty jsou pevné.

Za rok jsou výsledky předpovězeny 6x a uveřejněny jsou pro jalovice se spolehlivostí alespoň 30 % a u krav se spolehlivostí aspoň 45 %. Dědivost pro jalovice vychází $h^2=0,039$ a pro krávy $h^2=0,044$ (Interbull, 2006).

AUSTRÁLIE

Hodnotící vlastnosti: mezidobí, délka laktace, inseminační interval, podíl nepřeběhlých do 25 dní od první inseminace, podíl zabřezlých.

Do výpočtu vstupují krávy od roku 1985 s mezidobím od 290 do 762dní. Délka laktace je brána nad 287 dní a do 451 dní (krávy nad 451 dní jsou zařazeny do 451 dní). Inseminační interval je v rozmezí od 10 do 470 dní. Pro zaznamenání nepřeběhlých krav byly krávy zařazeny do dvou skupin, kde hodnotou 100 byly označeny krávy, které se nepřeběhly po inseminaci v dané laktaci, hodnotou 0 pak krávy, které projevovaly další říji po inseminaci. Do podílu zabřezlých s hodnotou 100 jsou zařazeny všechny plemenice, jež jsou v období březosti mezi 30. – 270. dnem, plemenice nezabřezlé jsou označeny 0. Mezidobí bylo rozděleno do šestitýdenních intervalů.

Za každou plemenicí je použit pouze jeden záznam. Modelová rovnice víceznakového (mezidobí, délka laktace, inseminační interval, podíl zabřezlých, podíl nepřeběhlých po první inseminaci) animal modelu: stádo-rok-období-věk + heterose + poslední otelení + měsíc otelení + třída podle podobného věku + efekt jedince + efekt trvalého prostředí + nevyjádřitelná chyba.

Výsledky jsou uveřejňovány 3x do roka pro býky s minimálně 10 dcerami a spolehlivostí alespoň 55 %. Dědivost pro mezidobí je při modelové rovnici vysvětlena $h^2=0,036$ (Interbull, 2006).

BELGIE

Za použití jednoznakového animal modelu, je hodnocena plodnost krav na základě podílu zabřezlých, jenž je vypočítán pomocí servis periody. Do výpočtu vstupují všechny záznamy o otelení, a to od roku 1980 obsahující datum otelení, se správným datem narození

a časovým rozmezím a se záznamem o servis periodě, která je použita za podmínky, že je v intervalu od 35 do 355 dní. Jalovice, které nikdy nezabřezly, nejsou do odhadu zahrnuty.

Do modelové rovnice vstupují následující efekty: stádo-otelení + plemenné složení v daném roce-měsíc otelení + otelení-období-věk při otelení + stádo-rok otelení + trvalé prostředí. Poslední dva efekty spadají mezi efekty náhodné, ostatní jsou efekty pevné. Jsou vytvářeny skupiny na základě selekce, plemene, podílu krve holštýnského skotu a na původu (severní Amerika či Evropa).

Výsledky jsou aktualizovány 4x do roka a jsou uveřejňovány pro dovezené býky s domácími výsledky při koeficientu spolehlivosti vyšší než 65 % a pro mladé býky s výsledky z interbullu při koeficientu spolehlivosti vyšší než 35 %. Dědivost pro schopnost zabřeznutí laktující krávy je vypočtena na $h^2=0,0396$ (Interbull, 2006).

KANADA

V Kanadě je využito víceznakového animal modelu. Mezi hodnotící znaky pro plodnost jsou brány: podíl nepřeběhlých jalovic do 56 dní po první inseminaci, inseminační interval, podíl nepřeběhlých krav do 56 dní po první inseminaci, počet dní od první do úspěšné inseminace, servis perioda vypočtená jako součet inseminačního intervalu a časového úseku od první do poslední (úspěšné) inseminace. Do výpočtu vstupují všechny krávy (na všech laktacích) a jalovice s první inseminací v dubnu roku 1998 či později.

Do modelové rovnice pro všech pět hodnotících znaků vstupují fixní efekt místo-rok-měsíc narození a náhodný efekt stádo-rok narození. Pro podíl nepřeběhlých jalovic vstupuje do modelu pevný efekt měsíc první inseminace. Pro podíl nepřeběhlých krav a jalovic je přidáno náhodných efektů inseminační technik-rok a připouštěný býk-rok. Pro podíl nepřeběhlých krav je použit dále fixní efekt otelení-věk při otelení-měsíc první inseminace. Pro inseminační interval, servis periodu a úsek od první inseminace do poslední zdárné inseminace je brán pevný efekt otelení-věk při otelení-měsíc při otelení. A pro podíl nepřeběhlých všechny efekty kromě podílu nepřeběhlých jalovic je použit ještě náhodný efekt trvalého prostředí.

Pro holštýnský skot jsou třikrát do roka uveřejněny výsledky býků, kteří mají alespoň 20 dcer v 10 různých stádech s koeficientem spolehlivosti pro podíl nepřeběhlých krav alespoň 45 %. Aktualizace výsledků je vždy v lednu, dubnu a srpnu. Dědivost pro podíl nepřeběhlých jalovic je $h^2=0,015$, pro inseminační interval $h^2=0,062$, pro podíl nepřeběhlých krav $h^2=0,027$, pro úsek od první do poslední inseminace $h^2=0,053$ a pro servis periodu $h^2=0,072$. (Interbull, 2006).

DÁNSKO, ŠVÉDSKO, FINSKO

Do záznamů vstupují data od krav a jalovic za první tři otelení a to nejdéle od roku 1982 (Švédsko), 1985 (Dánsko) a 1992 (Finsko). Je vyhodnocován podíl zabřezlých jalovic (znak 1), inseminační interval (znak 2), podíl zabřezlých krav (znak 3), interval od první do poslední úspěšné inseminace (znak 4) a servis perioda (znak 5) odvozená od těchto dvou intervalů (vše platí pro krávy).

Je využito víceznakového modelu – vícelaktačního animal modelu s opakovatelností. Do rovnice vstupují následující pevné efekty: stádo-rok narození (pouze pro znak 1), stádo-rok prvního otelení (mimo znak 1), rok-měsíc inseminace-země (ve Finsku efekt rok-měsíc inseminace-země-plemeno) (pouze znak 2), věk při první inseminaci jalovice-země (všechny znaky), počet inseminací-země (znak 1 a 3), typ semene-rok-místo inseminace (znak 1 a 3). Náhodné efekty: heteroze (všechny znaky), trvalé prostředí (znak 1 a 3).

Výsledky jsou uveřejňovány 4x do roka při alespoň 35 % spolehlivosti. Dědivost pro schopnost jalovic zabřeznout $h^2=0,01$, schopnost laktující krávy začít cyklus $h^2=0,097$, schopnost krávy zabřeznout po první inseminaci $h^2=0,063$ po všech inseminacích $h^2=0,064$, mezidobí $h^2=0,064$ (Interbull, 2006).

FRANCIE

Ve Francii je vyhodnocován podíl zabřezlých jalovic, podíl zabřezlých krav, inseminační interval, interval od první do poslední úspěšné inseminace (v případě, že je poslední inseminace neúspěšná, interval se vypočte tak, že se ode dne poslední inseminace – počet dní od otelení do poslední inseminace – odečte den první inseminace a je navíc přičteno 68 dní). Do výpočtu vstupují data do 3. otelení (včetně), nejstarší použitá data jsou z 1. září 1995.

Výpočet probíhá ve třech krocích, v prvním kroku je jednoznakový BLUP animal model – zvlášť pro jalovice a zvlášť pro krávy. V druhém kroku jsou pro každou jalovici a krávu vypočteny směrodatné odchylky, které jsou následně použity ve třetím kroku, kdy jsou oba podíly zabřezlých plemenic zahrnuty do jednoho víceznakového BLUP animal modelu s opakovatelností. Do modelu pro výpočet podílu zabřezlých krav a jalovic vstupují následující pevné efekty: stádo-rok inseminace, inseminační technik-rok, měsíc-rok-oblast výskytu plemenice, den-rok-oblast, laktace-rok, rok-otelení inseminační interval (skupiny po 10 dnech), rok-věk při inseminaci (v měsících, jen pro jalovice). Mezi náhodné efekty jsou zahrnuty: připuštěný býk, efekt trvalého prostředí, maternální efekt a přímý genetický efekt jedince. Do modelu pro výpočet inseminačního intervalu spadají pevné efekty stádo-rok,

měsíc otelení-rok-oblast, věk při otelení, předchozí laktace. V modelu pro výpočet intervalu mezi první a úspěšnou inseminací jsou zahrnuty pevné efekty stádo-rok inseminace, měsíc-rok-oblast (19 oblastí), laktace-rok, rok-inseminační interval (10 denní třídy) a náhodný efekt trvalého prostředí.

Výsledky jsou uveřejňovány pro býky s minimální spolehlivostí více jak 50 %. Výsledná dědivost pro schopnost zabřeznutí jalovic $h^2=0,02$, schopnost krav pro nastoupení cyklu $h^2=0,061$, schopnost krav zabřeznout po první inseminaci $h^2=0,02$, schopnost krav zabřeznout po všech inseminacích $h^2=0,041$ (Interbull, 2006).

NĚMECKO, RAKOUSKO, LUCEMBURSKO

V těchto zemích je vyhodnocováno 5 znaků: 1. procentuelní podíl nepřeběhlých jalovic za 56 dní, 2. denní interval od první do úspěšné inseminace u jalovice, 3. inseminační interval u krav ve dnech, 4. procentuelní podíl nepřeběhlých krav v úseku 56dní a 5. denní interval od první do úspěšné inseminace u krav. Z inseminačního intervalu a intervalu od první do úspěšné inseminace je součtem vytvořena servis perioda.

Do výpočtu vstupují data od krav otelených od roku 1995 a od jalovic, které se narodily od roku 1994. Jsou brány pouze data, kdy je inseminační interval od 21 do 250 dní. Interval od první do úspěšné inseminace smí být zaznamenán hodnotou 0 (v případě zabřeznutí na první inseminaci) nebo minimálně 11dní. Délka březosti od 265 do 295 dní, mezidobí od 286 do 600 dní. Je využito víceznakového vícelaktačního BLUP animal modelu s opakovatelností. Mezi pevné efekty spadá: stádo-rok, pořadí otelení-věk-měsíc inseminace-oblast-rok, typ připouštěného býk-majitel chovného býka (inseminační stanice)-inseminační technik, připuštěný býk. Pro podíl nepřeběhlých plemenic je do modelu zahrnut také fixní efekt spermatu (sexované, normální). Mezi náhodné efekty je použit efekt rok-připářovaný býk, efekt trvalého prostředí.

Výsledky jsou uveřejňovány, pokud je spolehlivost alespoň 30 % a je po býkovi alespoň 20 dcer se známým inseminačním intervalem. Koeficient dědivosti je pro jednotlivé efekty následující: podíl nepřeběhlých jalovic za 56 dní $h^2=0,012$, interval od první do úspěšné inseminace u jalovic $h^2=0,014$, inseminační interval $h^2=0,039$, podíl nepřeběhlých krav za 56 dní od inseminace $h^2=0,015$, interval od první do úspěšné inseminace krav $h^2=0,010$, servis perioda $h^2=0,026$. Zabřeznutí jalovic $h^2=0,012$, schopnost krávy pro nástup říje $h^2=0,039$, schopnost krávy po 1. inseminaci zabřeznout $h^2=0,015$, schopnost krávy zabřeznout po všech inseminacích $h^2=0,010$ (Interbull, 2006).

VELKÁ BRITÁNIE

Ve Spojeném království je vyhodnocováno mezidobí od prvního do druhého otelení a podíl nepřeběhlých krav za 56 dní v první laktaci. Do výpočtu vstupují informace od roku 1992 a je bráno pouze 1. – 2. otelení. Jsou zahrnuty pouze informace od plemenic, kde je věk při prvním otelení v rozmezí od 18 do 40 měsíců a mezidobí minimálně 300 a maximálně 600 dní.

Víceznakový BLUP animal model obsahuje záznam o nádoji z prvních 100 dní laktace, inseminační interval, počet nutných inseminačních dávek k zabřeznutí a hodnotu kondice zvířete. Do výpočtu je zahrnut pevný regresní efekt věku při prvním otelení, měsíc otelení, heteroze a rekombinace mezi čtyřmi základními plemeny (holštýn, fríský skot, červený skot a ostatní) a stádo-rok-období k tomu vstupuje náhodný efekt jedince.

Výsledky jsou uveřejněny třikrát do roka pro býky, kteří mají alespoň 10 laktujících dcer a spolehlivost odhadu pro zabřeznutí 30 % a více. Výsledná dědivost pro mezidobí $h^2=0,033$, pro inseminační interval $h^2=0,035$, pro podíl nepřeběhlých krav za 56 dní $h^2=0,019$ a pro počet nutných inseminací $h^2=0,022$. Schopnost nástupu říje laktující krávy $h^2=0,033$, schopnost krávy zabřeznout po první inseminaci $h^2=0,02$, po všech inseminacích $h^2=0,033$ a dědivost pro servis periodu $h^2=0,033$ (Interbull, 2006).

IRSKO

Mezi hodnotící znaky spadá inseminační interval, počet inseminačních dávek potřebných pro zabřeznutí a mezidobí. Pro první dva znaky jsou použity záznamy od prvního do třetího otelení, pro mezidobí jsou použita data o pěti oteleních. V případě, že jsou provedeny dvě inseminace v rozmezí do pěti dnů, pak je s nimi počítáno jako s jednou inseminací, všechny krávy musí mít známého připouštěcího býka a mezidobí musí být v rozmezí 300 – 600 (maximálně 800 v případě záznamu o inseminaci).

Do víceznakového BLUP animal modelu vstupuje pevný efekt věk při otelení, stádo-rok-období a náhodný efekt jedince, dále heteroze a rekombinace pro křížence holštýn X fríský skot, holštýn x montbeliard, holštýn x jersey a holštýn x maas rýnsko isselský skot.

Výsledky jsou uveřejňovány třikrát do roka pro býky se spolehlivostí vyšší jak 35 %. Dědivost pro procento nevyřazených krav $h^2=0,018 - 0,028$ (laktace 2 – 6), mezidobí $h^2= 0,009 - 0,014$ (z 1. laktace na 2. až z 5. na 6.), inseminační interval $h^2=0,067 - 0,030$ (1. – 3. laktace) a počet potřebných inseminačních dávek $h^2=0,017 - 0,031$ (1. – 3. laktace). Dědivost pro servis periodu vychází $h^2=0,037$, taktéž i schopnost krávy zabřeznout po všech inseminacích (Interbull, 2006).

ITÁLIE

V Itálii je hodnotícími znaky reprodukce mezidobí, servis perioda a procentuelní podíl nepřeběhlých za 56 dní. Je bráno pouze první 1. – 2. otelení, a to od krav s údaji o laktaci, které se poprvé otelily od ledna 1990 a mají známé 3 generace rodičů.

Do víceznakového animal modelu vstupuje náhodný efekt jedince, pro vyhodnocení podílu nepřeběhlých krav je vybrán pevný efekt stádo-rok-období inseminace a věk-rok otelení, věk-rok otelení je spolu s pevným efektem stádo-rok-období otelení použit pro inseminační interval a mezidobí.

Výsledky jsou uveřejněny 3x do roka pro jedince s 50 % spolehlivostí. Výsledky dědivostí: schopnost laktující krávy zahájit cyklus $h^2=0,057$, schopnost zabřeznout po první inseminaci $h^2=0,014$, schopnost zabřeznout po všech inseminacích $h^2=0,038$ a servis perioda $h^2=0,038$ (Interbull, 2006).

NIZOZEMSKO

V Nizozemsku a Vlámku je pro reprodukci vyhodnoceno několik vlastností: servis perioda, binární záznam nepřeběhlých za 56dní, mezidobí, interval od první do poslední úspěšné inseminace, podíl zabřezlých krav, podíl zabřezlých jalovice a věk při první inseminaci jalovic. V Nizozemsku vstupují pro mezidobí data od 1. září 1978 ve Vlámku data od roku 1975. Pro ostatní vlastnosti jsou použita data od 1. září 1988 (Vlámko od roku 1989). Záznamy jsou pro první tři laktace, krávy musí mít záznam o připuštěném býku. Pokud jsou během tří dnů dvě inseminace, jsou brány jako jedna dávka.

Vyhodnocení probíhá pomocí víceznakového BLUP animal modelu. Vstupujícími efekty pro podíl nepřeběhlých, interval od první do poslední inseminace, podíl zabřezlých kráva a podíl zabřezlých jalovic je: stádo-rok inseminace, 10 denní inseminační období (včetně roku). Pro servis periodu a mezidobí jsou vstupujícími efekty: stádo-rok otelení, 10 denní období otelení (včetně roku), heteroze, rekombinace. Pro věk při první inseminaci jsou pak použity efekty stádo-rok narozená, 10 denní období narození (včetně roku), heteroze a rekombinace.

Výsledky jsou uveřejněny 3x do roka, pokud mají býci alespoň 30 % spolehlivost a krávy alespoň 10 % spolehlivost. Dědivost pro věk při první inseminaci jalovic $h^2=0,045$ (pro Vlámko $h^2=0,026$) a pro podíl zabřezlých jalovice $h^2=0,018$ (pro Vlámko $h^2=0,015$). Dědivost pro 1./2./3. laktaci: podíl nepřeběhlých za 56 dní $h^2=0,016/0,02/0,021$ (pro Vlámko $h^2=0,012/0,016/0,022$), servis perioda $h^2=0,081/0,099/0,097$ (Vlámko $h^2=0,068/0,074/0,064$), mezidobí $h^2=0,062/0,075/0,078$ (Vlámko $h^2=0,056/0,053/0,049$),

interval od první do poslední inseminace $h^2=0,033/0,033/0,033$ (Vlámsko $h^2=0,033/0,034/0,036$) a pro podíl zabřezlých krav $h^2=0,025/0,026/0,027$ (pro Vlámsko $h^2=0,027/0,027/0,034$). Dědivost pro schopnost jalovic zabřeznout $h^2=0,018$, schopnost krávy zahájit cyklus $h^2=0,176$, schopnost krávy zabřeznout po první inseminaci $h^2=0,059$ po všech inseminacích $h^2=0,073$ a servis perioda $h^2=0,059$ (Interbull, 2006).

NOVÝ ZÉLAND

Vyhodnocovanými znaky na Novém Zélandu jsou binární zaznamenání schopnosti laktující krávy zahájit cyklus (záznam úspěch/selhání při předložení krávy k páření v prvních 21 dnech po otelení). Schopnost krávy zabřeznout (binární záznam zabřezla/nezabřezla v prvních 42 dnech od otelení), inseminační interval, mezidobí.

Je využito víceznakového vícelaktačního BLUP animal modelu, do kterého vstupuje pevný efekt stádo-rok-období, věk při otelení a heteroze. Výsledky jsou uveřejněny třikrát do roka pro býky, po nichž jsou krávy na druhé laktaci se záznamem o podílu zabřezlých za 42dní.

Dědivost pro schopnost laktující krávy zahájit cyklus $h^2=0,050$, podíl zabřezlých do 42dní $h^2=0,030$ a pro mezidobí $h^2=0,036$ (Interbull, 2006).

POLSKO

V Polsku je vyhodnocen podíl nepřeběhlých jalovic a podíl nepřeběhlých krav za 56 dní, inseminační interval a servis perioda. Vstupní data jsou brána od roku otelení 1995. Výpočty probíhají pro jalovice a krávy na první laktaci.

Do víceznakového BLUP animal modelu vstupují fixní znaky stádo-rok, měsíc inseminace a věk při otelení či při inseminaci (lineární regrese). Výsledky jsou uveřejněny 3x do roka pro býky, kteří mají alespoň 10 dcer. Dědivost pro schopnost jalovic zabřeznout $h^2=0,0196$, schopnost laktujících krav zahájit cyklus $h^2=0,0526$, schopnost laktující krávy zabřeznout $h^2=0,0208$, servis perioda $h^2=0,0799$ (Interbull, 2006).

JIHOAFRICKÁ REPUBLIKA

Za použití víceznakového animal modelu je vyhodnoceno mezidobí pro 1. – 4. otelení. Do výpočtu vstupují pouze data, kde je mezidobí v rozmezí od 300 do 700 dní. Do modelu vstupuje pevný efekt věku při otelení a stádo-rok-období a náhodný efekt jedince.

Výsledky jsou uveřejněny dvakrát do roka pro býky s alespoň 20 dcerami v 10 různých stádech. Dědivost pro délku 1. mezidobí $h^2=0,030$, 2. mezidobí $h^2=0,051$ a 3. mezidobí $h^2=0,044$. Korelace mezi mezidobími je vysoká 0,83 – 0,99 (Interbull, 2006).

ŠPANĚLSKO

Ve Španělsku je vyhodnocovaným znakem servis perioda, která je hodnocena jako mezidobí-28dní a vstupují do výpočtu jen data o první laktaci od roku 1991. Hodnota mezidobí smí být od 300 do 600 dní.

Do víceznakového BLUP animal modelu vstupuje měsíc otelení-oblast-období-hodnota mléčné výroby, věk při otelení- oblast-období-hodnota mléčné výroby, stádo-rok-období. Výsledky jsou uveřejněny dvakrát do roka pro španělské býky, kteří mají alespoň 20 dcer v 10 stádech a pro ostatní býky v případě alespoň 75 dcer v 50 stádech. Dědivost pro servis periodu vychází $h^2=0,043$ (Interbull, 2006).

ŠVÝCARSKO

Víceznakovým BLUP animal modelem je snaha ve Švýcarsku vyjádřit následující vlastnosti: 1) nepřeběhlé jalovice za 56 dní (binární), 2) inseminační interval (dny), 3) nepřeběhlé krávy za 56 dní (binární) a 4) interval od první do úspěšné inseminace (dny). Inseminační interval smí být v rozmezí 30 – 200 dní.

Efekty vstupující do modelu – v závorce je uvedeno, pro kterou vlastnost je efekt zahrnut: věk-pořadí laktace (2, 3, 4), věk při první inseminaci (1), „kód odběru“ (1, 3), rok-měsíc otelení (2, 4), rok-měsíc inseminace (2, 4), heteróze (holštýn x simentál), rekombinace (holštýn x simentál). Mezi náhodné efekty spadá Stádo-rok (1, 2, 3, 4), inseminační technik (1, 3), připouštěný býk-číslo inseminační dávky (1, 3) a trvalé prostředí (2, 3, 4).

Výsledky plemenných hodnot jsou vydávány 3x do toka pro býky s minimálně 10 dcerami, které jsou v 10 stádech a mají záznam o podílu zabřezlých krav). Dědivost pro podíl nepřeběhlých jalovic za 56 dní $h^2=0,013$, servis perioda $h^2=0,059$, podíl nepřeběhlých krav za 56 dní $h^2=0,024$ a interval od první do úspěšné inseminace $h^2=0,045$. Pro schopnost jalovic zabřeznout $h^2=0,013$, schopnost laktujících krav zahájit cyklus $h^2=0,059$, schopnost laktujících krav zabřeznout po první inseminaci $h^2=0,024$, po všech inseminacích $h^2=0,045$ (Interbull, 2006).

SPOJENÉ STÁTY AMERICKÉ

Spojené státy americké odhadují čtyři vlastnosti: binární podíl zabřezlých jalovice, inseminační interval, binární záznamy o zabřezávání krav a pravděpodobnost otěhotnění dcer (hodnota 1 znamená, že dcery po daném býkovi mají o 1 % větší šanci, že v daném cyklu zabřeznou). Pro vyhodnocení zabřezávání jalovic jsou brána data o otelení od roku 2003, věk při otelení musí být v rozmezí 1 – 2,2 let. Pro zabřezávání krav jsou brána data o prvním otelení od roku 2003, do výpočtu vstupuje prvních pět laktací, poslední záznam nebude starší dvou let. Do schopnosti zabřezávání dcer jsou data o prvním otelení od roku 1960 a je zahrnuto prvních pět laktací.

Do víceznakového BLUP animal modelu vstupují pro podíl zabřezlých jalovic následující efekty: stádo-rok-období, věk při první inseminaci, náhodný efekt trvalého prostředí. Předpověď schopnosti předávat vlastnosti na potomky zahrnuje regresní koeficient vynásobený očekávaným budoucím koeficientem inbrídingu a koeficientem heteroze při čistokrevné plemenitbě. Do podílu zabřezlých krav jsou zahrnuty tyto efekty: stádo-rok-období, pořadí laktace, věk při první inseminaci, náhodný efekt trvalého prostředí. Jako u jalovic je stejným způsobem vypočtena očekávaná schopnost předávat vlastnosti a potomky. Pro schopnost zabřezávání dcer jsou použity vlastnosti stádo-rok-období, věk-pořadí laktace, inbríding (regrese) a náhodné efekty trvalého prostředí a stádo-interakce připářovaného býka. Taktéž je vypočten odhad schopnosti předávat vlastnosti.

Výsledky jsou zveřejněny 3x do roka pro býky s minimálně 10 dcerami, které mají použitelné záznamy o plodnosti. Dědivost pro schopnost jalovic zabřeznout (z podílu zabřezlých jalovic) $h^2=0,010$, schopnost krav zahájit cyklus (pomocí inseminačního intervalu) $h^2=0,066$, schopnost laktujících krav zabřeznout (z podílu zabřezlých krav) $h^2=0,016$ a servis perioda (ze schopnosti dcer zabřeznout) $h^2=0,014$ (Interbull, 2006).

URUGUAY

V Uruguay je podobně jako ve spojených státech vyhodnocována schopnost dcer zabřeznou, to je vyhodnocováno ze servis periody. Do výpočtu jednoznakového animal modelu s opakovatelností vstupují data z prvních pěti laktací a to od roku 1990. Data musí obsahovat věk při otelení, krávy musí mít známého otce nebo matku, servis perioda musí být v rozmezí 20 – 365 dní. Pevnými efekty jsou stádo-rok-měsíc otelení-pořadí laktace a věk, dále e použit náhodný efekt trvalého prostředí.

Výsledky jsou uveřejňovány třikrát do roka pro býky se spolehlivostí alespoň 60 % s minimálně 10 dcerami v nejméně 3 stádech. Dědivost vychází $h^2=0,05$ (Interbull, 2006).

3.3 Inbríding

Inbríding je jednou z metod plemenitby, jedná se o páření příbuzných jedinců, při kterém dochází – narozdíl od páření podobných nepříbuzných jedinců – k ovlivnění všech genů jaderného genomu. Při inbrídingu dochází k významným změnám v genových a genotypových četnostech a tedy k narušení Hardyho-Weinbergovy rovnováhy. Při páření fenotypově podobných jedinců dochází ke zvýšení podílu homozygotních genotypů a současně tedy ke snížení podílu heterozygotů. Homozygotizace vždy ovlivňuje příslušný znak, vedle toho vliv interakce, genetických i negenetických efektů, může ovlivnit celkový projev ve fenotypu jedince. (Jakubec et al. 2010) Inbríding snižuje genetickou rozmanitost populace, tím se zvyšuje pravděpodobnost, že bude zvýšen výskyt genetických defektů, jež se rozšíří a ustálí na vyšší pravděpodobnosti výskytu v celé populaci. Některé ohrožené druhy však existují jen ve velmi malých až izolovaných populacích, kde je inbríding z důvodu zachování druhu nevyhnutelný (Thornhill, 1993). Též se kombinuje inbríding s nepříbuzným křížením pro vytvoření silnějšího a produkčně výhodnějšího hybridu (Tave, 1999).

VÝPOČET INBRÍDINGU A PŘÍBUZNOSTI PODLE WRIGHTA

Wright (1922) navrhl výpočet vycházející z rozdílného počtu předků pro každou generaci:

$$Z_n = 100\left(1 - \frac{q_{n+1}}{2^{n+1}}\right)$$

kde:

$q_{n+1}/2^{n+1}$ je poměr aktuálního počtu předků ku maximálnímu možnému počtu předků v $n+1$ -ní generaci.

Wright (1922) ve své práci dále navrhl koeficient inbrídingu jedince Z (F_Z) a koeficient příbuznosti rodičů X a Y (R_{XY}):

$$F_Z = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1 + F_A)$$

kde:

\sum je součet generací ke všem společným předkům

n_1 je počet generací ke společnému předkovi ze strany otce

n_2 je počet generací ke společnému předkovi ze strany matky

F_A je koeficient inbrídingu sledovaného předka

$$R_{XY} = \frac{\sum (1/2)^{n_1+n_2} (1 + F_A)}{\sqrt{(1 + F_X)(1 + F_Y)}}$$

kde:

F_X je koeficient příbuzenské plemenitby jedince X

F_Y je koeficient příbuzenské plemenitby jedince Y

Koeficient příbuznosti zhodnocuje rodokmeny dvou v budoucnu se spářených jedinců na základě sledování společných předků a jejich stupni koeficientu inbrídingu. Tohoto koeficientu je využíváno při vytváření přípařovacích plánů, páření dvou různých linií, zapojuje se při výpočtu plemenných hodnot. (Jakubec et al., 2010)

Výpočty vychází z analýzy rodokmenů a jejich úseků a z předpokladu zvyšování homozygotnosti/snižování heterozygotnosti u inbredních jedinců. U složitějších a rozsáhlejších rodokmenů s více společnými předky je výpočet náročnější a může docházet k nepřesnostem a chybám. Koeficient příbuznosti a koeficient inbrídingu podle Wrighta (1922) vychází z analýzy od nejmladšího po nejstaršího jedince v rodokmenu, což vede ke stále novým výpočtům, naopak Malécot (1948) navrhl původový koeficient, který vychází z analýzy rodokmenu od nejstaršího po nejmladšího, to přináší zjednodušení z hlediska opadnutí nutnosti nových propočtů pro celé rodokmeny s každou novou generací, jelikož koeficient pro nejstarší zůstává a vypočítává se nový původový koeficient pro novou generaci (Jakubec, 2010).

Koeficient inbrídingu lze definovat i dalšími způsoby, například Šiler et al. (1965) považuje za příbuzenskou plemenitbu opakování se jistých předků v předchozích generacích a tedy s tím spojené opakování koncentrace vlohového založení v genotypu příbuzných jedinců. Jelikož příbuzenská plemenitba hromadí dobré i špatné vlastnosti, záleží výsledek příbuzenské plemenitby vedle intenzity především na kvalitě vstupujících genotypů. Z takového důvodu lze používat příbuzenskou plemenitbu jen u jedinců se známou plemennou hodnotou a jejich původem.

Každý znak je u jedince zastoupen dvěma alelami, jedna alela je jedinci předána od otce, druhá od matky. Pokud se jedná o homozygotní sestavu, jsou alely identické, ovšem není známo, zda jsou identické původem či stavem. Rozdíl je ve vzniku těchto alel, pokud se setkají dvě alely, které vznikly jako identické kopie při replikaci výchozího genu na haploidní buňce, jedná se o alely identické původem. V opačném případě, kdy se setkají v organismu dvě totožné alely, lišící se předkem, od kterého byly replikovány, pak se jedná o alely identické stavem. Pokud jsou alely identické původem, nazývají se autozygotní, alely identické stavem jsou alozygotní. Příbuzenská plemenitba lze pak definovat jako pravděpodobnost, že u sledovaného jedince jsou dvě vybrané alely identické původem.

Koeficient inbrídingu tedy udává míru autozygotnosti vzhledem k původní populaci, u které se předpokládá, že žádná z alel v této populaci není autozygotní (Hartl et Clark, 2007, Hedrick, 2005).

VÝPOČET INBRÍDINGU A PŘÍBUZNOSTI PODLE MALÉCOTA A CRUDENOVÉ

Při Wrightově metodě výpočtu inbrídingu a příbuznosti je postup od nejmladších jedinců po nejstarší společné předky. Malécotovou metodou, při které je postup opačný, lze vypočítat koeficient příbuzenské plemenitby pro kteroukoli generaci na základě znalosti předchozí generace. Díky postupu od nejstarších generací po nejmladší, lze snadněji vypočítat koeficient inbrídingu pro novou generaci bez složitého rozboru rodokmenových přehledů.

Základ je postaven na předpokladu základní populace, z níž jsou vytvářeny koeficienty následných generací. Koeficient příbuzenské plemenitby jedince je odvíjen od společného původu rodičů. Je vytvořen původový koeficient (f) vycházející z předpokladu, že dvě alely AA mohou být v populaci shodné stavem či původem. V případě, že jsou alely identické stavem, pak pokud jsou z populace vybrány dvě alely A, pak je pravděpodobnost výskytu – za předpokladu genové četnosti p – rovna p^2 . Pravděpodobnost, že jsou geny stejné je:

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

kde:

q je genová četnost pro alelu a

p je genová četnost pro alelu A

Alely identické původem jsou kopie alel společného předka, kdy dvě náhodně vybrané gamety po jednom od jednoho rodiče, jsou původně identické. Genotyp dvou jedinců lze označit ab a cd, kdy jednotlivé geny a, b, c a d jsou nositeli alel A nebo a. Při páření lze pomocí jednoduchého mendelistického čtverce vyjádřit pravděpodobnosti vyštěpení jednotlivých genotypů. Z toho lze přesně kvantifikovat příbuzenský vztah mezi dvěma jedinci. Malécotuv (1948) původový koeficient je roven polovině Wrigthova koeficientu příbuznosti. Původový koeficient je pravděpodobnost, že náhodný gen od jedince X je identický původem s náhodným genem od jedince Y. To lze vyjádřit následující rovnicí:

$$f_{XY} = \frac{1}{4} [P(a = c) + P(a = d) + P(b = c) + P(b = d)]$$

kde:

f_{XY} je původový koeficient jedince X a Y

ab je genotyp jedince X

cd je genotyp jedince Y

$P(a = c)$ je pravděpodobnost, že gen a a c je identický původem

Na základě známých informací lze předpovědět koeficient příbuznosti a z něj pak vyjádřit koeficient původový (koeficient inbrídingu) zdvojnásobením příbuznosti, v případě překrývání generací je potřeba hledat příbuzenské vztahy mezi jedinci, jež jsou v různých generacích (Jakubec, 2010).

3.3.1 Inbrední deprese

Inbrední deprese vzniká pářením příbuzných zvířat a je jistým opakem heterózního efektu (Jakubec et al., 2010). Hladina příbuzenské plemenitby v populaci skotu se začala zvyšovat v důsledku používání omezeného počtu býků k umělé inseminaci (Zhang et al., 2015). Při inbrídingu narůstá homozygotnost způsobující zvýšený projev letálních alel. S příbuzenskou plemenitbou se zvyšuje pravděpodobnost jejich projevu v návaznosti na výši koeficientu příbuzenské plemenitby. Dále se depresivní účinek inbrídingu projevuje zhoršením fenotypového projevu kvantitativních znaků. Obvykle se jedná o znaky ovlivněné geny malého účinku, které jsou nízce či středně dědivé. Inbrední deprese se projevuje nejčastěji na znacích reprodukce, zevnějšku a mléčné užitkovosti. Inbríding má negativní vliv na produkční znaky prakticky u všech sledovaných plemen a různých geografických populacích (Jakubec et al., 2010). O poklesu reprodukčních schopností při zvýšené příbuzenské plemenitbě pojednává i Tave (1999) – závažnost inbrední deprese, jež způsobuje pokles růstu i plodnosti (to lze vysledovat porovnáním inbrední a kontrolní neinbrední populace), se odvíjí od stupně příbuzenské plemenitby, fenotypu a celé populace. „Inbrední deprese je to, co dává příbuzenské plemenitbě špatnou pověst.“

Inbrední deprese obecně snižuje zdraví populace, je potřeba ale sledovat, zda je zdravotní kondice snížena z důvodu inbrídingu, či z důvodů mutací a/nebo genetického driftu. Například malé populace, které jsou dlouhodobě inbrední, mohou mít nízkou genetickou proměnlivost včetně variant genů se škodlivými účinky. Vedle toho však mohou být i populace, které jsou téměř či úplně neinbrední, u kterých se též může náhodně ustálit varianta především škodlivých alel ovlivňujících negativně kondici jedinců v populaci, a to z důvodu genetické zátěže respektive špatné kvality genotypu jedinců. Rozsah genetické zátěže lze stanovit porovnáním kondice populace na začátku a po připáření malé inbrední populace (Hedrick, 2005). Otázkou také je, jak souvisí inbrední deprese se strukturou populace. Pokud je populace souměrná z hlediska zdravotní kondice, příbuzenská plemenitba ji negativně ovlivní, v případě nesouměrného zdravotního stavu dochází též zpočátku ke

zhoršení, ovšem s dalším příbuzenským připařováním, kdy je narušen polymorfismus, klesá účinek inbrední deprese a výsledek již není tak jednoznačný. Ve studiích je obvykle dosaženo výsledků, že z hlediska struktury populace má inbríding vyšší vliv na neúplnou dominanci než na heterozygotní sestavy s heterózním efektem (Thornhill, 1993). Inbrední deprese snižuje i heterózní efekt (Tave, 1999). Vedle struktury populace závisí také na místě/oblasti, ve které se daná populace nachází, to prokazuje ve své studii Howard et al. (2015), který sledoval aditivní účinky homozygotních genů, tedy genů, které byly homozygotní díky inbrídingu, v různých oblastech USA a Austrálie, kde byly sledovány stejné geny u jerseykých krav, byla objevena proměnlivost v účinku aditivních SNP, v některých geografických oblastech byl aditivní efekt kladný, v jiných oblastech byly následky nepříznivé, to dokazuje, že na projev inbrední deprese má významný vliv také zeměpisná oblast, ve které se dané stádo vyskytuje.

U dojeného skotu je sledování inbrídingu poměrně snadné z důvodu rozsáhlých záznamů o jedincích a tedy i známému rodokmenu do mnoha generací. U divoce žijících zvířat je sledování inbrední deprese bez znalosti předků mnohem komplikovanější. Zjišťováním vlivu inbrídingu a inbrední deprese se zabývá ve svém výzkumu Kardos et al. (2016) a dochází k závěru, že inbríding jedince lze přesněji a spolehlivěji měřit pomocí genomických informací, nežli pomocí tradičních analýz rodokmenu. Z důvodu dostupnosti genomických záznamů upadá dřívější omezení a je možno určit lokusy mající velký účinek na inbrední depresi a proto autoři shledávají pokračování studií tímto směrem jako přínosné. Cílem dalších vědeckých prací a výzkumů by měla být přesnější kvantifikace dopadu inbrední deprese na růst a životaschopnost populace. Sledování genotypu je výhodné pro stanovení inbrídingu i u dojeného skotu, Kim et al. (2015) navrhuje vyzorovat vliv haplotypu a předávání úseků homozygotních alel z rodičů na potomky. V autorově studii bylo prokázáno, že propojením plodnosti spolu s děděnými úseky homozygotních alel dochází u nejčastějšího haplotypu k aditivnímu účinku více genů na plodnost. Není nutné sledovat celý genotyp, vyšší pravděpodobnosti správného odhadu vlivu inbrídingu lze dosáhnout sledováním změn „autozygotnosti“ (předávání homozygotních alel identických původem) na vybrané části haplotypu specifické pro vliv na produkci, než sledováním nárůstu recesivních alel na celém genotypu. To doplňuje také Zhang et al. (2015) – pomocí SNP čipů s hustotou 50 tisíc a více lze přesně detekovat krátké úseky na genotypu jsou homozygotních alely předané od rodičů a jsou tedy s vysokou pravděpodobností identických původem. Kromě SNP lze využít také genomických dat, ty jsou spolehlivé za předpokladu, že jsou informace úplně a kompletní – tedy bez chybějících úseků. SNP čipy ovšem odhalují také velmi významné

nové recesivní mutace, které výrazně negativně ovlivňují plodnost dojnic (nejedná se při tom o recesivní alely identické původem), s tím zatím většina metod nijak nepracuje, ačkoli by bylo přínosné vedle inbrídingu, brát při vytváření přípařovacího plánu v potaz i tyto informace o vlivných mutacích (Cole, 2015).

3.3.2 Vliv inbrídingu na plodnost

Reprodukční znaky jsou nízce dědivé a jsou ovlivněny inbrední depresí. Reprodukce dojeného skotu je významně spojena jak s ekonomikou, tak především s celkovou podstatou chovu skotu, proto je inbrídingu věnována pozornost z hlediska šlechtění. (Jakubec et al., 2010) Z důvodu přípařování menšího počtu býků při umělé inseminaci a tím stále vyšší hladiny koeficientu inbrídingu dochází ke snížení genetické rozmanitosti a k vytváření inbrední deprese ovlivňující všechny ekonomicky důležité produkční i reprodukční vlastnosti (Zhang et al., 2015).

Délka servis periody je jedním z ukazatelů plodnosti krav a je významně ovlivněna inbrední depresí, to potvrzuje svojí studií na holštýnských kravách i Bezdíček et al. (2007), který porovnával délku servis periody a délku březosti u inbredních a neinbredních vrstevnic. Jako vrstevnice byly brány takové krávy, které měly stejného otce, otelili se ve stejném období v rozmezí 3 měsíců a otelily se ve stejném podniku. Koeficient inbrídingu se pohyboval od 1,5 do 25 % a krávy byly rozděleny do několika skupin podle hodnoty koeficientu inbrídingu. Za použití výpočtu metodou nejmenších čtverců byl prokázán vliv inbrídingu na délku servis periody i délku březosti, kdy se stoupajícím se koeficientem příbuzenské plemenitby roste délka období od otelení do zabřeznutí a to tak, že nárůst koeficientu inbrídingu o 1 % prodlužuje servis periodu o 0,22dne. Březost narůstá o 0,063dne. Obecně byla prokázána vyšší variabilita v délkách servis periody a březosti oproti outbredním kravám. Délka mezidobí, zejména pak mezidobí mezi první a druhou laktací, je však inbrídingem ovlivněno více, než servis perioda či délka březosti. Podobné studii se věnoval i Smith et al. (1998), který prokázal vedle snížení počtu laktačních dnů (o 4,8dne v laktaci méně s 1 % inbrídingu) také nárůst servis periody o 0,55dne s každým zvýšeným procentem inbredního koeficientu, a to za výpočtu koeficientu dědivosti $h^2=0,11$. Kromě toho tedy prokázal i negativní vliv inbrídingu na složky mléka a na celkovou životnost krav, což má za následek ekonomické ztráty. Ve svém výzkumu Rokouei et al. (2010) též objevil zvýšení mezidobí – a to o 0,53 dne při vzestupu koeficientu inbrídingu o 1 %. Inbrední deprese se také

projevuje u obtížnosti porodů, vysoce inbrední krávy a jalovice prokazovaly vyšší výskyt obtížných porodů. Kromě reprodukčních vlastností byl opět zaznamenán vliv inbrídingu na počet somatických buněk a na snížení mléčné užitkovosti. Krávy s vyšším koeficientem inbrídingu mají vyšší relativní riziko vyřazení a inbríding u nich ovlivňuje také vlastnosti vemene a tělesného rámce.

Vliv inbrídingu sledoval také Dezetter et al. (2015), který prokázal působením inbrední deprese vedle snížení mléčné užitkovosti také mírné zvýšení počtu somatických buněk. Z reprodukčních vlastností zvyšuje každé procento koeficientu inbrídingu inseminační interval o 0,12 dne a dále snižuje podíl zabřezlých plemenic až o -0,44 % při $F_X=1$ %.

Fuerst-Waltl et Fuerst (2012) se snažili vysvětlit úmrtnost telat po narození u jalovic. Ve sledované populaci byl průměrný koeficient inbrídingu 5,14 %. Byla sledována úmrtnost telat od 48 hodin do 30 dnů, od 31 do 180 dnů, od 181 do prvního otelení nebo do 1200dnů od narození a od 48 hodin do 1200 dnů (případně prvního otelení). Do 30 dnů od narození uhynulo 3,2 % jalovic, za celou dobu odchovu pak uhynulo 9,3 %. Pro odhad vlivu inbrídingu byl použit lineární animal model. Byl prokázán nežádoucí vliv příbuzenské plemenitby na všechny třídy uhynutí jalovic. U jalovic s koeficientem inbrídingu 10 % byla o 4,9 % vyšší úmrtnost než u neinbredních jalovic. Hinrichs et al. (2015) prokázal vliv inbrídingu na porod mrtvě narozených telat a snaha o snížení příbuzenské plemenitby by mohla snížit procento úhynů embryí v prenatalním období. Vliv na obtížnost porodu a hmotnost telat při porodu nebylo možné v tomto výzkumu prokázat, pravděpodobně z důvodu poměrně nízkého koeficientu inbrídingu.

Lazzari et al. (2011) se zabýval vlivem inbrídingu na vývoj embryí. Porovnával čistokrevná embrya holštýnského skotu a embrya vzniklá křížením holštýnského skotu s plemenem brown swiss. Byla vyhodnocována schopnost dělení embryonální buňky, vývoj moruly, fáze blastocysty, metabolismus aminokyselin a exprese vývojově důležitých genů. Výsledky prokázaly výrazné rozdíly u moruly, v expresi tří důležitých genů (MnSOD, gp130 a FGF4) ve fázi blastocysty a využití serinu, asparaginu, metioninu a tryptofanu u 6 dní starého embrya. Bylo zjištěno, že čistokrevné inbrední zárodky měly pomalejší nástup blastocysty v 7. – 8. dni, ve 12. dni byly menší oproti zárodkům kříženců a měly nižší expresi genu trofoblastu PLAC8. Celkově vykazovala čistokrevná embrya snížený a opožděný vývoj. Vysoký inbríding může mít pravděpodobně vliv na metabolismus aminokyselin, expresi genů a neimplantační vývoj a s tím tedy spojený kompletně vliv na správný vývoj plodu a tedy i na plodnost samotnou.

GENOMICKÝ STANOVENÝ INBRÍDING

Po nástupu dostupnosti mikročipů a známosti sekvencí bylo možné vedle tradičních postupů najít uplatnění ve výzkumu na úrovni molekulární genetiky. Při animal modelu není zahrnut vliv dominance a uvažuje pouze o aditivním účinku genů. SNP čipy dávají možnost vysvětlení proměnlivosti kvantitativních znaků jak na úrovni genomu zvířete, tak na úrovni jeho fenotypu. Genomové hodnocení zvířat by mohlo zvýšit přesnost předpovědi budoucích fenotypů z důvodu kombinace jak aditivního účinku genů, tak efektu dominance (Aliloo et al., 2016). Pomocí SNP čipů lze také velmi dobře odhalit úseky homozygotních alel, které jsou identické s haplotypy rodičů. Z toho důvodu určují SNP čipy dobře míru inbrídingu jedince. Tyto mikročipy přinášejí přínos při stanovení selekčních kritérií a zapojení ve šlechtitelských programech (Iacolina et al., 2016).

Bjelland et al. (2013) zkoumal tři různé pohledy na inbríding a vliv na reprodukční vlastnosti. Bylo hodnoceno procento homozygotnosti (v průměru 60,5 %), inbríding vypočítaný z nárůstu homozygotnosti (v průměru 3,8 %) a koeficient inbrídingu odvozen od genomické matice příbuznosti (v průměru 20,8). Vedle průkazného snížení mléčné užitkovosti byly odhaleny následující výsledky spojené s nárůstem koeficientu příbuzenské plemenitby. S nárůstem procenta homozygotnosti vzrostla servis perioda o 1,76 dne, pro příbytek homozygotnosti o 1,72 dne a pro genomickou matici příbuznosti o 1,06 dne. Zhoršení nastává i u obtížnosti porodů o 0,09, 0,03 a 0,04 ve stejném pořadí jako u předchozí vlastnosti a to při 5bodvé stupnici pro hodnocení obtížnosti telení. Negativní vliv byl zjištěn i u vlastností vemene. Snahou Bjelland et al. (2015) bylo dále najít vliv inbrídingu na životaschopnost embryí z důvodu poklesu reprodukčních schopností dojnic způsobené úmrtím embrya. Přes známý genomický inbríding ale nebyl prokázán výrazný vliv příbuzenské plemenitby na životaschopnost embryí, jedním z důvodů může být poměrně nízký počet sledovaných zvířat. Ani Atashi et al. (2012) neprokázal u holštýnských krav v Íránu významný vliv inbrídingu na mrtvě narozená telata, ani na narození dvojčat či vliv na poruchu porodu z hlediska dystokie.

Za pomoci genomiky lze kromě dominance vyjádřit také efekt heterozygotnosti neboli efekt interakce alel nestejného účinku. Z dlouhodobého hlediska je výhodnější využívat i těchto neaditivních genetických vlivů, jelikož pomocí nich lze přesněji a spolehlivěji předurčit kvalitu (plemennou hodnotu) budoucího potomstva a zvolit tak nejvýhodnější přípařovací plán. Při snížení příbuzenské plemenitby o procento lze podle výpočtů (při zahrnutí neaditivního účinku genů) zvýšit zisk na jedince o 8,42 australských dolarů (cca 160,5 Kč). V této studii bylo předpovězeno za použití neaditivních účinku genů (dominance

a heterozygotnosti) zvýšení mléčné užitkovosti, snížení mezidobí a snížení koeficientu inbrídingu (Aliloo et al., 2017).

3.3.3 Zahrnutí inbrídingu při výpočtu plemenné hodnoty

Pro výpočet koeficientu inbrídingu lze využít několika metod. U známých předků je výpočet snadný, autoři se ale rozcházejí při vyhodnocování koeficientu inbrídingu v případě, že jedinec nemá známého jednoho nebo obou předků. VanRaden (1992) provedl výpočet koeficientu inbrídingu pro 9,3milionu holštýnského skotu. Jelikož v dávnějších generacích chyběli známí předci potomků, vytvořil metodu výpočtu tak, že pro neznámé předky bude přiřazena průměrná hodnota koeficientu inbrídingu, jež mají známí předci ostatních jedinců ve stejné generaci. Díky tomuto vyhodnocení inbrídingu lze porovnávat vztahy i mezi populacemi dojeného skotu. Čistokrevní jedinci mají vyšší stupeň koeficientu příbuzenské plemenitby, než jedinci vzniklí křížením. Výraznější projev heterozního efektu je u jedinců, kteří mají nižší koeficient inbrídingu. Pro výpočet a dosažení průměrů k neznámým předkům lze použít program EVA, do výpočtu mohou vstupovat jen jedinci, kteří mají známý rok narození (Berg, et al., 2006).

V jiných výpočtech jsou neznámí jedinci bráni jako neinbrední, jako tomu je při výpočtu pomocí programu CFC (Sargolzaei et al., 2006). Stachowicz et al. (2011), použil obou výpočtů pro koeficient inbrídingu. Rozdíl mezi nárůstem koeficientu inbrídingu dle VanRadena a bez dosažení průměrných hodnot pro neznámé předky se za jednotlivá desetiletí (v letech 1950 – 2007) pohyboval v rozmezí od -0,02 do 0,02 %. Z výsledků není patrný výrazný rozdíl. Jednotliví autoři vyhodnocují koeficient inbrídingu jednou či druhou metodou, případně oběma cestami.

Vedle výpočtů podle rodokmenů je využíváno zmíněných SNP čipů, které naleznou homozygotní úseky DNA, které jsou beze změny předávány z rodičů na potomky a vyskytnuté alely zde jsou s vysokou pravděpodobností identické původem (Iacolina et al., 2016, Aliloo et al., 2016).

4 Materiál a metody

Diplomová práce byla řešena v několika krocích a byla zpracována v rámci výzkumného úkolu QJ1510139, řešeného ve VÚŽV Uhřetěves. Prvním krokem bylo načtení záznamů s užitkovostmi zvířat a jejich úprava, načtení záznamů s rodokmeny a vytvoření rodokmenu pro vybraná zvířata. V druhém kroku byl vypočten pro každé zvíře z vytvořeného rodokmenu koeficient inbrídingu, jež byl poté začleněn do souhrnného datového souboru. V dalším kroku byly testovány jednotlivé modelové rovnice, jejichž cílem bylo zjistit vliv jednotlivých efektů, zvláště pak efektu inbrídingu, na zabřezávání jalovic či krav. Snahou bylo co nejlépe vysvětlit úspěšnost zabřezávání holštýnského skotu a zjistit, jak ovlivní tuto předpověď již zmiňovaný inbrední koeficient zvířete. Pomocí metody BLUP s vybranými efekty bylo posouzeno, jak zahrnutí inbrídingu ovlivňuje plemenné hodnoty. Pro úpravu dat a testování modelů s pevnými efekty byl použit program vytvořený autorkou diplomové práce v softwaru SAS (Statistical Analysis System) verze 9.4 (SAS, 2013). Pro úpravu textového souboru byl použit software PSPad verze 4.5.6. Pro výpočet inbrídingu byl použit software CFC (Contribution, Inbríding (F), Coancestry) verze 1.0 (Sargolzaei et al., 2006). Pro výpočty rovnice pouze s pevnými efekty byla použita metoda nejmenších čtverců. Pro iterace pro určení rozptylů a kovariancí, a pro výpočty plemenných hodnot byla použita metoda gibbs sampling za využití software gibbs1f90 (Misztal et al., 2014) a blupf90 (Misztal et al., 2002).

4.1 Vstupní data a jejich úprava

Vstupními záznamy bylo několik textových souborů získaných od svazu chovatelů mléčného skotu a poskytnutých od Plemdat s.r.o. Prvním souborem byl soubor krav obsahující číslo krávy, datum narození, věk otelení, pořadí laktace, datum otelení, datum zapuštění, číslo technika, pořadí inseminace, číslo chovu, informaci o zabřeznutí, inseminační interval, servis periodu, mezidobí a číslo býka, jehož inseminační dávka byla použita. V tomto souboru bylo celkem 4 851 405 záznamů a to celkem od 842 661 krav, na každou krávu bylo tedy v průměru 5,76 záznamů o zabřeznutí. Záznamy byly od roku 1984 do roku 2014.

Veškeré úpravy dat jsou zaznamenány v příloze 1 a následujícím popisem jsou vysvětleny postupně jdoucí kroky. Aby nebyla použita stará data, byly odstraněny všechny záznamy do roku 1996. Březost byla hodnocena od 0 do 9. Význam jednotlivých čísel je znázorněn na přiložené tabulce 2.

Tabulka 2. Vysvětlení čísel zaznamenávajících březost plemenic (Plemdat, 2016)

Číslo	Význam
0	Vyšetřena jalová v běžném stavu
1	Nevyšetřena v běžném termínu pro odsun n pastvu, nemoc apod., která bude vyšetřena dodatečně
2	Nevyšetřena pro vyřazení (úhyn, jatky apod.)
3	Vyřazena pro vyšetření na březost (původní znak vyšetření platí)
4	Výplach embrya u dárkyně určeného pro ET
5	Vyšetřena jalová dodatečně (původně znak 1)
6	Vyšetřena jalová (oprava z původně vyšetřené březí)
7	Vyšetřena březí mimo běžný termín dodatečně (původně znak 1)
8	Vyšetřena březí (oprava z původně vyšetřené jalové)
9	Zabřezlá v běžném termínu (přiděluje počítač)

Pro lepší přehlednost byly použity záznamy pouze jalová či zabřezlá v běžném termínu, hodnota zabřezlé byla upravena na hodnotu 1000 z důvodu přehlednějších výsledků při výpočtech. Krávy s mezidobím vyšším jak 500 dní byly ze souboru odstraněny. Po těchto opatřeních se data snížila na 3 598 942.

Soubor jalovic obsahoval číslo jalovice, datum narození, věk při zapuštění ve dnech, datum zapuštění, číslo technika, pořadí inseminace, číslo chovu, informaci o zabřeznutí a číslo býka použitého pro inseminaci. Celkem vstupovalo do hodnocení 3 123 511 záznamů a to od 1 914 938 jalovic, na každou jalovici bylo tedy v průměru 1,63 záznamu.

Data roku narození a zabřeznutí byla ošetřena stejně jako u prvního datového souboru s kravami. Poté se soubor jalovic snížil na 3 033 033 záznamů a to s celkem 1 875 090 jalovicemi. Z uvedeného vyplývá, že většina záznamů byla novějšího data narození a že nebylo příliš mnoho jedinců, u nichž by docházelo k abortům či jiným netypickým projevům březosti.

Data bylo potřeba spojit, po spojení došlo k dalším úpravám. Byli odstraněni jedinci, kteří neměli záznam o březosti, pokud byl insemináční interval u krav vyšší jak 365dní, byla taková kráva ze souboru též vyhozena. Též byli vyřazeni jedinci, kteří neměli žádný záznam o plodnosti. Soubor poté čítal 7 594 979 záznamů o plodnosti krav a jalovic s celkem 1 962 345 jedinci. Tito jedinci se nacházeli v celkem 12 952 chovech, v průměru se tedy

v jednom chovu nacházelo 151,5 krav (případně jalovic). Následně byly z těchto dat vytvářeny jednotlivé efekty, které byly zahrnuty do následující modelové rovnice.

Modelová rovnice plodnost: $y = x_1 + x_2 + x_3 + x_4 + x_5 + x_6 + x_7 + x_8 + x_9 + x_{10} + x_{11} + z_1 + z_2 + e$

Kde:

y – binární záznam zabřezla/nezabřezla pro krávy a jalovice
efekty $x_1 - x_{11}$ jsou efekty fixní, z_1 a z_2 jsou efekty náhodné.

$x_1 - SRNO$ = spojení stádo rok období narození

$x_2 - SRZO$ = spojení stádo rok období zapuštění

$x_3 - TR$ = spojení technik rok inseminace

x_4 a x_5 – věk a věk² při inseminaci

x_6 a x_7 – inseminační interval a inseminační interval² (jen pro krávy)

$x_8 - BR$ = spojení čísla býka a roku inseminace

x_9 a x_{10} – inbrední koeficient a inbrední koeficient²

x_{11} – pořadí laktace (jen pro krávy)

z_1 – přímý genetický efekt jedince

z_2 – trvalé prostředí jedince

e – zbytková chyba

Pro vytvoření těchto efektů bylo za stádo považováno číslo chovu. Efekt SRNO byl vytvořen spojením čísla chovu, roku narození a období. Období bylo vytvořeno jako jaro, kam byly zahrnuty měsíce březen, duben a květen, léto, do nějž byly dány měsíce červen až srpen, do podzimu září až listopad a do zimy prosinec spolu s lednem a únozem, kdy prosinec byl zařazen do zimy následujícího roku, aby byl přiřazen ke navazujícímu období jako leden a únor. Efekt SRZO byl vytvořen spojením čísla chovu, roku a měsíce zapuštění, neboť období by zde byl velmi dlouhý časový úsek. Číslo technika bylo spojeno s rokem zapuštění z důvodu možnosti zlepšování technika s narůstající praxí. Věkem se rozumí věk ve dnech, v den, kdy byla kráva či jalovice inseminována, u jalovic byl tento věk již udán, u krav byl věk vypočten tak, že byl vytvořen „věk“ ve dnech při narození a „věk“ ve dnech při zapuštění tato dvě čísla byla do sebe odečtena a vznikl správný věk ve dnech při zapuštění. Věk byl dále ošetřen tak, že byly odstraněny nežádoucí údaje o jalovicích, jejichž věk při zapuštění byl menší, než 365 dní, jelikož není možné, aby takto mladé jalovičky byly zapouštěny z důvodu

nedostatečné hmotnosti a tedy nedosažení chovatelské dospělosti, stejně tak bylo určeno, aby kráva nebyla zapouštěna dříve jak v 680 dnech. Efekt inseminčního intervalu ve dnech byl již v datech vytvořen a byl tedy volně použit. Pro efekt BR bylo spojeno číslo býka s rokem zapuštění z důvodu stáří, kvality a ředění spermatu. Koefficient inbrídingu byl vypočítán pomocí výše uvedeného softwaru CFC. Přímý genetický efekt je číslo jedince shodující se s číslem v rodokmenu a trvalým prostředím je číslo krav a jalovic ze záznamu s užitkovostmi přečíslované od 1.

Efekt SRNO, SRZO, TR a BR byly postupně seřazeny a přečíslovány od 1 pro snazší a přehlednější výpočty.

Následně byl načten rodokmen pro krávy a jalovice s celkem 7 943 232 jedinci a jejich rodiči a rodokmen pro býky s celkem 75 639 zvířaty a jeho rodiči. Oba soubory obsahovaly záznamy o rodičích daného jedince, podíl genů českého strakatého skotu, holštýnského a red holštýnského skotu, dále je v záznamech uvedena země původu, datum narození a původní číslo jedince. Tyto dva rodokmeny byly spojeny v jeden a byly ošetřeny případné chyby – číslo jedince se nesmí shodovat s číslem jeho otce či matky, stejně tak otec nemůže mít stejné číslo jako matka, pokud je ono číslo odlišné nuly (chybějící údaj). Celkový rodokmen měl po opravě 8 018 814 jedinců. Následovalo propojení rodokmenu s užitkovostmi, aby byly užitkovosti dále ošetřeny – byli odstraněni jedinci, jež měli podíl genů holštýnského skotu nižší než 75 %. Poté, co v datech s užitkovostmi zbyly jen krávy (jalovice) holštýnského skotu, byly opatřeny další kroky pro úpravu, jelikož je potřeba, aby každý efekt měl dostatečný počet pozorování. Cílem bylo, aby každé SRNO mělo 30 a každé SRZO alespoň 10 pozorování, aby byl každý býk v daném roce použit alespoň 100x k inseminaci a aby každý technik za rok neinseminoval alespoň 500 krav. Dále bylo požadavkem, aby měl každý otec alespoň 5 dcer. Tento krok se iteroval 30x, než se údaje nakonec ustálily.

Po této úpravě záznamů s užitkovostmi se, přistoupilo ke spojení rodokmenu s užitkovostmi, vznikl nový rodokmen, který zahrnoval pouze jedince ze souboru s užitkovostmi a jejich předky. Rodokmen byl vytvořen postupným přiřazováním rodičů k jedincům s užitkovostí, následně byli rodiče přesunuti na místo jedinců a byli k nim přiřazeni opět rodiče, tento cyklus byl opakován 32x, aby byl rodokmen co nejhlubší, po 14. opakování se již rodokmen nezvětšoval, je tedy známo 14 generací předků zvířat s užitkovostmi. Tento nový rodokmen byl vložen do programu CFC a byly vypočteny koeficienty inbrídingu, které byly přiřazeny opět ke zvířatům s užitkovostmi, a byla spuštěna metoda nejmenších čtverců. Pro výpočty metodou BLUP s náhodnými efekty (trvalé prostředí

jedince a přímý genetický efekt jedince) byl vytvořen znovu rodokmen, který obsahoval pouze 5 generací.

Následovalo přečíslování všech zvířat, aby každé z nich mělo jedno jedinečné nejmenší možné číslo, toto nové číslo pak bylo přiřazeno i v souboru s užitkovostmi. Stejně tak bylo přiřazeno nové jedinečné nejmenší číslo efektům SRNO SRZO TR a BR, jelikož na sebe čísla těchto efektů po všech úpravách vzestupně nenavazovala.

Pro stanovení rozptylů a kovariancí byl spuštěna metoda gibbs sampling a po zaznamenání složek rozptylu do kovariančních matic, byla spuštěna metoda BLUP pro výpočet plemenných hodnot a vektorů odhadu pevných efektů (b) a náhodných efektů (z). Výpočet byl spuštěn 2x – pro vyhodnocení dat za použití koeficientu inbrídingu, tak bez tohoto efektu. Vstupující data byla lehce pozměněna, jelikož program blupf90 (Misztal et al., 2002) nepracuje s hodnotou 0, byly údaje o plemenicích, jež nezabřezly zaznamenány hodnotou 0,00001, zabřezlým údajům byla ponechána hodnota 1000.

5 Výsledky

5.1 Popisná statistika

5.1.1 Soubor s užitkovostmi

V souboru, který byl upraven podle výše uvedených postupů, se nacházelo 2 399 143 záznamů o březosti krav a 849 156 záznamů o březosti jalovic. 3 248 299 záznamů bylo od 677 234 jedinců.

Příložená tabulka 3 znázorňuje výsledky popisné statistiky upraveného souboru krav a jalovic.

Tabulka 3. Hodnoty po cyklickém odstranění nevyhovujících dat (pro celkem 3 248 299 záznamů)

VLASTNOST	PRŮMĚR	SMĚRODATNÁ ODCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
Březost krav	337,31	472,79	0	1000
Březost jalovic	537,53	498,59	0	1000
Věk při inseminaci	1147,19	601,79	365	5895
Inseminační interval	132,43	69,72	10	365
Pořadí laktace	2,15	1,26	1	12

Věk a inseminační interval je zaznamenán ve dnech, březost krav a jalovic je vyhodnocena ze záznamů 0 pro nezabřeznutí a 1000 pro záznam o zabřeznutí.

V průměru je úspěšnost zabřeznutí krávy 33,73 % jalovice zabřezávají lépe a je zde 53,75 % úspěšnost zabřeznutí. Věkové rozmezí při zapaštění bylo od 365 do 5 895 dní, nejstarší kráva měla více jak 16 let při zapaštění a byla na 12. laktaci, nejstarší kráva, která zabřezla, měla 5 444 dní, tedy necelých 15 let.

Tabulka 4 znázorňuje výsledky po opakovaném vyřazení efektů s požadavky na minimální počty úrovní: 30 SRNO, 10 SRZO, 100 BR, 500 TR a minimálně 5 otců na krávu/jalovici. Cyklus pro ustálení všech efektů proběhl 18x.

Tabulka 4. Hodnoty upravovaných efektů po cyklickém odstranění nevyhovujících dat (celkem 3 248 299 záznamů)

EFEKT	POČET	MINIMUM	MAXIMUM
SRNO	28172	30	938
SRZO	70545	10	315
BR	4884	100	12203
TR	2083	500	6881
OTCOVÉ	4330	5	7020

SRNO = stádo-rok narození-období, SRZO = stádo-rok zapaštění-období, BR = býk-rok inseminace, TR = technik-rok inseminace

Všechna zvířata byla začleněna celkem do 28 172 SRNO, každé SRNO mělo v průměru 115,3 záznamů. SRZO bylo celkem 70 545, v každém efektu stáda roku a měsíci zapaštění bylo průměrně 46 záznamů. Efekt TR čítal 2 083 hodnot, na každý rok cca 116 inseminačních techniků. Efekt BR obsahuje 4 884 hodnot, na každý rok připadlo cca 271 býků k inseminaci.

5.1.2 Inbríding

Do programu CFC vstupoval rodokmen s celkem 1 235 982 zvířat, z toho s koeficientem inbrídingu bylo 976 900 jedinců. Rozložení zvířat pro jednotlivé intervaly koeficientu inbrídingu je znázorněno v následující tabulce 5. Celý statistický výstup z programu CFC (Sargolzaei et al., 2006) je umístěn v příloze 2.

Tabulka 5. Rozložení populace v rozmezí koeficientu inbrídingu

KOEFICIENT INBRÍDINGU	POČET JEDINCŮ	CELKEM
0,40 < F ≤ 0,45	1	1
0,35 < F ≤ 0,40	0	1
0,30 < F ≤ 0,35	15	16
0,25 < F ≤ 0,30	449	465
0,20 < F ≤ 0,25	89	554
0,15 < F ≤ 0,20	606	1160
0,10 < F ≤ 0,15	3620	4780
0,05 < F ≤ 0,10	157228	162008
0,00 < F ≤ 0,05	814892	976900
0,00 ~ neinbrední	259082	1235982

F = koeficient inbrídingu

23 094 otců má 1 203 688 potomků, matek je 839 639 a má známých 1 140 223 potomků. Celkem je 862 733 jedinců, jež mají potomky, 373 249 jedinců nemá v rodokmenu známé potomky. Zakladatelů je 25 423 z toho 22 310 matek a 3 113 otců, s celkem 32 435 potomky. Ostatních 1 210 559 jedinců, 19 981 otců a 817 329 matek nelze brát jako zakladatele pro všechny další jedince. 70 336 jedinců má známého pouze otce, pouze matku má známo 6 871 jedinců, oba rodiče má známo 1 113 352 zvířat. Inbrední koeficient se u zvířat pohyboval v rozmezí od 0 do 0,45.

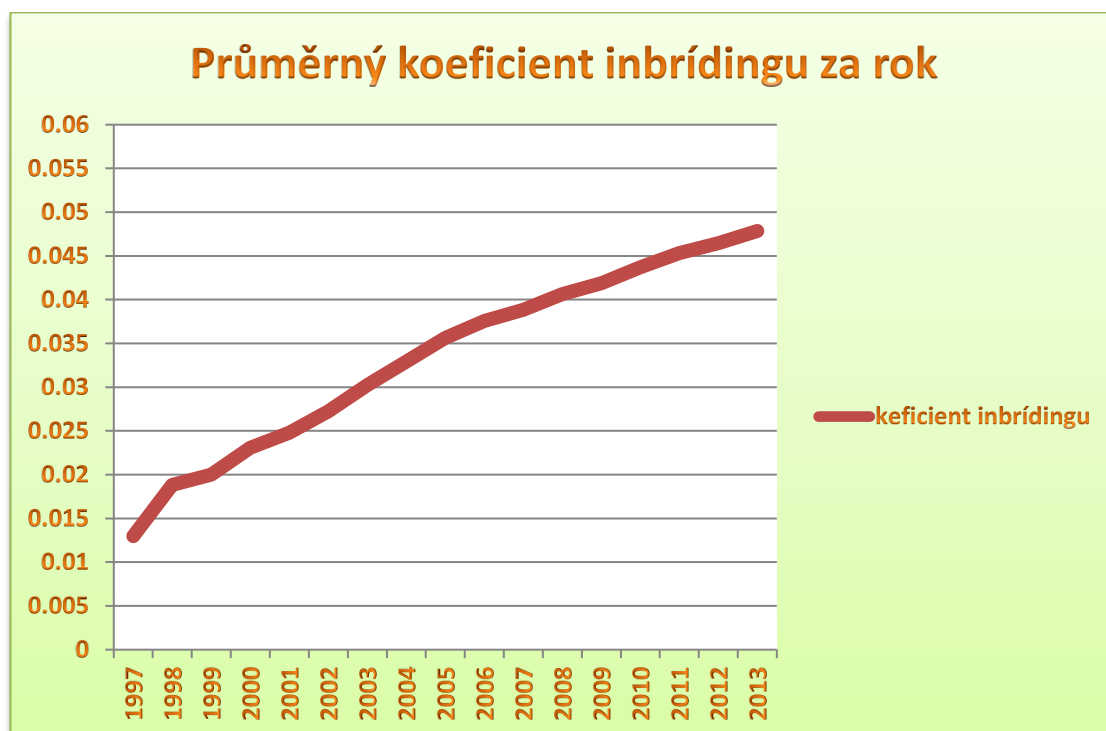
Hodnoty pro průměrné koeficienty příbuzenské plemenitby ve sledovaném souboru jsou znázorněny v následující tabulce 6 a vzestupný trend je zachycen na grafu 1.

Tabulka 6. Průměrný koeficient inbrídingu za jednotlivé roky v rámci populace holštýnského skotu v České republice

ROK NAROZENÍ	POČET JEDINCŮ	INBREDNÍ KOEFCIENT
1996	10	0,012977
1997	178	0,018831
1998	1480	0,020001
1999	6690	0,023069
2000	16259	0,024784
2001	26235	0,027233
2002	36857	0,030255
2003	46142	0,032932
2004	51062	0,035638
2005	53135	0,037563
2006	54564	0,038861
2007	55241	0,040626
2008	57622	0,041873
2009	57701	0,043727
2010	59221	0,045317
2011	59080	0,046443
2012	54699	0,047853
2013	41058	0,049497

Průměrný inbríding pro krávy a jalovice s užitkovostmi stoupal s rokem narození. V roce 1996 byl průměrný inbrední koeficient lehce přes 1 %, v roce 2013 byl již skoro 5 %. Výsledky jsou sice ovlivněny počtem vstupujících jedinců do výpočtu, koeficient inbrídingu ale prokazatelně s každým rokem roste, srovnatelný počet plemenic narozených z roku 2012 a roku 2006 vykazuje rozdíl v průměru koeficientu inbrídingu, který za 6 let vzrostl o cca 0,92 %. Přesto, že v roce 2013 bylo méně vstupujících zvířat do výpočtu, je koeficient inbrídingu vyšší než o cca 1,66 % než tomu bylo v roce 2003, kde byl záznam o 5084 více plemenících.

Graf 1. Nárůst průměrného koeficientu příbuzenské plemenitby za jednotlivé roky na populaci holštýnského skotu v České republice



Výsledná křivka znázorňuje téměř přímou úměrnost mezi rokem narození a koeficientem inbrídingu.

5.2 Výsledky metody nejmenších čtverců pro pevné efekty

Výpočet metodou nejmenších čtverců byl stanoven zvlášť pro jalovice a pro krávy. Byly vytvářeny modelové rovnice, které koeficient inbrídingu (F) neobsahovaly a následně modelové rovnice, jejichž součástí byl mimo jiné i F. S efektem inbrídingu a věkem bylo počítáno jako s křivkovou regresí. Kód pro výpočet je zaznamenán v příloze 4 pro jalovice a 3 pro krávy. Metodou nejmenších čtverců byly vyhodnoceny různé modelové rovnice, tabulka 7 pro jalovice a 8 pro krávy zaznamenává, které efekty byly do modelu zahrnuty a jakého koeficientu determinace (r^2) bylo daným modelem dosaženo, tedy jak je modelem procentuálně vysvětlena plodnost krav/jalovic. Zahrnutí efektu do modelu je znázorněno v tabulce znakem X. Pokud se v tabulce u efektu vyskytuje písmeno A, byla použita funkce „absorb“, a to z důvodu vysokého počtu úrovní, jednalo se o dva největší efekty SRZO a SRNO. U jalovic vstupovalo do výpočtu celkem 849 156 pozorování a u krav 2 399 143 pozorování.

Tabulka 7. Efekty zahrnuté do modelové rovnice výpočtu metodou nejmenších čtverců pro jalovice (849 156 vstupujících záznamů)

Model	EFEKT						r ²
	SRNO	SRZO	TR	BR	Věk	IBD	
1	A						0,0641
2	A		X	X	X		0,0827
3	A	A					0,2055
4	A	A	X	X	X		0,2206
5		A	X	X	X		0,1266
6		A					0,1081
7					X		0,0021
8			X		X		0,0303
9				X	X		0,0324
10			X	X			0,0479
11				X			0,0303
12			X				0,0279
13			X	X	X		0,0502
14	A		X	X	X	X	0,0865
15	A	A	X	X	X	X	0,2206
16		A	X	X	X	X	0,1267
17					X	X	0,0025
18			X		X	X	0,0304
19				X	X	X	0,0325
20				X		X	0,0304
21			X	X		X	0,0479
22			X			X	0,0279
23						X	0,0002
24			X	X	X	X	0,0502

IBD = koeficient inbrídingu, r² = koeficient determinace, A = absorb, X = použití znaku v modelu

Z výsledků viditelných v tabulce 7 pro jalovice je patrné, že efekt inbrídingu zvyšuje vysvětlení proměnlivosti plodnosti maximálně o 0,1 %. Nejvýhodnější jsou model $y = \text{absorb SRNO} + \text{absorb SRZO} + \text{TR} + \text{věk} + \text{věk}^2 + \text{BR} + \text{ibd} + \text{ibd}^2 + e$. Tímto modelem lze vysvětlit z 22,06 % zabřezávání jalovic. U všech modelových rovnic byla p-hodnota < 0,0001, všechny použité modely byly tedy statisticky významné. Kromě inbrídingu se též nevyznačuje ani věk při zapouštění jako významný efekt, který by ovlivňoval zabřezávání jalovic, dle p-hodnoty jsou ale tyto efekty statisticky významné.

U krav byl kromě věku a koeficientu inbrídingu brán jako regrese též inseminační interval (insit), dále byl použit u krav v modelu i efekt pořadí laktace (porlak).

Tabulka 8. Efekty zahrnuté do modelové rovnice výpočtu metodou nejmenších čtverců pro krávy (2 399 143 vstupujících záznamů)

Model	EFEKT								r ²
	SRNO	SRZO	TR	Věk	Insit	Porlak	BR	Ibd	
1	A								0,0240
2	A		X	X	X	X	X		0,0400
3	A	A							0,3323
4	A	A	X	X	X	X	X		0,3399
5		A	X	X	X	X	X		0,0624
6		A							0,0513
7				X					0,0022
8			X						0,0127
9					X				0,0005
10						X			0,0019
11							X		0,0104
12			X	X	X	X	X		0,0246
13	A		X	X	X	X	X	X	0,0402
14	A	A						X	0,3325
15	A	A	X	X	X	X	X	X	0,3400
16		A	X	X	X	X	X	X	0,0626
17		A						X	0,0513
18								X	0,0002
19			X	X	X	X	X	X	0,0249

Insit = inseminační interval, Porlak = pořadí laktace

Z důvodu obsáhlejších dat než u jalovic je uvedeno méně různých typů modelových rovnic, aby výpočty proběhly, přesto je nejlépe vysvětlujícím modelem takový, který zahrnuje všechny efekty – modelová rovnice pro zabřeznutí $y = \text{absorb SRNO} + \text{absorb SRZO} + \text{TR} + \text{věk} + \text{věk}^2 + \text{insit} + \text{insit}^2 + \text{porlak} + \text{BR} + \text{ibd} + \text{ibd}^2 + e$. Tímto modelem byla vysvětlena plodnost krav z 34 %.

Dále byl stanoven čistě vliv inbrídingu a to u různých skupin inbredních zvířat podle procenta koeficientu inbrídingu (F). Byla brána zvířata s inbrídingem do 0,5 %, od 1 do 15 % vzestupně po procentu, dále 20 %, 25 %, 30 % a 35 %, výpočet pro zvířata s více jak 35 % koeficientem inbrídingu nebyl proveden, z důvodu pouze jednoho zvířete s takto vysokým F. Výpočet nejmenších čtverců pro jednotlivé úseky inbrídingu je k nahlédnutí v příloze 5. V následujících tabulkách 9 pro jalovice a 10 pro krávy je znázorněna změna koeficientu spolehlivosti r^2 se vzrůstajícím koeficientem inbrídingu. Pro upřesnění je v tabulce zaznamenána i hodnota statistické průkaznosti.

Tabulka 9. Význam inbrídingu při jeho různé úrovni metodou nejmenších čtverců u jalovic (849 156 vstupujících záznamů)

KOEFICIENT INBRÍDINGU	POČET POZOROVÁNÍ	R2	P
0,5 %	846407	0,000205	< 0,0001
1 %	842544	0,000200	< 0,0001
2 %	801739	0,000183	< 0,0001
3 %	686492	0,000167	< 0,0001
4 %	468067	0,000133	< 0,0001
5 %	214099	0,000159	< 0,0001
6 %	80280	0,000081	0,0394
7 %	34389	0,000095	0,1949
8 %	16382	0,000208	0,1814
9 %	9072	0,000014	0,9401
10 %	5807	0,000019	0,9453
11 %	3244	0,000041	0,9361
12 %	1967	0,000724	0,4912
13 %	1541	0,000256	0,8212
14 %	1415	0,000681	0,6181
15 %	1222	0,001184	0,4858
20 %	456	0,005906	0,2614
25 %	447	0,004819	0,3422
27 %	355	0,015163	0,0679
30 %	21	0,100076	0,3871

p = statistická významnost

Se vzrůstajícím koeficientem inbrídingu klesá (obzvlášť u vysokých procent – tedy cca od 5 respektive 10 %) počet pozorování a s tím klesá i p-hodnota, tedy statistická průkaznost daného výsledků. Pokud je $p > 0,05$, pak není dostatečně statisticky průkazný takový výsledek a nelze ho tedy brát za dostatečně správný. U jalovic z důvodu menšího počtu záznamů roste hodnota statistické průkaznosti od 6 % výš. U 30 % Wrightova koeficientu inbrídingu je sice vysvětlena plodnost pouhou hodnotou inbrídingu z 10 %, ovšem do této rovnice vstupovalo pouze 21 záznamů jalovic a výsledek není statisticky průkazný. Determinační koeficient

neprokazuje přímou závislost na vzrůstajícím procentu inbredního koeficientu, proto se samotný koeficient inbrídingu nezdá být zcela podstatný pro vysvětlení plodnosti jalovic.

Tabulka 10. Význam inbrídingu při jeho různé úrovni metodou nejmenších čtverců u krav

KOEFICIENT INBRÍDINGU	POČET POZOROVÁNÍ	R2	P
0,5 %	2369305	0,000177	< 0,0001
1 %	2332440	0,000173	< 0,0001
2 %	2106682	0,000121	< 0,0001
3 %	1654735	0,000079	< 0,0001
4 %	1016013	0,000049	< 0,0001
5 %	437943	0,000076	< 0,0001
6 %	159540	0,000071	0,0034
7 %	66691	0,000103	0,0325
8 %	31366	0,000185	0,0546
9 %	17251	0,000327	0,0594
10 %	10566	0,000543	0,0568
11 %	5995	0,000949	0,0581
12 %	4249	0,001209	0,0767
13 %	3550	0,001597	0,0587
14 %	3133	0,001881	0,0525
15 %	2607	0,001999	0,0739
20 %	1049	0,001750	0,4002
25 %	1032	0,002137	0,3326
27 %	756	0,001737	0,5197
30 %	76	0,013814	0,6019

U krav sice statistická průkaznost neklesala tak rapidně jako u jalovic, to je ale způsobeno především více jak dvojnásobným počtem záznamů. Stejně jako u jalovic se ani u krav nezdá efekt inbrídingu pro model za použití pouze pevných efektů příliš podstatný pro stanovení plodnosti.

5.3 Výsledy složek rozptylu

Byl nastaven parametrový soubor pro model o dvou závisle proměnných, kterými jsou plodnost krav a plodnost jalovic. Plodnost nebyla brána jako jedna proměnná z důvodu, že jalovice obecně zabřezávají snadněji, kdyby bylo s plodností krav a jalovic pracováno jako se stejnou proměnnou, byla by brána korelace mezi zabřezáváním krav a jalovic 1, to však nelze předpokládat a díky následným výpočtům je též tato domněnka vyvrácena a bylo potvrzeno, že korelace mezi zabřezáváním krav a jalovic je nižší než 1, a je proto potřeba s těmito vlastnostmi pracovat odděleně. Nutno podotknout, že výpočty iteračním postupem gibbs sampling nebyly ukončeny, z plánovaného 1 milionu proběhlo z technických důvodů (zastavení všech pracujících operací z důvodu doplnění nových pamětí RAM do hlavního počítače ve výzkumném ústavu živočišné výroby v Úhřetěvesi) pouze 253700 iterací za 2 měsíce neustálých výpočtů. Většina výpočtů rozptylů a kovariancí již byla ustálena, některé složky rozptylu by ale mohly být za delší iterativní zpracování rozdílné, proto nejsou výsledné výpočty konečné. Byly vytvořeny 3 kovarianční matice a to matice pro přímý genetický efekt jedince \mathbf{j} , matice pro trvalé prostředí \mathbf{tp} a matice reziduí \mathbf{r} .

$$\mathbf{j} = \begin{bmatrix} 0,0043006 & 0,0020069 \\ 0,0020069 & 0,0029877 \end{bmatrix} \mathbf{tp} = \begin{bmatrix} 0,0088492 & 0,0025993 \\ 0,0025993 & 0,0130209 \end{bmatrix}$$
$$\mathbf{r} = \begin{bmatrix} 0,2031547 & 0,1061500 \\ 0,1061500 & 0,2135876 \end{bmatrix}$$

Na diagonále matic se vyskytují rozptyly a na vedlejší ose kovariance, první řádek a první sloupec v každé matici vysvětluje rozptyl náhodných efektů pro krávy, druhý řádek druhý sloupec je rozptyl náhodných efektů pro jalovice.

Hodnoty v maticích jsou průměry z posledních cca 60 000 iterací, z těchto hodnot byl vypočten fenotypový rozptyl σ_p^2 , dědivost h^2 , korelační koeficient r , koeficient opakovatelnosti, rozptyl a korelační koeficient opakovatelnosti.

Výsledky dědivosti, korelací, opakovatelnosti a vysvětlení proměnlivosti trvalým prostředím jsou zaznamenány pro přehlednost níže v tabulce 11.

Tabulka 11. Genetické parametry metodou gibbs sampling (3 248 299 vstupujících záznamů)

	h^2 (%)	c^2 (%)	r_g	r_{tp}	r_r	r_f	op (%)	r_{op}
KRÁVY	1,99	4,09	/	/	/	/	6,08	/
JALOVICE	1,30	5,67	0,56	0,24	0,51	0,50	6,97	0,32

h^2 = vysvětlení proměnlivosti genetickým založením jedince, c^2 = vysvětlení proměnlivosti trvalým prostředím, r_g = korelace mezi plodností krav a jalovic v rámci genetického efektu jedince, r_{tp} = korelace mezi plemenici v rámci trvalého prostředí, r_r = korelace mezi plemenici v rámci rezidua, r_f = fenotypová korelace, op = koeficient opakovatelnosti, r_{op} = korelace mezi koeficienty opakovatelnosti

Dědivost pro krávy vyšla 1,99 %, pro jalovice 1,30 %. Vliv trvalého prostředí na celkovou proměnlivost je pro jalovice 5,67 % a pro krávy 4,09 %. Korelace mezi plodností krav a jalovic v rámci efektu jedince vyšla 0,56, tedy střední závislost, korelace mezi kravami a jalovicemi v rámci trvalého prostředí je 0,24, tedy nízká závislost a korelace v rámci rezidua 0,51. Fenotypová korelace je střední 0,50. Koeficient opakovatelnosti pro krávy je 0,06, pro jalovice 0,07. Korelace opakovatelnosti vychází slabá až střední, a to 0,32.

5.4 Výsledky z BLUP animal modelu

Cílem bylo zjistit odlišnosti ve výsledcích na základě zahrnutí či vynechání efektu koeficientu inbrídingu a vyhodnocení předpovědi plemenné hodnoty jedince. Parametrové soubory jsou k nahlédnutí v příloze 7 (s inbrídingem) a 8 (bez inbrídingu). Výpočty běžely při konvergenčním kritériu 10^{-17} zhruba 2 hodiny pro modelové rovnice, které se nejlépe osvědčily při výpočtu metody nejmenších čtverců. Následné zpracování výsledků pomocí softwaru SAS je přiloženo v příloze 9. V následující tabulce 12 (pro krávy), 13 (pro jalovice) bez efektu inbrídingu a v tabulce 14 (pro krávy), 15 (pro jalovice) s efektem inbrídingu lze vypočítat odlišnosti ve výsledcích vektorů pevných efektů (b) a náhodného efektu (z) pro trvalé prostředí.

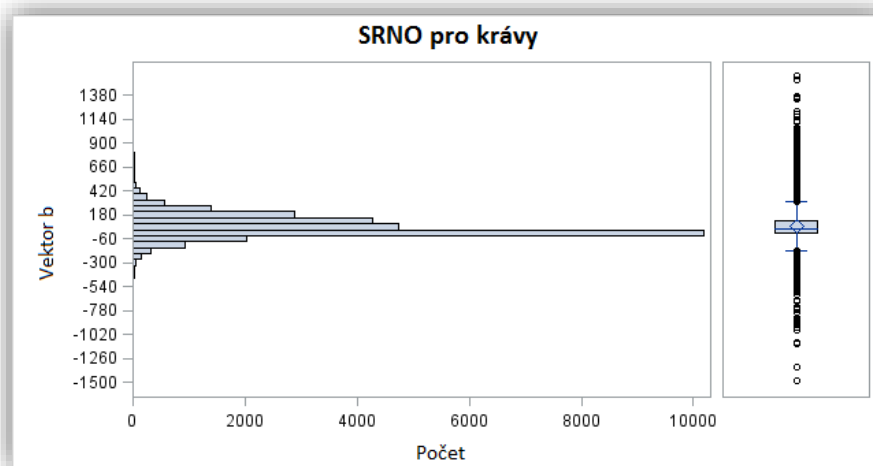
Tabulka 12. Průměrné hodnoty pevných efektů a náhodného efektu pro model bez zahrnutí koeficientu inbrídingu u krav

EFEKT	POČET	PRŮMĚR	SMĚRODATNÁ ODCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
SRNO	28172	60,88	123,50	-1489,58	1578,00
SRZO	70545	57,09	135,70	-1555,87	2137,72
TR	2083	77,85	91,13	-644,28	480,00
PORLAK	11	84,42	24,78	57,19	150,30
BR	4884	77,45	61,86	-383,19	690,79
TP	677234	0,01*10 ⁻⁴	30,61	-199,38	173,71

Nejmenší proměnlivost je pro pevný efekt pořadí laktace a náhodný efekt trvalého prostředí, nejvyššího rozptylu dosahuje efekt stádo-rok-období zapuštění.

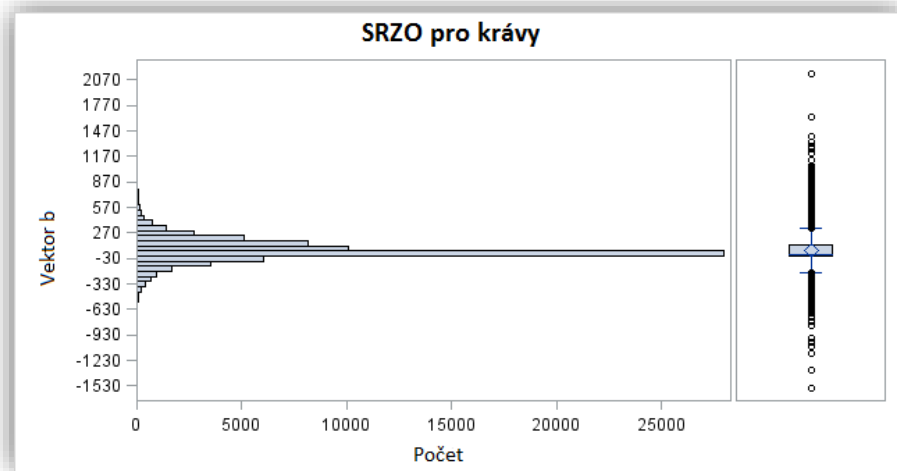
Následující grafy 2, 3, 4, 5, 6 a 7 znázorňují rozdělení četností jednotlivých pevných efektů a náhodného efektu trvalého prostředí z výsledku BLUP z modelu bez efektu inbrídingu.

Graf 2. Rozdělení četností pevného efektu stádo-rok narození-období u krav z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (28 172 úrovní)



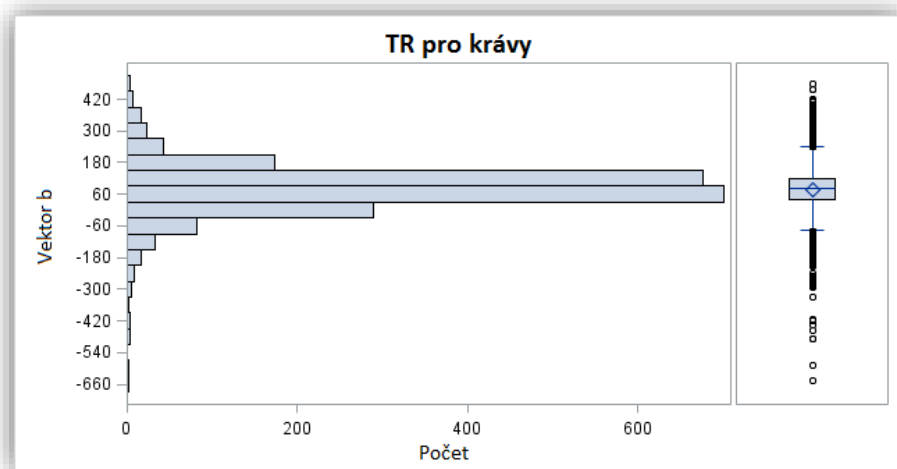
Efekt SRNO vykazuje rozdělení četností s výraznou špičatostí a mírným pozitivním zešikmením.

Graf 3. Rozdělení četností pevného efektu stádo-rok zapaštění-období u krav z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (70 545 úrovní)



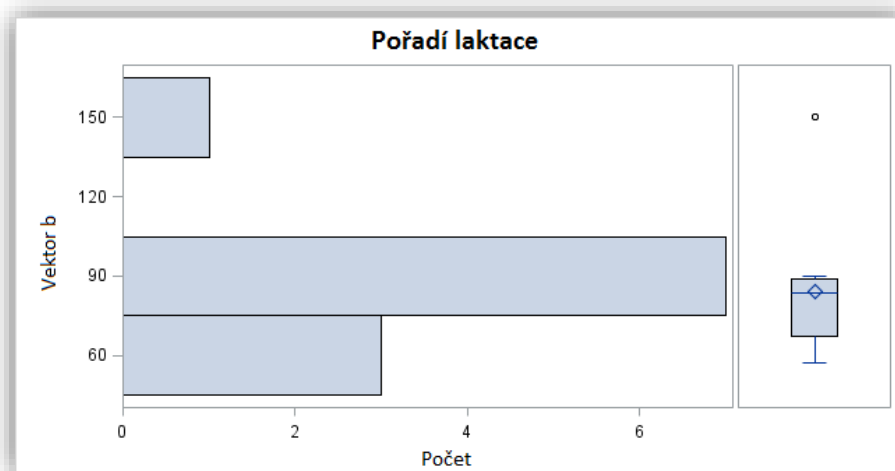
Efekt SRZO vykazuje rozdělení četností s výraznou špičatostí taktěž s mírným pozitivním zešikmením.

Graf 4. Rozdělení četností pevného efektu inseminační technik-rok u krav z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (2 083 úrovní)



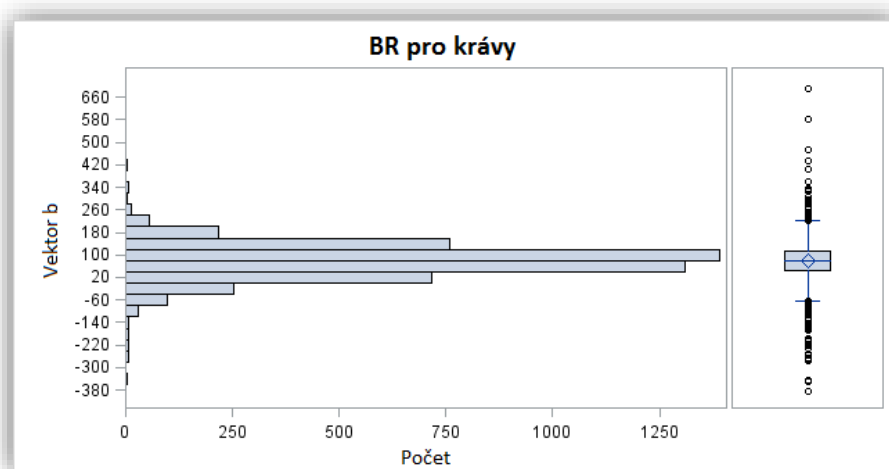
Pro efekt TR je opět viditelně výrazně více záznamů okolo průměru

Graf 5. Rozdělení četností pevného efektu pořadí laktace z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (11 úrovní)



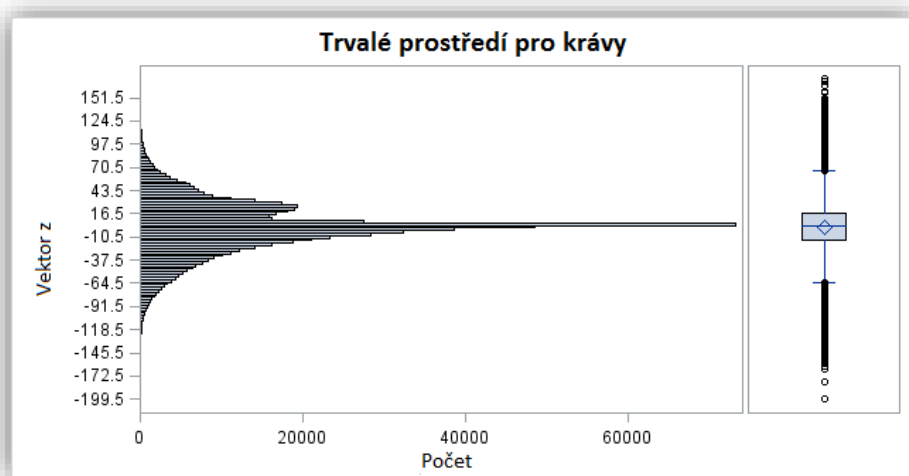
Pro pořadí laktace je pouze 11 záznamů, proto zde není možné hovořit o normálním rozdělení četností.

Graf 6. Rozdělení četností pevného efektu připářovaný býk-rok inseminace u krav z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (4 884 úrovní)



Při rozdělení četností vektoru b pro efekt připářovaného býka v daném roce je viditelná výrazná špičatost.

Graf 7. Rozdělení četností náhodného efektu trvalého prostředí u krav z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (677 234 úrovní)



Pro efekt trvalého prostředí krávy jsou viditelné dva výrazné vrcholy připomínající dva navzájem se prolínající histogramy, to může být způsobeno dvěma odlišnými skupinami zvířat.

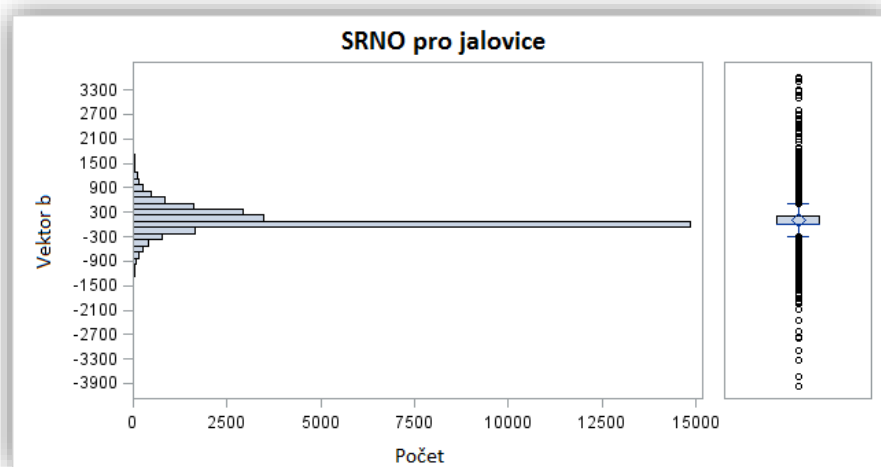
Tabulka 13. Průměrné hodnoty pevných efektů a náhodného efektu pro model bez zahrnutí koeficientu inbrídingu u jalovic

EFEKT	POČET	PRŮMĚR	SMĚRODATNÁ ODCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
SRNO	28172	91,21	302,72	-3967,25	3597,82
SRZO	70545	88,15	310,52	-2034,11	4568,47
TR	2083	146,27	181,07	-1517,95	1076,01
BR	4884	150,23	149,50	-1068,28	1050,14
TP	677234	0,05*10 ⁻⁵	29,14	-245,65	98,33

Z tabulek vyplývá, že pro jalovice vychází obecně výraznější hodnoty a to jak pro minimální, tak i maximální hodnoty, průměry jsou vyšší. Nejvyšší proměnlivost vykazuje pevný efekt inseminační technik-rok inseminace, který má u krav směrodatnou odchylku poloviční.

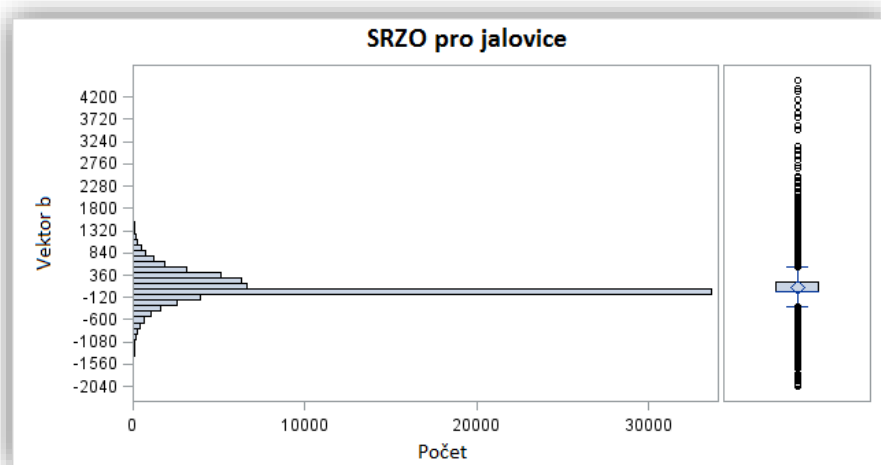
Následující grafy 8, 9, 10, 11 a 12 vyobrazují rozdělení četností jednotlivých efektů z modelu bez zahrnutí inbrídingu.

Graf 8. Rozdělení četností pevného efektu stádo-rok narození-období u jalovic z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (28 172 úrovní)



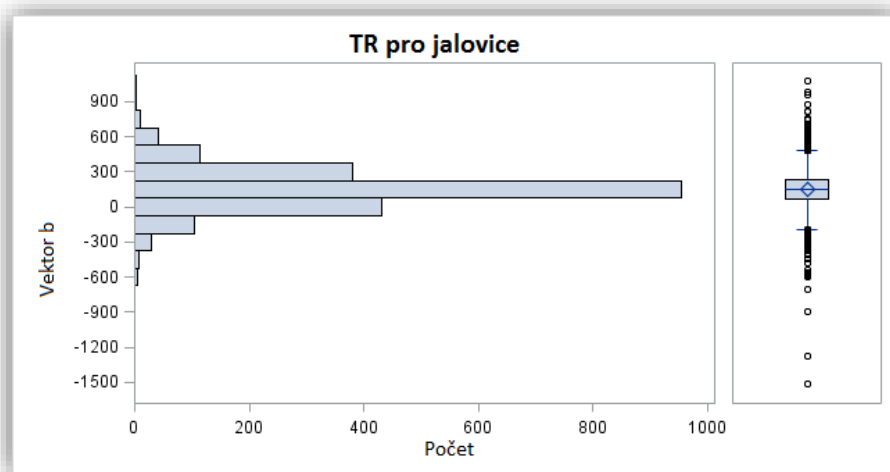
Podobně jako u krav je i u histogramu pro rozdělení četností SNO jalovic výrazná špičatost a pozitivní zešikmení.

Graf 9. Rozdělení četností pevného efektu stádo-rok zapaštění-období u jalovic z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (70 545 úrovní)



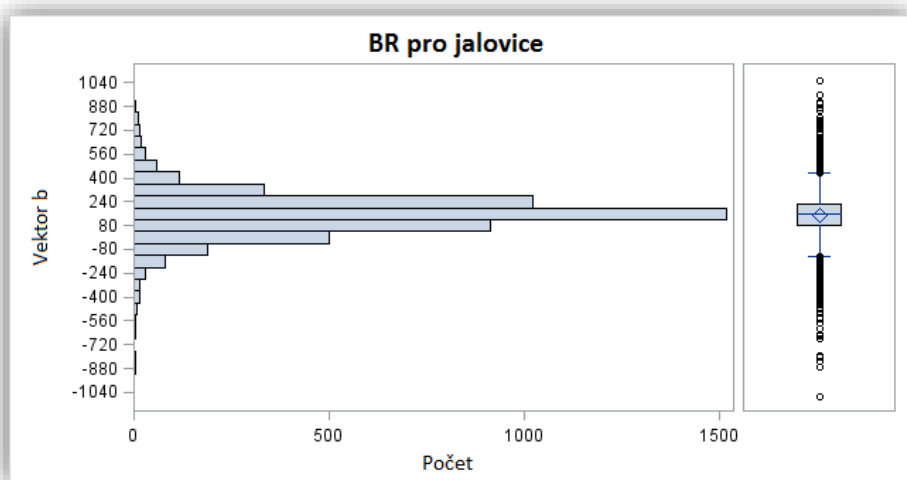
Rozdělení četností odhadnutých vektorů b pro jednotlivé úrovně SRZO vykazuje výrazný počet úrovní při záporném průměru s mírným pozitivním zešikmením.

Graf 10. Rozdělení četností pevného efektu inseminační technik-rok inseminace u jalovic z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (2 083 úrovní)



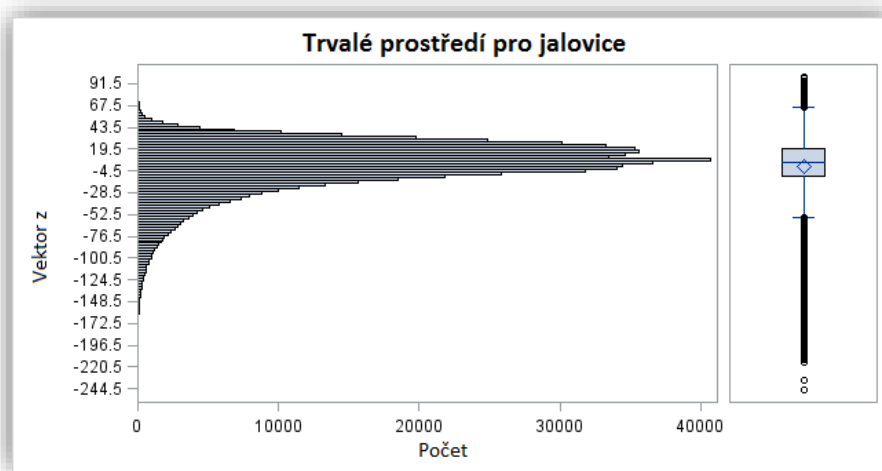
Průměr pro vektor b je pro efekt technik-rok kladný, histogram s výraznou špičatostí je lehce pozitivně zešikmený.

Graf 11. Rozdělení četností pevného efektu připářovaný býk-rok inseminace u jalovic z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (4 884 úrovní)



Efekt býk-rok má výsledné vektory b častěji kladné nežli záporné. Nejvíce jsou výsledky hromaděny okolo průměru

Graf 12. Rozdělení četností náhodného efektu trvalé prostředí u jalovic z modelové rovnice bez efektu inbrídingu (677 234 úrovní)



Podobně jako u krav jsou i zde viditelné dva vrcholy, oproti kravám jsou si blíže.

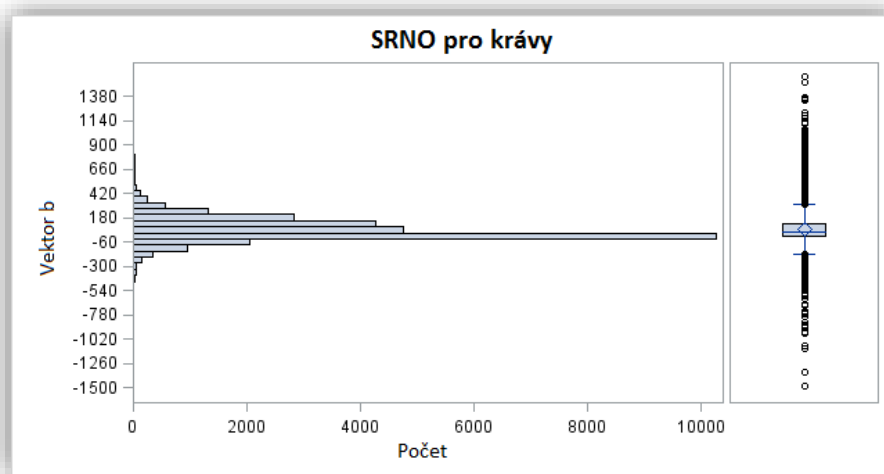
Tabulka 14. Průměrné hodnoty pevných efektů a náhodného efektu pro model se zahrnutím koeficientu inbrídingu u krav

EFEKT	POČET	PRŮMĚR	SMĚRODATNÁ OCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
SRNO	28172	59,32	123,06	-1490,32	1574,07
SRZO	70545	55,55	135,46	-1558,77	2129,54
TR	2083	75,75	91,16	-650,41	478,77
PORLAK	11	81,98	54,60	54,60	147,29
BR	4884	75,37	61,80	-382,28	686,93
TP	677234	$-0,06 \cdot 10^{-5}$	30,61	-199,88	173,89

Průměry vektorů b (z) jsou při zahrnutí efektu inbrídingu mírně vyšší, výraznější rozdíl je patrný jen u směrodatné odchylky u efektu pořadí laktace, nejnižší proměnlivost vykazuje náhodný efekt trvalého prostředí, nejvyšší rozptyl je taktéž u efektu SRZO.

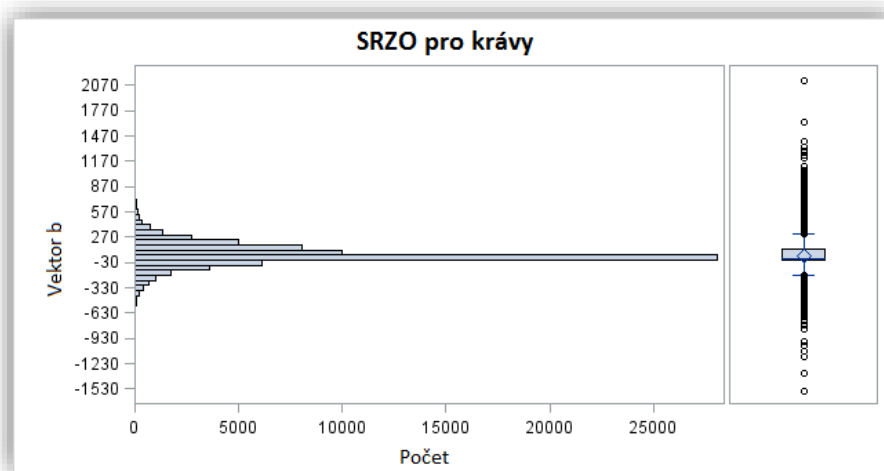
V následujících grafech 13, 14, 15, 16, 17 a 18 je vidět rozdělení četností vektorů b (vektoru z pro trvalé prostředí) jednotlivých efektů pro krávy.

Graf 13. Rozdělení četností pevného efektu stádo-rok-období narození u krav z modelové rovnice s efektem inbrídingu (28 172 úrovní)



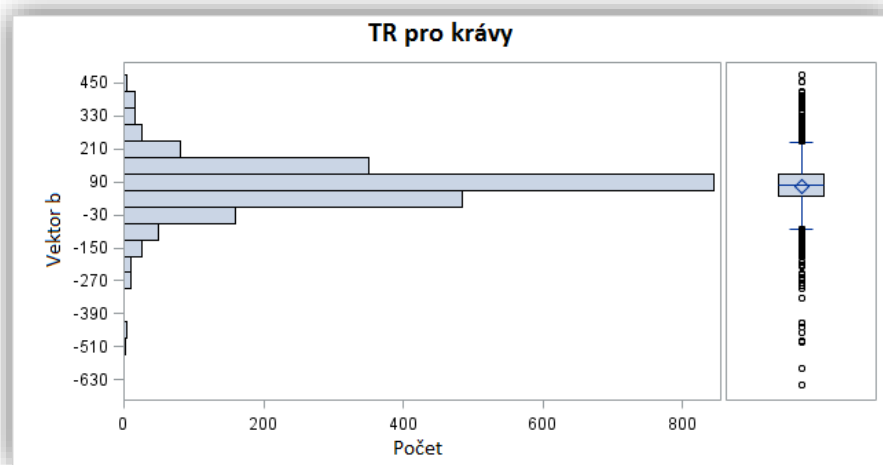
Rozdělení četností vektoru b pro SRNO je výrazně špičatý s pozitivním zešikmením.

Graf 14. Rozdělení četností pevného efektu stádo-rok-období zapaštění u krav z modelové rovnice s efektem inbrídingu (70 545 úrovní)



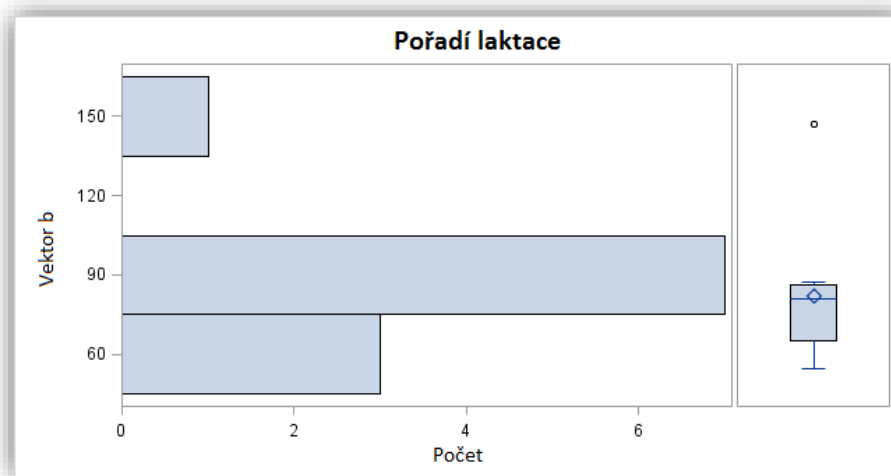
Histogram rozdělení četností vektoru b pro stádo-rok-období zapaštění vykazuje podobně jako pro efekt stádo-rok-období narození výraznou špičatost s pozitivním zešikmením.

Graf 15. Rozdělení četností pevného efektu inseminační technik-rok inseminace u krav z modelové rovnice s efektem inbrídingu (2 083 úrovní)



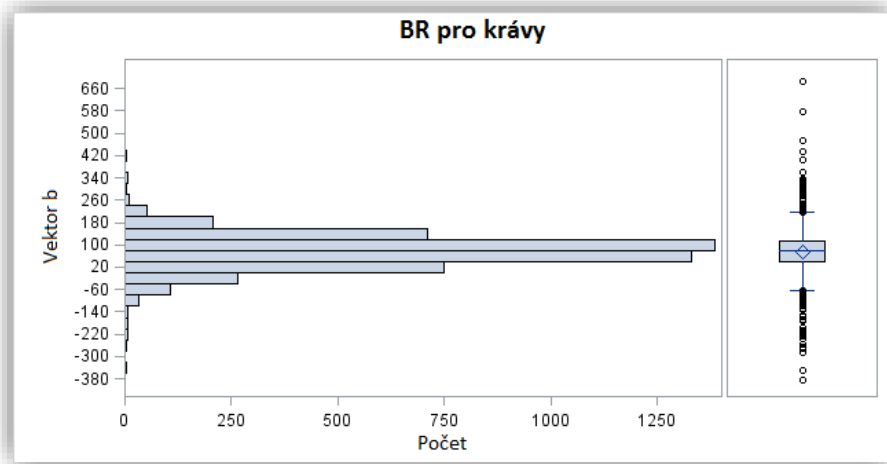
Poměrně rovnoměrné rozdělení četností efektu technik-rok stejně jako ostatní efekty zaznamenává vyšší špičatost, než je u normálního rozdělení obvyklá.

Graf 16. Rozdělení četností pevného efektu pořadí laktace z modelové rovnice s efektem inbrídingu (11 úrovní)



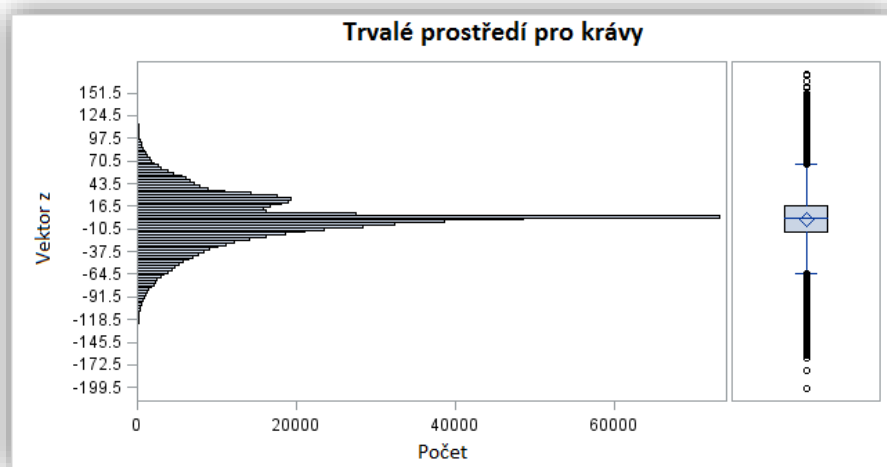
Histogram vyjadřující pořadí laktace nevykazuje normální rozdělení četností z důvodu malého počtu úrovní.

Graf 17. Rozdělení četností pevného efektu připářovaný býk-rok inseminace u krav z modelové rovnice s efektem inbrídingu (4 884 úrovní)



Histogram pro efekt býk-rok taktéž vykazuje poměrně rovnoměrné rozdělení četností do obou směrů s výrazným zašpičatěním.

Graf 18. Rozdělení četností náhodného efektu trvalé prostředí u krav z modelové rovnice s efektem inbrídingu (677 234 úrovní)



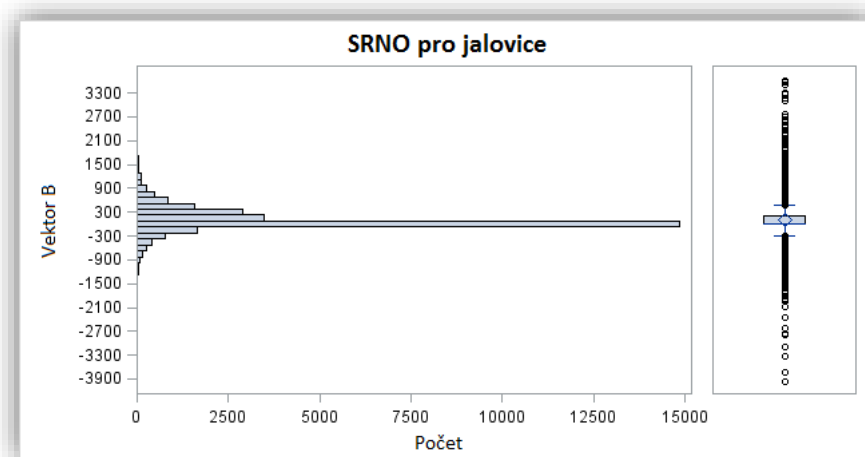
Pro trvalé prostředí jsou viditelné dva vrcholy pravděpodobně z důvodu dvou populací krav, které se vzájemně překrývají, ale jsou zároveň odlišné (pravděpodobně starší a novější data).

Tabulka 15. Průměrné hodnoty pevných efektů a náhodného efektu pro model se zahrnutím koeficientu inbrídingu u jalovic

EFEKT	POČET	PRŮMĚR	SMĚRODATNÁ ODCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
SRNO	28172	89,87	302,37	-3965,45	3594,36
SRZO	70545	86,75	310,25	-2040,09	4562,65
TR	2083	147,98	181,09	-1520,23	1075,83
BR	4884	147,95	149,50	-1070,65	1047,40
TP	677234	$0,07 \cdot 10^{-5}$	29,14	-245,19	98,27

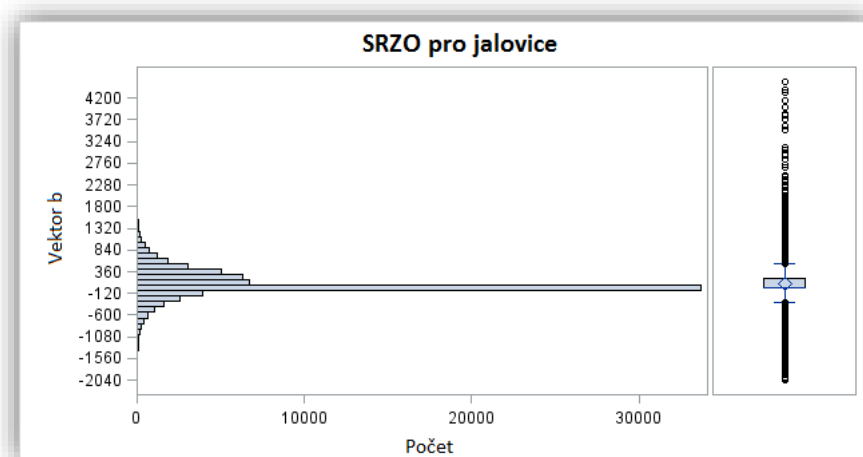
Stejně jako u výsledků bez efektu inbrídingu je i zde patrné výraznější rozpětí u jalovic, než je tomu u krav. Efekt inbrídingu výrazně nemění výsledky vektoru b jednotlivých efektů. V grafech 19, 20, 21, 22 a 23 rozdělení četností efektů pro jalovice.

Graf 19. Rozdělení četností pevného efektu stádo-rok-období narození u jalovic z modelové rovnice s efektem inbrídingu (28 172 úrovní)



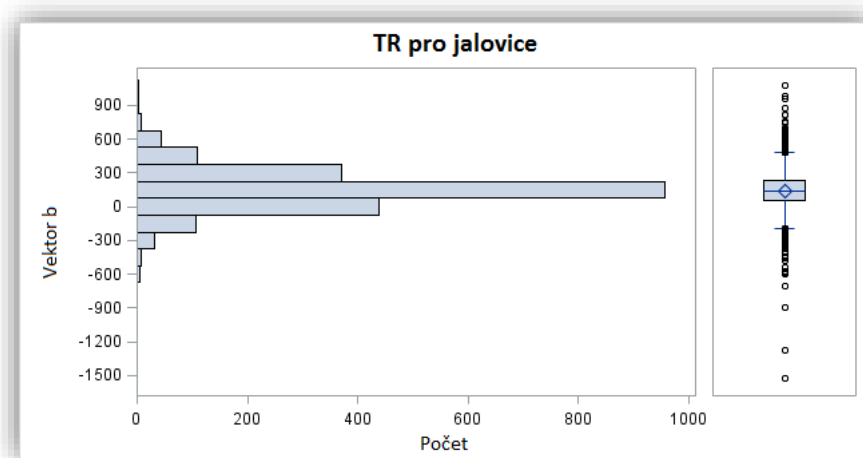
Jako u předchozích skupin je i zde viditelná výrazná špičatost.

Graf 20. Rozdělení četností pevného efektu stádo-rok-období zapuštění u jalovic z modelové rovnice s efektem inbrídingu (70 545 úrovní)



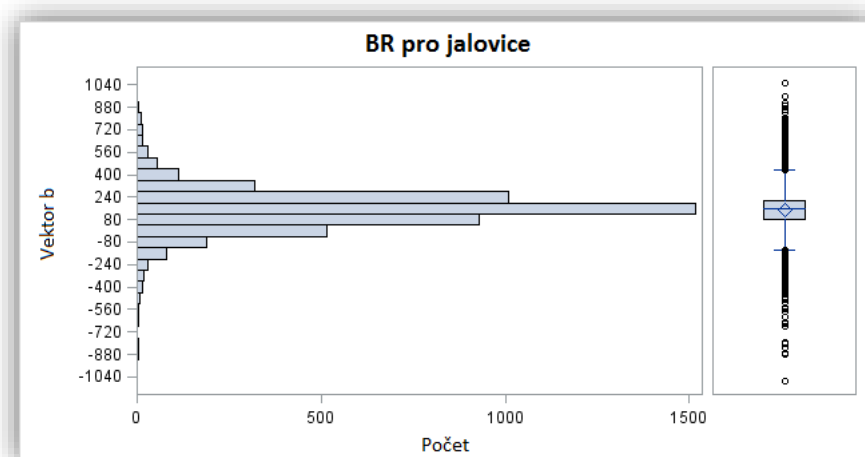
U jalovic je pro efekt SRZO při zahrnutí efektu inbrídingu do modelové rovnice výrazná špičatost histogramu s pozitivním zešikmením.

Graf 21. Rozdělení četností pevného efektu inseminační technik-rok inseminace u jalovic z modelové rovnice s efektem inbrídingu (2 083 úrovní)



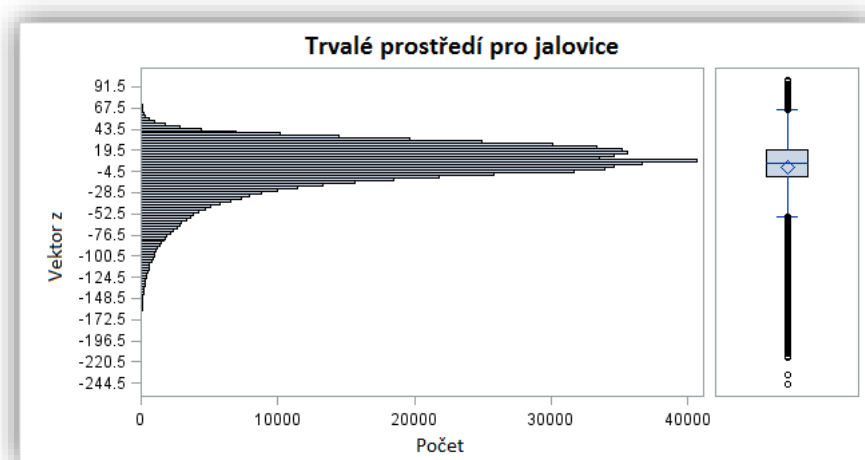
Efekt technik-rok se svou vyšší špičatostí je více směřován ke kladným hodnotám.

Graf 22. Rozdělení četností pevného efektu býk-rok inseminace u jalovic z modelové rovnice s efektem inbrídingu (4 884 úrovní)



Rozdělení četností vektoru b pro efekt připářovaného býka-roku inseminace vykazuje přibližně souměrné rozdělení na kladnou i zápornou stranu hodnot.

Graf 23. Rozdělení četností náhodného efektu trvalého prostředí jalovic z modelové rovnice s efektem inbrídingu (677 234 úrovní)



U trvalého prostředí jsou též viditelné dva vrcholy, rozdíl ale není tak výrazný jako u krav.

V tabulce 16 jsou zaznamenány výsledky vektorů (b) pro pevné regresní efekty bez použití efektu koeficientu inbrídingu, v tabulce 18 jsou tytéž výsledky, kdy je v modelu inbríding zahrnut.

Tabulka 16. Regresní koeficienty pevných efektů vyhodnocených z modelu bez efektu inbrídingu

EFEKT	KRÁVY	JALOVICE
VĚK	-0,0736	-0,0730
VĚK²	0,0156*10 ⁻³	0,0142*10 ⁻²
INSIT	1,3821	/
INSIT²	-0,0022	/

U jalovic i krav je záporný vliv věku na plodnost, s delším inseminačním intervalem je vyšší šance zabřeznutí plemenic.

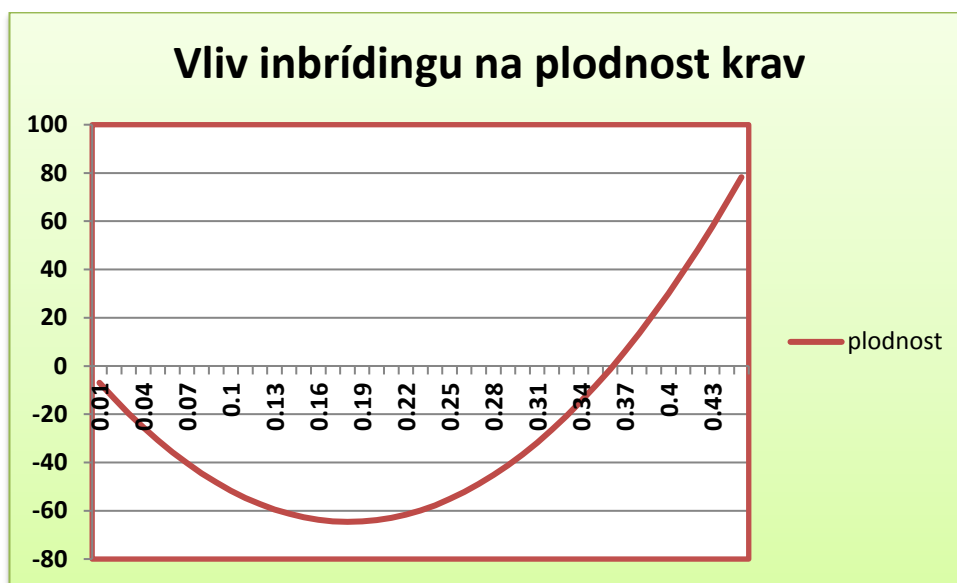
Tabulka 17. Regresní koeficienty pevných efektů vyhodnocených z modelu se zahrnutím efektu inbrídingu

EFEKT	KRÁVY	JALOVICE
VĚK	-0,0734	-0,0714
VĚK²	0,0154*10 ⁻³	0,0141*10 ⁻²
INSIT	1,3819	/
INSIT²	-0,0022	/
IBD	-234,3768	-308,5740
IBD²	-3,3658	619,4760

Ve věku a inseminačním intervalu není téměř patrný rozdíl, zda byl do modelu zahrnut efekt příbuzenské plemenitby či nikoliv. Inbríding zde hraje negativní roli a u jalovic je výraznější než u krav.

Graf 24 (pro krávy) a 26 (pro jalovice) znázorňuje regresní vliv inbrídingu po výsledcích z modelu vyhodnoceného metodou nejmenších čtverců, vedle toho graf 25 (pro krávy) a 27 (pro jalovice) znázorňuje stejný vliv po výsledcích z animal modelu, který zahrnuje vedle pevných efektů i efekty náhodné. Z grafu 25 a 27 je patrné, že inbríding vychází z přesnějšího modelu vždy jako negativní činitel pro plodnost.

Graf 24. Vliv inbrídingu na zabřezávání krav vyhodnocený metodou nejmenších čtverců pevných efektů



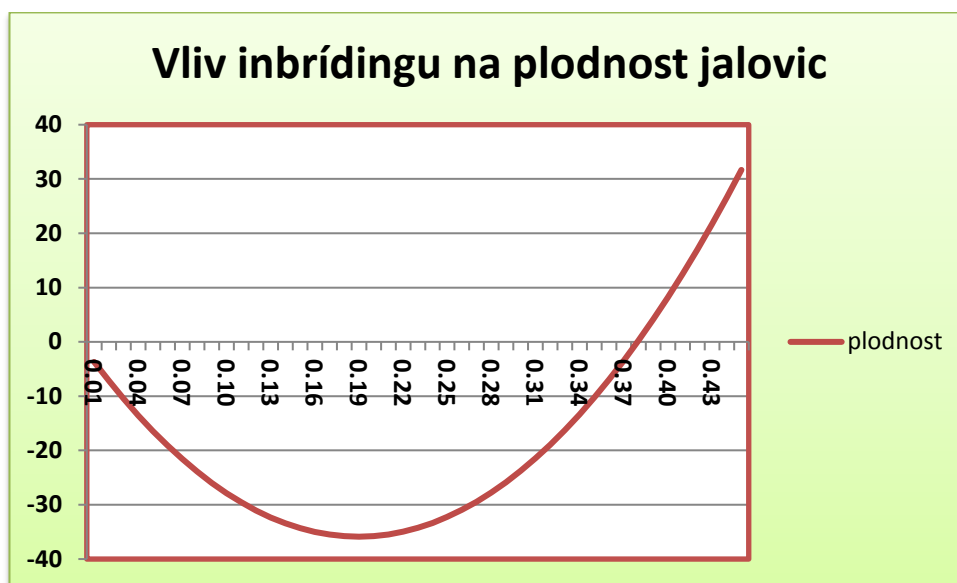
Při zahrnutí pouze pevných efektů není negativní vliv inbrídingu příliš patrný. Výsledky mohou být ovlivněny nízkým počtem případů pro vyšší hodnoty koeficientu inbrídingu.

Graf 25. Vliv inbrídingu na zabřezávání krav vyhodnocený metodou BLUP-AM se zahrnutím náhodného efektu jedince a trvalého prostředí



Pokud do modelu vstoupí i náhodné efekty, vykazuje inbríding zcela negativní vliv na plodnost krav. V případě koeficientu inbrídingu 20 % je negativně posunuta výsledná plemenná hodnota zvířete o jednu směrodatnou odchylku.

Graf 26. Vliv inbrídingu na zabřezávání jalovic vyhodnocený metodou nejmenších čtverců pevných efektů



Podobně jako u krav je i u jalovic nedostatečné prokázání předpokládaného negativního vlivu inbrídingu na plodnost jalovic, důvodem je pravděpodobně zmíněný malý počet jedinců s vysokým koeficientem příbuzenské plemenitby.

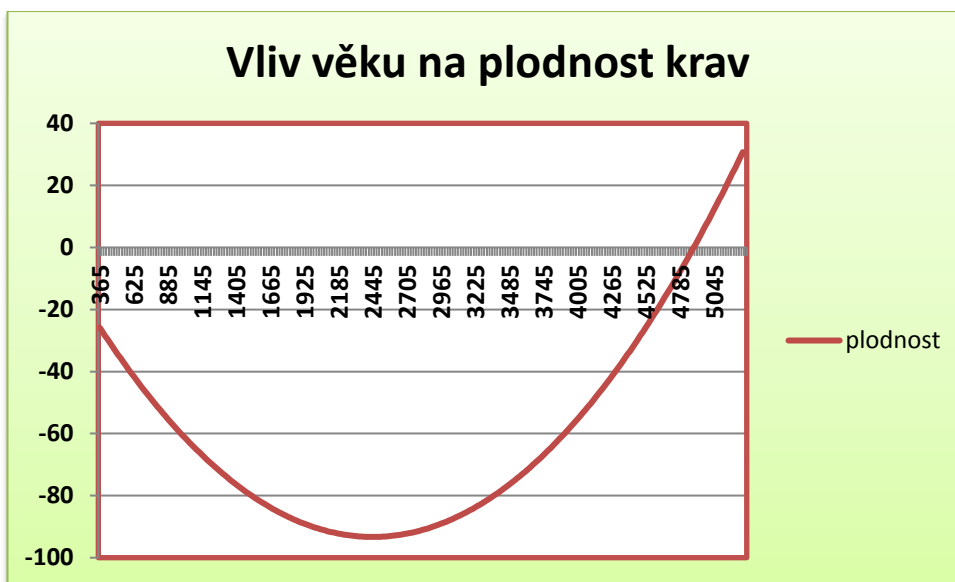
Graf 27. Vliv inbrídingu na zabřezávání jalovic vyhodnocený metodou BLUP-AM za použití také náhodných efektů



Po vyhodnocení regresní křivky efektu inbrídingu z animal modelu je křivka podobná výsledné křivce odhadnuté metodou nejmenších čtverců s rozdílem, že u metody BLUP vysvětluje koeficient inbrídingu vždy negativně plodnost jalovic.

V grafu 28 (krávy) a 29 (jalovice) je znázorněn vliv věku na plodnost krav v návaznosti na model náhodnými efekty (BLUP).

Graf 28. Vliv věku na zabřezávání krav vyhodnocený metodou BLUP-AM za použití náhodných efektů

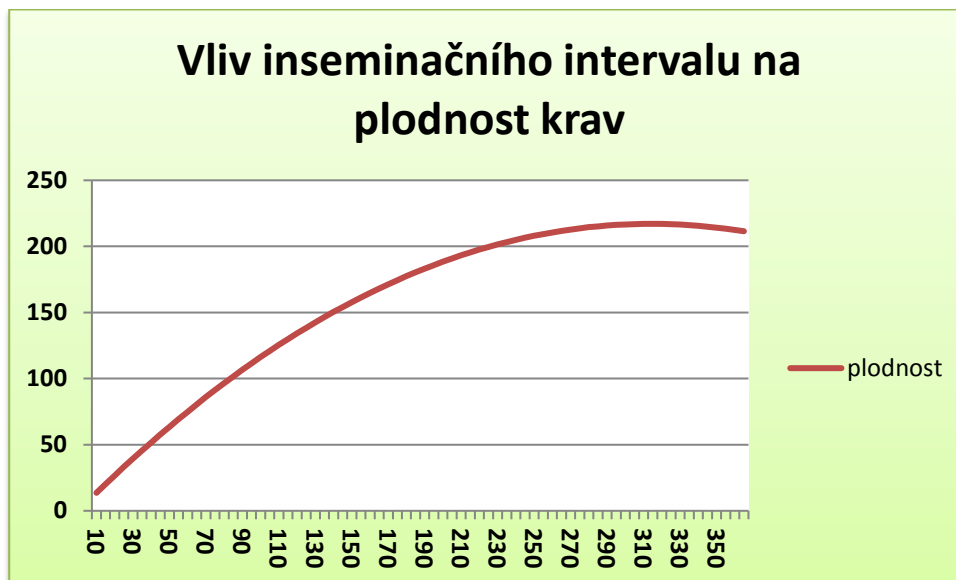


Graf 29. Vliv věku na zabřezávání jalovic vyhodnocený metodou BLUP-AM



U jalovic je viditelné, že se vzrůstajícím věkem roste i schopnost zabřeznutí. U krav je tomu již naopak, zlom nastává ve věku 2500 dní, tedy v 6,8 letech, pravděpodobně tomu tak je z důvodu menšího počtu pozorování pro vyšší věk u krav, který následně ovlivnil výpočty.

Graf 30. Vliv inseminačního intervalu na zabřezávání krav vyhodnocený metodou BLUP-AM



Graf 30 zaznamenává vzrůstající schopnost zabřeznutí s rostoucím inseminačním intervalem, v případě vysokého inseminačního intervalu již pravděpodobnost zabřeznutí klesá (menší počet záznamů pro vyšší inseminační interval z důvodu vyřazení krávy dříve, než zabřezne).

Po nahlédnutí do výsledků odhadů plemenných hodnot s a bez zahrnutí koeficientu inbrídingu byla rozdílná průměrná plemenná hodnota u jedinců s nízkým koeficientem inbrídingu (0,1 %), z toho důvodu byly odhadnuté plemenné hodnoty z modelu s inbrídingem upraveny o průměrný rozdíl (10,2) „inbredních“ a „neinbredních“ plemenných hodnot, které by měly být podobné. V následující tabulce 18 (pro jalovice) a 19 (pro krávy) jsou zaneseny rozdíly v inbredních a neinbredních plemenných hodnotách u různého stupně inbrídingu, tyto hodnoty jsou již po úpravě o výše zmíněný průměr. Korelace mezi plemennou hodnotou a koeficientem inbrídingu vychází velmi nízká. Z předešlých grafů 26-29 je vidět vliv příbuzenské plemenitby na výsledky zabřezávání, ale z následujících tabulek vyplývá, že inbrední deprese předpověď plemenné hodnoty neovlivňuje.

Tabulka 18. Hodnoty průměrů pro rozdíly inbredními a neinbredními plemennými hodnotami jalovic

STUPEŇ INBRÍDINGU	POČET	PRŮMĚR	SMĚRODATNÁ ODCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
≥ 5	127474	12,37	1,49	-2,03	18,90
≥ 10	3397	12,73	1,96	-0,85	18,90
≥ 15	690	12,39	2,35	0,11	18,90
≥ 20	248	11,93	2,93	0,11	18,90

S rostoucím inbrídingem je téměř nulový minimální rozdíl mezi inbrední a neinbrední plemennou hodnotou jalovic. Maximální rozdíl mezi plemennými hodnotami je 18,9, s narůstajícím inbrídingem roste i proměnlivost mezi jalovicemi.

Tabulka 19. Hodnoty průměrů pro rozdíly inbredními a neinbredními plemennými hodnotami krav

STUPEŇ INBRÍDINGU	POČET	PRŮMĚR	SMĚRODATNÁ ODCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
≥ 5	93870	11,64	1,52	-3,69	22,10
≥ 10	2362	12,40	2,08	-3,41	22,10
≥ 15	576	12,55	2,60	1,28	22,10
≥ 20	227	12,42	3,35	1,28	22,10

Podobně jako u jalovic i u krav se vzrůstajícím inbrídingem roste směrodatná odchylka, maximální rozdíl mezi plemennými hodnotami je o 4,2 vyšší než u jalovic.

V tabulce 20 jsou zaznamenány plemenné hodnoty odhadnuté z modelu se zahrnutím a bez zohlednění efektu inbrídingu.

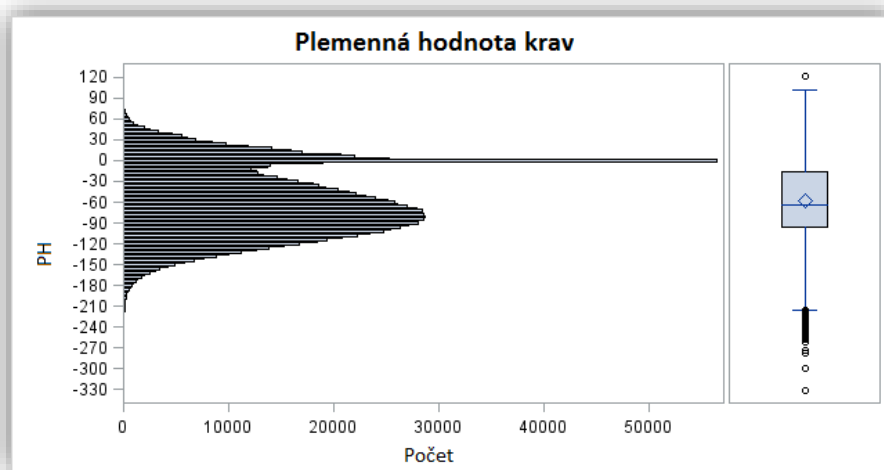
Tabulka 20. Plemenné hodnoty odhadnuté metodou BLUP-AM pro krávy (počet pozorování 1 223 658)

KRÁVY	PRŮMĚR	SĚRODATNÁ ODCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
BEZ IBD	-72,25	56,79	-352,07	120,49
S IBD	-68,65	49,84	-341,20	110,52
ROZDÍL	-3,6	6,95	-10,87	9,97

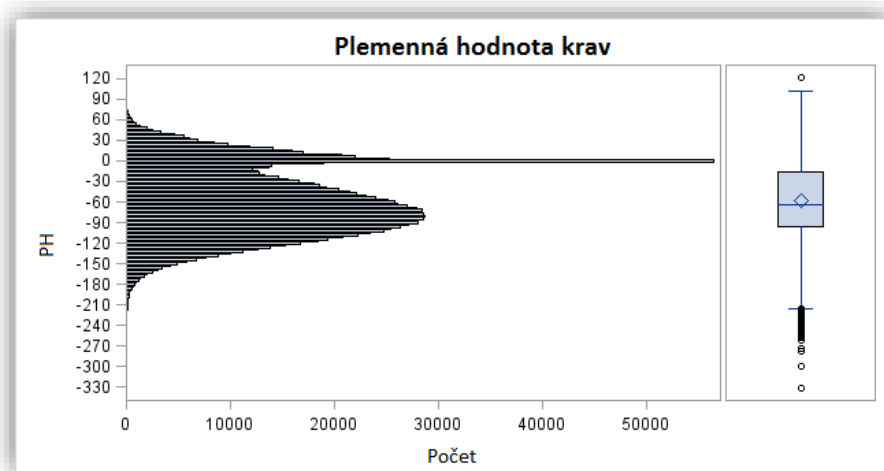
Za použití efektu inbrídingu je průměrný odhad plemenné hodnoty o 3,6 vyšší. Z důvodu nižší směrodatné odchylky je proměnlivost „inbredních“ plemenných hodnot nižší.

Následující graf 31 zobrazuje rozdělení četností plemenných hodnot pro krávy bez efektu inbrídingu a 32 s efektem inbrídingu.

Graf 31. Rozdělení četností plemenných hodnot krav z modelu bez efektu inbrídingu (1 223 658 úrovní)



Graf 32. Rozdělení četností plemenných hodnot krav z modelu zahrnujícího efekt inbrídingu (1 223 658 úrovní)



Podobně jako u trvalého prostředí jsou i u histogramu pro plemenné hodnoty krav viditelné dva vrcholy, pravděpodobně se jedná o starší a mladší populaci krav, rozdíl mezi modelem s inbrídingem a bez efektu inbrídingu není příliš výrazný.

V tabulce 21 jsou zaneseny plemenné hodnoty bez a se zahrnutím efektu koeficientu inbrídingu pro jalovice.

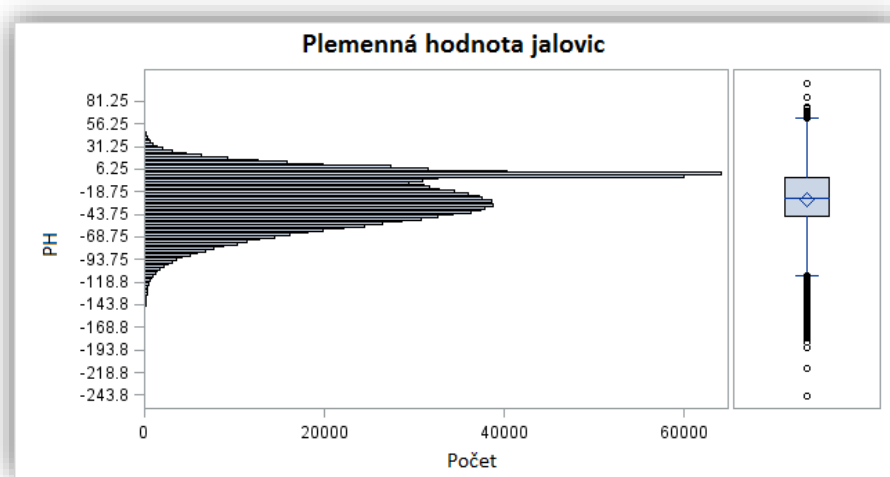
Tabulka 21. Plemenné hodnoty odhadnuté metodou BLUP-AM pro jalovice (počet pozorování 1 223 658)

JALOVICE	PRŮMĚR	SMĚRODATNÁ ODCHYLKA	MINIMUM	MAXIMUM
BEZ IBD	-27,51	28,21	-244,37	101,53
S IBD	-23,76	23,97	-232,96	110,65
ROZDÍL	-3,75	4,24	-11,41	-9,12

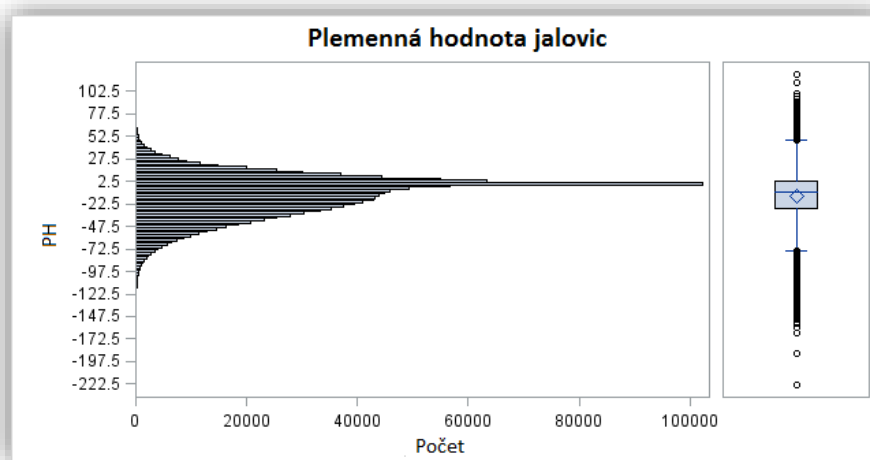
U jalovic jsou oproti kravám vyšší průměrné odhadnuté plemenné hodnoty s nižšími rozptyly, stejně jako u krav jsou i u jalovic inbrední plemenné hodnoty s nižší proměnlivostí, než plemenné hodnoty odhadnuté bez zahrnutí příbuzenské plemenitby do modelové rovnice.

Graf 33 znázorňuje rozdělení četností plemenných hodnot jalovic z modelu bez efektu inbrídingu a 34 se zahrnutím efektu inbrídingu do modelu.

Graf 33. Rozdělení četností plemenných hodnot jalovic z modelu bez efektu inbrídingu (1 223 658 úrovní)



Graf 34. Rozdělení četností plemenných hodnot jalovic z modelu s efektem inbrídingu (1 223 658 úrovní)



U jalovic je z histogramu vidět záporně zešikmené rozdělení četností. Při zahrnutí efektu inbrídingu jsou plemenné hodnoty jednotnější, pokud není inbríding zahrnut, jsou viditelné dva hlavní vrcholy, kdy je pravděpodobně populace jalovic rozdělena na dvě podskupiny.

Tabulka 22 zobrazuje, jak se mění hodnoty PH_i a PH_{ni} u jalovic a krav (tabulka 23) při zvyšování inbrídingu.

Tabulka 22. Průměry inbredních a neinbredních plemenných hodnot v souvislosti se vzrůstajícím koeficientem inbrídingu u jalovic

IBD (%)	POČET	PRŮMĚR (PH_i/PH_{ni})	SMĚRODATN Á ODCHYLKA (PH_i/PH_{ni})	MINIMUM (PH_i/PH_{ni})	MAXIMUM (PH_i/PH_{ni})
≥ 5	127474	-28,37/-40,74	27,13/27,02	-176,15/-191,89	90,42/74,95
≥ 10	3397	-23,85/-36,58	33,19/33,03	-176,15/-191,89	90,42/74,95
≥ 15	690	-27,37/-39,76	34,39/34,39	-176,15/-191,89	90,42/74,95
≥ 20	248	-31,39/-43,31	39,06/39,44	-176,15/-191,89	90,42/74,95

Z tabulky 22 je viditelné, že se se zvyšujícím se koeficientem inbrídingu (a zároveň snižujícím se počtem takto inbredních jalovic) nemění hraniční hodnoty plemenných hodnot, od koeficientu inbrídingu 10 % mírně narůstá průměr a narůstá proměnlivost mezi jalovicemi.

Tabulka 23. Průměry inbredních a neinbredních plemenných hodnot v souvislosti se vzrůstajícím koeficientem inbrídingu u krav

IBD (%)	POČET	PRŮMĚR (PH_i/PH_{ni})	SMĚRODATNÁ ODCHYLKA (PH_i/PH_{ni})	MINIMUM (PH_i/PH_{ni})	MAXIMUM (PH_i/PH_{ni})
≥ 5	93870	-105,98/-117,62	36,30/36,57	-283,57/-296,23	41,75/33,43
≥ 10	2362	-105,79/-118,19	41,00/41,35	-264,33/-282,33	21,47/14,63
≥ 15	576	-106,99/-119,55	41,82/42,38	-264,33/-282,33	13,28/1,80
≥ 20	227	-102,76/-115,18	44,11/45,19	-264,33/-282,33	13,28/1,80

Podobně jako u jalovic roste i se zvyšujícím inbrídingem rozptyl u krav. Rozmezí hraničních plemenných hodnot se od 10 % koeficientu inbrídingu nemění. Minimální hodnoty výrazně s nárůstem inbrídingu klesají.

Mezi PH_i a PH_{ni} byly podle skupin v tabulkách 26 a 17 spočteny korelace, které vyjadřují stupeň shody obou stanovení. Korelace mezi inbrední a neinbrední plemennou hodnotou byla ve všech skupinách inbredních jalovic a krav rovna 0,99. Obě plemenné hodnoty vyjadřují pořadí plodnosti jalovic a krav prakticky totožně.

6 Diskuze

Efekt koeficientu inbrídingu byl zahrnut do modelu z důvodu, že by mohl zpřesnit odhad plemenné hodnoty pro plodnost. Jakubec et al. (2010) i Zhang et al. (2015) shledávají efekt inbrídingu a s ním spojený projev inbrední deprese jako nepříznivým činitelem působícím na reprodukční vlastnosti dojeného skotu. Jelikož je plodnost nízkce dědivá (Weller et Ron, 1992) je snahou najít takový model, který odhadne plemennou hodnotu pro plodnost co nejspolehlivěji a urychlí tak nárůst genetického zisku.

6.1 Modelová rovnice a efekty v ní zahrnuté

V České republice je pomocí jednoznakového animal modelu vyhodnocován binární znak zabřeznutí jednotlivě u krav a u jalovic. Tímto záznamem je podchycena každá inseminace plemence. V ostatních zemích, které odhadují plemennou hodnotu pro plodnost, je obvykle plodnost vysvětlena víceznakovým animal modelem, kde jsou hodnoceny vlastnosti s plodností spojené, jako například binární záznam o nepřeběhlých plemenicích do 56 dnů od inseminace, délka servis perrody či délka od první inseminace do zabřeznutí (Interbull, 2006). V této práci bylo použito dvouznakového modelu s binárním záznamem o zabřeznutí krav a jalovic.

Jelikož není jednotný model, každá země zahrnuje do modelové rovnice rozdílné efekty. Pro Českou republiku vstupuje do modelové rovnice pro jalovice pevný efekt stádo-rok-období inseminace, do období jsou brány jednotlivé měsíce a důvodem tohoto efektu je vytvoření skupin vrstevnic, které byly inseminovány ve stejných podmínkách. Podobně je vytvořen i efekt stádo-rok-období narození, důvod vytvoření efektu je též vytvoření skupin vrstevnic, které byly narozeny ve stejných podmínkách, obdobím jsou zde dvou měsíční úseky. Dále je do modelu pro jalovice použit efekt pořadí inseminace bez zohlednění reinseminace. Věk při vyhodnocované inseminaci je pevným efektem zařazeným do 13 tříd, u jalovic je věk při inseminaci významný z důvodu dosažení chovatelské dospělosti. Kromě pevných efektů jsou vytvořeny vedle efektu jedince další dva náhodné efekty technik-rok a býk-rok. Inseminační technik-rok inseminace, je třída vytvářena pro seskupení vrstevnic, které byly připouštěny v daném roce daným technikem, jehož praxe se může s každým rokem zlepšovat. Připaraovaný býk-rok inseminace je z důvodu možné změny kvality či ředění spermatu. Pro krávy jsou použity podobné efekty, místo efektu stádo-rok-období narození je zde efekt stádo-rok-období předchozího otelení, místo věku při inseminaci je použit věk při

otelení, vedle toho je zde navíc záznam o mléčné užitkovosti za prvních 100 dní (z důvodu záporné korelace mezi mléčnou užitkovostí a plodností), pořadí laktace a inseminační interval (Plemdat,2016).

Do modelové rovnice vstupují v této práci, v porovnání s Plemdatem, stejné i rozdílné efekty jako. Pro krávy i jalovice je efekt stádo-rok-období (po měsíci) při inseminaci a stádo-rok-období (3 měsíce) při narození, efekt věku ve dnech při zapuštění, který je znázorněn křivkovou regresí, spojení připávaný býk-rok inseminace, který je brán jako pevný efekt a pevný efekt koeficientu inbrídingu zaznamenan křivkovou regresí. Pro krávy je navíc přidán efekt pořadí laktace a křivková regrese inseminačního intervalu zaznamenaného ve dnech. Pro všechny jedince se záznamy o připouštění vstupují dva náhodné efekty a to efekt trvalého prostředí a přímý genetický efekt jedince. Oproti modelu České republiky nebyl zahrnut záznam o nádoji, který nebyl součástí poskytnutých záznamů. Pro všechny jedince byl navíc vypočten a zkoumán vliv efektu inbrídingu a případné inbrední deprese. Schopnost spolehlivějšího odhadu plemenných hodnot pro jedince při zahrnutí efektu inbrídingu byl předpokládán díky výzkumům od Bezdíček et al. (2007), Smith et al. (1998) či Rokouei et al. (2010), kteří prokázali vliv inbrídingu na délku servis periody, březosti, mezidobí či inseminační interval (Dezetter et al., 2015).

Některé země zahrnují do efektů také oblast, ve které se plemenice nachází z důvodu podchycení podnebí. Většina zemí na rozdíl od České republiky zahrnuje do modelu podobně jako v této práci efekt trvalého prostředí. Austrálie, Dánsko, Švédsko, Finsko, Irsko, Nizozemsko, Nový Zéland, Švýcarsko, a USA využívají informací z oblasti genomiky a zahrnují tak do modelu efekt heterose a nebo rekombinace. Francie navíc zahrnuje také maternální efekt. Spojené státy americké jako jediné zahrnují do odhadu také efekt inbrídingu, neuvažují ale s inbrídingem hodnocených zvířat, ale s možným inbrídingem vznikajícího zárodka (Interbull, 2006).

6.2 Výsledky

Po výpočtu koeficientu inbrídingu byl prokázán nárůst procenta inbrídingu na populaci holštýnského skotu, v roce 2013 dosahovala populace tohoto plemene koeficientu inbrídingu 5 %.

Metodou nejmenších čtverců byl nejlépe vysvětlen model zahrnující všechny pevné efekty (včetně inbrídingu) a to jak u jalovic, kde byla proměnlivost vysvětlena z 22,06 %, tak u krav kde byl koeficient determinace 34 %. Přesto, že některé efekty zahrnuté v modelu

nevysvětlují výrazně zabřezávání plemenic, byly všechny efekty v modelu statisticky významné.

Metodou BLUP byl prokázán negativní vliv inbrídingu na plodnost krav i jalovic. Efekt trvalého prostředí jedince je více významný než genetický efekt jedince, jelikož celková fenotypová proměnlivost plodnosti je genetickým založením jedince vysvětlena z 1,30 % u jalovic a 1,99 % u krav, vedle toho je proměnlivost pomocí trvalého prostředí vysvětlena z 5,67 % u jalovic a ze 4,09 % u krav. Korelace mezi plemennou hodnotou odhadnutou s a bez zahrnutí efektu inbrídingu vyháází vysoká 0,99. Koeficient inbrídingu může být pravděpodobně již částečně zahrnut při přímém genetickém efektu jedince.

6.3 Možné chyby a další doporučení

Výsledky odhadu plemenných hodnot za využití inbrídingu jsou nejednoznačné, jelikož je korelace mezi tzv. inbrední a neinbrední plemennou hodnotou vysoká, nemusí být koeficient příbuzenské plemenitby do modelové rovnice zahrnut. Důvodem neprůkazných výsledků může být chyba v úpravě dat, kdy byly vyřazeny všechny krávy s vyšším mezidobím, a nebyly do výpočtů zahrnuty nejednoznačné výsledky březosti. Do modelu nebyl kromě pořadí laktace zahrnut žádný údaj o nádoji mléka za prvních 100 dní laktace, jako je tomu v uznané modelové rovnici uveřejněné na Plemdat (2016) a Interbull (2006) pro Českou republiku. Určitým nedostatkem, který mohl ovlivnit výsledky, je omezený počet známých generací předků, přestože byly pro výpočet F_x použity všechny dostupné údaje. Koeficient inbrídingu byl také vypočten pro jedince bez přihlídnutí na možnost inbredních neznámých předků, jak popsal VanRaden (1992), je možné, že jsou díky tomu výsledky koeficientů jednotlivých zvířat nepřesné či zkreslené. Přes nevýraznou změnu odhadu plemenných hodnot byl prokázán negativní vliv inbrídingu na reprodukční schopnosti plemenic. Velikost inbrední deprese je přibližně stejně velká, jako směrodatná odchylka plemenných hodnot.

Jelikož je touto modelovou rovnicí vysvětlena nižší dědivost, bylo by vhodné v dalších postupech zahrnout efektu inbrídingu přímo do uznané modelové rovnice České republiky, případně stanovit koeficient inbrídingu pro jedince dle VanRaden (1992). Ideálním postupem by bylo vyhodnocení pro oba výsledky výpočtů inbrídingu, jelikož by u starších generací, které mají málo známých záznamů, mohly být průměrné hodnoty příbuzenské plemenitby značně zkreslené a vyšší, než by tomu ve skutečnosti bylo.

Vedle tradičních výpočtů by bylo vhodné v době dostupnosti SNP čipů využít také genomických výsledků, jelikož je pomocí čipů možné s vysokou přesností odhadnout

homozygotní úseky na DNA, které jsou beze změny děděny (Iacolina et al., 2016, Aliloo et al., 2016) a také úseky QTL pozitivně ovlivňující reprodukční vlastnosti plemenic (Muller et al., 2017). Do odhadu plemenných hodnot by mohl být také zahrnut vliv negativní energetické bilance (Brade, 2016, Nehasilová, 2005), což je v modelu Plemdatů zohledněno zahrnutím efektu „relativní užítkovosti prvního úseku laktace“. Na druhou stranu tento efekt zvýhodňuje krávy s vyšší mléčnou užítkovostí. Dále by bylo vhodné zohlednit kvalitu vajíček a zárodků (Schneiderová, 2005).

Vliv trvalého prostředí, který je v mnoha modelových rovnicích již zahrnut (Interbull, 2006), byl významným činitelem vysvětlujícím proměnlivost lépe než genetický efekt jedince, z toho důvodu je vhodné využít tento náhodný efekt i v modelové rovnici České republiky.

7 Závěr

- Cíl práce byl splněn, plemenná hodnota byla odhadnuta jak pomocí modelu bez inbrídingu, tak se zahrnutím efektu příbuzenské plemenitby.
- Metodou nejmenších čtverců a BLUP byl posouzen vliv inbrední deprese s věrohodnějšími výsledky z BLUP animal modelu. Byl prokázán nepříznivý vliv inbrídingu na plodnost krav, výsledky pro jalovice nejsou oproti kravám tak jednoznačné, přesto vždy záporné. Odhad mohl být ovlivněn malým počtem případů s vysokým koeficientem inbrídingu. Hypotéza nežádoucího vlivu inbrídingu na plodnost byla potvrzena.
- Korelace mezi inbrídingem a plemennou hodnotou je nízká až nulová, což ukazuje, že PH není inbrední depresí ovlivněna. Proměnlivost plemenných hodnot je při zahrnutí inbrídingu nižší jak u krav, tak u jalovic.
- Oproti efektu genetického založení jedince byl prokázán vyšší vliv náhodného efektu trvalého prostředí, který není zahrnut ve stávající modelové rovnici pro předpověď plemenné hodnoty a měl by proto být do modelu zahrnut.
- V dalších krocích by měl být využit efekt inbrídingu přímo v modelu Plemdatů pro porovnání již osvědčených výsledků s novými při zahrnutí tohoto efektu.
- Dle zpracování literárního přehledu je vhodné vedle vypočítaných koeficientů příbuzenské plemenitby použít pro předpověď inbrídingu SNP čipy schopné přesně odhalit homozygotní inbrední úseky DNA.
- Pro odhad plemenných hodnot pro plodnost je vhodné využít informací z oblasti genomiky, jako tomu je při odhadu PH plodnosti u jiných zemí.

8 Seznam použité literatury

- Aliloo, H., Pryce, J. E., Gonzalez-Recio, O., Cocks, B. G., Goddard, M. E., Hayes, B. J. 2017. Including nonadditive genetic effects in mating programs to maximize dairy farm profitability. *Journal of dairy science*. 100(2). 1203-1222.
- Aliloo, H., Pryce, J. E., Gonzalez-Recio, O., Cocks, B. G., Hayes, B. J. 2016. Accounting for dominance to improve genomic evaluation of dairy cows for fertility and milk production traits. *Genetics selection evolution*. 48(8). DOI: 10.1186/s12711-016-0186-0.
- Atashi, H., Zamiri, M. J., Sayadnejad, M. B. 2012. The effect of maternal inbreeding on incidence of twinning, dystocia and stillbirth in Holstein cow of Iran. *Iranian journal of veterinary research*. 13(2). 93-99.
- Berg, P., Nielsen, J., Sorensen, M. K. 2006. EVA: realized and predicted optimal genetic contributions. *Proceedings from 8th world congress on genetic applied in livestock production*. CD-ROM communication 27-29.
- Bezdíček, J., Šubrt, J., Filipčík, R., Bjelka, M., Dufek, A. 2007. The effect of inbreeding on service period and pregnancy length in Holsteins and Czech Flecviehs after the first calving. *Archiv für tierzucht*. 50 (5). 455-463.
- Bjelland, D. W., Weigel, K. A., Coburn, A. D., Wilson, R. D. 2015. Using a family-based structure to detect the effects of genomic inbreeding on embryo viability in Holstein cattle. *Journal of dairy science*. 98(7). 493-4944.
- Bjelland, D. W., Weigel, K. A., Vukasinovic, N., Nkrumah, J. D. 2013. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measure of genomic inbreeding. *Journal of dairy science*. 96(7). 4697-4706.

- Brade, W. 2016. Do we need specialized breeding objectives for different production systems in German Holsteins? *Tieraerztliche Umschau*. 71(12). 454-465.
- Cole, J. B. 2015. A simple strategy for managing many recessive disorders in a dairy cattle breeding program. *Genetics selection evolution*. 47(94). DOI: 10.1186/s12711-015-0174-9.
- Dezetter, C., Leclerc, H., Mattalia, S., Barbat, A., Boichard, D., Ducrocq, V. 2015. Inbreeding and crossbreeding parameters for production and fertility traits in Holstein, Montbéliarde, and Normande cows. *Journal of dairy science*. 98(7). 4904-4913.
- Fuerst-Waltl, B., Fuerst, C. 2012. Effect of inbreeding on survival of Austrian Brown Swiss calves and heifers. *Journal of dairy science*. 95(10). 6086-6092.
- GGI – German Genetics International GmbH. Holstein breeding – Breeding value estimation [online]. 2017. [cit. 2017-22-02]. Dostupné z: <http://www.ggi.de/en/holstein-breeding/breeding-value-estimation/>
- Hartl, D. L., Clark, A. G. 2007. Principles of population genetics. Sinauer Associates. Sunderland. p. 565. ISBN: 978-0878933082.
- Hax, L. T., Schneider, A., Jacometo, C. B., Mattei, P., da Silva, T. C., Farina, G., Correa, M. N. 2017. Association between polymorphism in somatotropin axis genes and fertility of Holstein dairy cows. *Theriogenology*. 88. 67-72.
- Hedrick, J. T. 2005. Genetics of population. Jones & Bartlett Learning. Sudbury. p. 737. ISBN: 978-0763747725.
- Hinrichs, D., Bennewitz, J., Wellmann, R., Thaller, G. 2015. Estimation of ancestral inbreeding effect on stillbirth, calving ease and birthweight in German Holstein dairy cattle. *Journal of animal breeding and genetics*. 132(1). 59-67.

- Howard, J. T., Haile-Mariam, M., Pryce, J. E., Maltecca, C. 2015. Investigation of regions impacting inbreeding depression and their association with the additive genetic effect for United States and Australia Jersey dairy cattle. *BMC genomics*. 16(813). DOI:10.1186/s12864-015-2001-7.
- Iacolina, L., Stronen, A. V., Pertoldi, C., Tokarska, M., Norgaard, L. S., Munoz, J., Kjaersgaard, A., Ruiz-Gonzalez, A., Kaminski, S., Purfield, D. C. 2016. Novel graphical analyse sof run sof homozygosity among species and livestock breeds. *International journal of genomics*. 2152847. DOI: 10.1155/2016/2152847.
- Interbull. National genetic evaluation forms provided by countries [online]. 22. června 2006. [cit. 2017-03-01]. Dostupné z: <http://www.interbull.org/ib/geforms>
- Jakubec, V., Bezdíček, J., Louda, F. 2010. Selekce – inbríding – hybridizace. *Agrovýzkum Rapotín s.r.o. Rapotín*. p. 382. ISBN: 978-80-87144-22-0.
- Jakubec, V., Louda, F., Bezdíček, J. 2012. Šlechtění a management genetických zdrojů zvířat. *Agrovýzkum Rapotín s.r.o. Rapotín*. p. 410. ISBN: 987-80-87592-10-6.
- Jakubec, V., Říha, J., Golda, J., Majzlík, I. 1999. Odhad plemenné hodnoty hospodářských zvířat. *Výzkumný ústav pro chov skotu. Rapotín*. p. 177.
- Jakubec, V., Říha, J., Majzlík, I., Bjelka, M. 2003. Teorie a praxe selekce hospodářských zvířat. *Výzkumný ústav pro chov skotu. Rapotín*. p. 154. ISBN: 80-903143-2-5.
- Kardos, M., pylor, H. R., Ellegren, H., Luikart, G., Allendorf, F. W. 2016. Genomic advances the study of inbreeding depression in the wild. *Evolutionary applications*. 9(10). 1205-1218.
- Kim, E. S., Sonstegard, T. S., Van Tassell, C. P., Wiggans, G., Rothschild, M. F. 2015. The Relationship between Runs of Homozygosity and Inbreeding in Jersey Cattle under Selection. *Plos one*. 10 (7). DOI: 10.1371/journal.pone.0129967.

- Kulovaná, E. Současný stav ve šlechtění skotu. Zemědělec [online]. 24. dubna 2001 [cit. 2016-11-09]. Dostupné z: <http://naschov.cz/soucasny-stav-ve-slechteni-skotu/>.
- Lazzari, G., Colleoni, S., Duchi, R., Galli, A., Houghton, F. D., Galli, C. 2011. Embryonic genotype and inbreeding affect preimplantation development in cattle. *Reproduction*. 141(5). 625-632.
- Liu, Z., Jaitner, J., Reinhardt, F., Pasma, E., Rensing, S., Reents, R. 2008. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait animal model. *Journal of dairy science*. 91 (11). 4333-4343.
- Luttgenau, J., Purschke, S., Tsousis, G., Bruckmaier, R. M., Bollwein, H. 2016. Body condition loss and increased serum levels of nonesterified fatty acids enhance progesterone levels at estrus and reduce estrous activity and insemination rates in postpartum dairy cows. *Theriogenology*. 85(4). 656-663
- Malécot, G. 1948. In: Jakubec, V., Bezdiček, J., Louda, F. 2010. *Selekce – inbřídění – hybridizace*. Agrovýzkum Rapotín s.r.o. Rapotín. p. 382. ISBN: 978-80-87144-22-0.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. 2014. *Manual for BLUPF90 family of programs*. University of Georgia, Athens, USA. p. 125.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., Lee, D. H. 2002. Blupf90 and related programs (BGF90). *Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production*. 20(7).
- Mrode, R. A., Thompson, R. 2005. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values – 2nd edition*. CABI Publishing. Trowbridge. p. 344. ISBN: 0-85199-000-2.
- Muller, M. P., Rothammer, S., Seichter, D., Russ, I., Hinrichs, D., Tetens, J., Thaller, G., Medugorac, I. 2017. Genome-wide mapping of 10 calving and fertility traits in

Holstein dairy cattle with special regard to chromosome 18. *Journal of dairy science*. 100(3). 1987-2006.

- Nagamine, Y., Sasaki, O. 2008. Effect of environmental factors on fertility of Holstein-Friesian cattle in Japan. *Livestock science*. 115 (1). 89-93.
- Nayeri, S., Sargolzaei, M., Abo-Ismael, M. K., Miller, S., Schenkel, F., Moore, S. S., Stothard, P. 2007. Genome-wide association study for lactation persistency, fetal fertility, longevity and lifetime profit index trans in Holstein dairy cattle. *Journal of dairy science*. 100 (2). 1246-1258.
- Nehasilová, D. Poruchy metabolismu dojníc a jejich vliv na plodnost [online]. 4. listopadu 2005 [cit. 2017-02-17]. Dostupné z: <http://www.agronavigator.cz/default.asp?ch=1&typ=1&val=40737&ids=130>
- Pinedo, P. J., Melendez, P., Paudyal, S., Krauss, R., Arias, F., Lopez, H., Luco, A., Vergara, C. F. 2016. Association between disease occurrence and fertility of dairy cows in three geographic regions of Chile. *THERIOGENOLOGY*. 86 (3). 817-823.
- Plemdat, s.r.o. Popisy stanovení plemenných hodnot [online]. 21. dubna 2016 [cit. 2016-11-27]. Dostupné z: <http://plemdat.cz/cz/?page=metodiky-stanoveni-ph>
- Pritchard, T., Coffey, M., Mrode, R., Wall, E. 2013. Genetic parameters for production, health, fertility and longevity trans in dairy cows. *ANIMAL*. 7 (1). 34-46.
- Rokouei, M., Torshizi, R. V., Shahrabak, M. M., Sargolzaei, M., Sorensen, A. C. 2010. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *Journal of dairy science*. 93(7). 3294-3302.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., Colleau, J. J. 2006. CFC: a tool for monitoring genetic diversity. Proceeding from 8th world congress on genetics applied in livestock production. CD-ROM communication 27-28.

- Sartori, R., Spies, C., Wiltbank, M. C. 2017. Effects of dry matter and energy intake on quality of oocytes and embryos in ruminants. *Reproduction fertility and development*. 29 (1). 58-65.
- SAS institute Inc. 2013. Base SAS® 9.4 procedures guide: Statistical procedures, second edition. Cary, NC: SAS institute Inc.
- Schneiderová, P. 2005. Kvalita embryí u vysokoužitkových dojnic a jalovic a krav masných plemen. *Theriogenology*. 64 (9). 2022-2036.
- Smith, L. A., Cassell, B. G., Pearson, R. E. 1998. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *Journal of dairy science*. 81(10). 2729-2737.
- Stachowicz, K., Sargolzaei, M., Miglior, F., Schenkel, F. S. 2011. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstei and Jersey cattle. *Journal of dairy science*. 94(10). 5160-5175.
- Šiler, R., Váchal, J., Vinš, J. 1965. Dědičnost v chovatelské praxi. Státní zemědělské nakladatelství. Praha. p. 197.
- Tave, D. 1999. Inbreeding and brood stock management. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Oregon. p. 122. ISBN: 92-5-104340-X.
- Tenghe, A. M. M., Berglund, B., Wall, E., Veerkamp, R. F., de Koning, D. J. 2016. Opportunities for genomic prediction for fertility using endocrine and classical fertility trans in dairy cattle. *Journal of animal science*. 94 (9). 3645-3654.
- Thornhill, N. W. 1993. The natural history of inbreeding and outbreeding: Theoretical and empirical perspectives. The University of Chicago Press. Chicago and London. p. 575. ISBN: 0-226-79854-2
- VanRaden, P. M. 1992. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large population. *Journal of dairy science*. 75(11). 3136-3144.

- Weller, J. I., Ron, M. 1992. Genetic analysis of fertility traits in Israeli Holstein by linear and threshold models. *JOURNAL OF DAIRY SCIENCE*. 75 (9). 2541-2548.
- Wright, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist*. 56 (645). 330-338.
- Zhang, Q. Q., Calus, M. P. L., Guldbrandtsen, B., Lund, M. S., Sahan, G. 2015. Estimation of inbreeding using pedigree, 50k SNP chip genotypes and full sequence data in three cattle breeds. *BMC Genetics*. 16(88). DOI: 10.1186/s12863-015-0227-7.

9 Seznam použitých symbolů a zkratek

- BLUP-AM – nejlepší (best) lineární (linear) nevychýlená (unbiased) předpověď (prediction) zvířecího (animal) modelu
- Blupf90 – program pro výpočet BLUP animal modelu
- BR – býk rok zapuštění
- c^2 – koeficient vysvětlující proměnlivost trvalým prostředím
- CFC – Contribution, Inbríding (F), Coancestry
- ČR – Česká republika
- e – zbytková nevysvětlitelná chyba v modelu
- ET – embryotransfer = přenos zárodků
- F, F_x , ibd – koeficient inbrídingu
- Gibbs1f90 – program pro metodu gibbs sampling
- GLM – Generalized Linear Models
- gPH – genomická plemenná hodnota
- h^2 – koeficient dědivosti
- Insit – inseminační interval
- j, tp, r – kovarianční matice jedince, trvalého prostředí a reziduí
- KU – kontrola užitkovosti
- ML – multi lactation = vícelaktční model
- MT – multi trait = víceznakový model
- NEB – negativní energetická bilance
- op – koeficient opakovatelnosti
- PH – plemenná hodnota
- PH_i – plemenná hodnota se zahrnutím efektu inbrídingu do modelové rovnice
- PH_{ni} – plemenná hodnota se zahrnutím efektu inbrídingu do modelové rovnice
- Porlak – pořadí laktace
- QTL – Quantitative Trait Loci – lokusy ovlivňující kvantitativní znaky
- r_f – fenotypová korelace
- r_g – genetická korelace
- r_{op} – korelace opakovatelnosti
- RP – repeatability = model s opakovatelností
- RPH – relativní plemenná hodnota
- r_r – kovariance reziduí
- RR – random regression = model s náhodnou regresí
- r_{tp} – korelace trvalého prostředí (krav a jalovic)
- SAS – Statistical Analysis System
- SNP – single nucleotide polymorphism = jednonukleotidový polymorfismus
- SRNO – stádo rok narození období
- SRO – stádo rok období
- SRZO – stádo rok zapuštění období
- ST – Singel Trait = jednoznakový model
- TR – inseminační technik rok zapuštění
- USA – United States of America – Spojené státy americké
- VÚŽV – Výzkumný ústav živočišné výroby

10 Přílohy

10.1 Příloha 1: Hlavní úprava dat, vytvoření rodokmenu a konečného souboru s plodností

```
dm output 'clear';
dm log 'clear';
```

```
filename kravy '/home/student/misa/insem_dop_kr.txt';
filename jalovice '/home/student/misa/insem_dop_jal.txt';
filename rodkravy '/home/student/misa/kgn008.txt';
filename rodbyci '/home/student/misa/kgn009.txt';
```

```
proc printto print="/home/student/misa/vzsledky.txt";
proc printto log="/home/student/misa/log.txt";
```

```
/*MODELOVA ROVNICE:  $y = srno + srzo + tr + vek + vek^2 + ii + ii^2 + ibd + ibd^2 + poradilaktace + Pg + TPkL + e*$ */
```

```
data kravy;
  infile kravy;
  attrib krava byk format=$14. length=$14;
  input krava $1-14 rok nar 15-18 mes nar 19-20 den nar 21-22 vek otmes 23-24 vek ot dny 25-26 por lak 27-28
  rok ot 29-32
  mes ot 33-34 rok 35-38 mes z 39-40 den z 41-42 technik 43-45 pi 46-47 chov 48-57 brezk 58
  insit /*inseminační interval*/ 59-61 sp 62-64 mezd 65-68 byk $69-74 /*ncj 75-84*/;
  if rok nar < 1996 then delete;
  if brezk > 0 and brezk < 9 then delete; /*vezmu jen ciste zabrezle nezabrezle*/
  if brezk=9 then brezk=1000; /*zabrezle precisluj na 1000, aby byl lepe videt vysledek*/
  if mezd > 500 then delete;
```

```
data jalovice;
  infile jalovice;
  attrib krava byk format=$14. length=$14;
  input krava $1-14 rok nar 15-18 mes nar 19-20 den nar 21-22 vek z /*věk při zapaštění ve dnech*/ 23-25
  rok z 26-29
  mes z 30-31 den z 32-33 technik 34-36 pi 37-38 chov 39-48 brezj 49 byk $50-55 /*ncj (moje číslo krávy)
  56-66*/;
```

```
  if brezj > 0 and brezj < 9 then delete;
  if brezj=9 then brezj=1000;
  if rok nar < 1996 then delete;
```

```
/*KRAVY + JALOVICE*/
```

```
data kravy1;
  set kravy jalovice;
  if brezj=. and brezk=. then delete;
  if insit > 365 then delete;
  proc sort; by krava;
```

```
/*PRECISLUJI SI CHOV RESPEKTIVE STADO*/
```

```
data chov;
  set kravy1;
  proc sort; by chov;
data chov1;
  set chov; by chov;
  if first.chov; keep chov;
```

```

data chov2;
    set chov1;
    cchov=_n_;
data chov3;
    merge chov chov2; by chov;
data chov4;
    set chov3;
    chov=cchov;
    stado=chov;
    drop cchov;

/*VYTVORIM SI STADO ROK NAROZENI OBDOBI A PRECISLUJI*/
data srno;
    set chov4;
        attrib srno format=$16. length=$16;
    if mesnar>11 then do;
        obdobi='Z'; roknar=roknar+1; end;
    else if mesnar>2 and mesnar<6 then obdobi='J';
    else if mesnar>5 and mesnar<9 then obdobi='L';
    else if mesnar>8 and mesnar<12 then obdobi='P';
    else obdobi='Z';
    srno=compress (stado||roknar||obdobi);
data srno1;
    set srno;
    proc sort; by srno;
data srno2;
    set srno1; by srno;
    if first.srno; keep srno;
data srno3;
    set srno2;
    csrno=_n_;
data srno4;
    merge srno1 srno3; by srno;
data srno5;
    set srno4;
    srno=csrno;
    drop csrno;

/*VYTVORIM SI STADO ROK ZABREZNUTI OBDOBI ZABREZNUTI A PRECISLOVANI*/
data srzo;
    set srno5;
        attrib srzo format=$16. length=$16;
    /*if mesz>11 then do;
        obdobiz='Z'; rokz=rokz+1; end;
    else if mesz>2 and mesz<6 then obdobiz='J';
    else if mesz>5 and mesz<9 then obdobiz='L';
    else if mesz>8 and mesz<12 then obdobiz='P';
    else obdobiz='Z';*/
    srzo=compress (stado||rokz||mesz);
data srzo1;
    set srzo;
    proc sort; by srzo;
data srzo2;
    set srzo1; by srzo;
    if first.srzo; keep srzo;
data srzo3;
    set srzo2;
    csrzo=_n_;
data srzo4;
    merge srzo1 srzo3; by srzo;

```

```

data srzo5;
    set srzo4;
    srzo=csrzo;
    drop csrzo;

/*TECHNIK ROK*/
data technik;
    set srzo5;
    tr=compress (technik||rokz);
data technik1;
    set technik;
    proc sort; by tr;
data technik2;
    set technik1; by tr;
    if first.tr; keep tr;
data technik3;
    set technik2;
    ctr=_n_;
data technik4;
    merge technik3 technik1; by tr;
data technik5;
    set technik4;
    tr=ctr;
    drop ctr;

/*VYTVORENI VEKU PRI INSEMINACT*/
data vek;
    set technik5;
    if brezj=.
    then do;
        narozenirok=roknar*365;
        narozenimes=(mesnar-1)*30;
        if mesnar=2 and mesnar=4 and mesnar=6 and mesnar=8 and mesnar=9 and mesnar=11
        and mesnar=0 then nerozenimes=narozenimes+1; if mesnar=3 then narozenimes=
narozenimes-2;
        veknar=narozenirok+narozenimes+dennar;
        zapustenirok=rokz*365;
        zapustenimes=(mesz-1)*30; if mesz=2 and mesz=4 and mesz=6 and mesz=8 and mesz=9
and mesz=11
        and mesz=0 then zapustenimes=zapustenimes+1; if mesz=3 then
zapustenimes=zapustenimes-2;
        vekzap=zapustenirok+zapustenimes+denz;
        vek=vekzap-veknar;
        if vek<680 then delete;
    end;
    if brezk=. then do;
        vek=vekz;
        if vek<365 then delete;
    end;
    proc sort; by krava;
data svekem;
    set technik5;
    proc sort; by krava;
data svekem1;
    merge svekem vek; by krava;

/*VYTVORENI BYK-ROK*/
data bykrok;
    set svekem1;
    proc sort; by byk;

```

```

data bykrok1;
  set bykrok; attrib br format=$10. length=$10;
  br=compress(byk||rokz);
  proc sort; by br;
data bykrok2;
  set bykrok1;
data bykrok3;
  set bykrok2; by br;
  if first.br; keep br;
data bykrok4;
  set bykrok3;
  bykrok=_n_;
data bykrok5;
  merge bykrok1 bykrok4; by br;

/*VYTVORENI RODOKMENU*/
data rodokmenkravy;
  infile rodkravy missover;
  attrib jedinec otec matka format=$14. length=$14;
  input jedinec $1-14 otec $16-21 matka $23-36 podilC 38-40 podilH 42-44 podilR 46-48 zemepuvodu $50-
52 roknar 54-57
  mesnar 58-59 dennar 60-61 /*plemeno 63-74*/ puvcis $76-90;
  if jedinec=matka then delete;
  if otec=matka then matka="";
  if jedinec=otec then delete;
  if otec="000000" then otec="";
  if matka="000000000000" then matka="";
  if matka="CZ000000000000" then matka="";

data rodokmenbyci;
  infile rodbyci missover;
  attrib jedinec otec matka format=$14. length=$14;
  input jedinec $1-6 otec $8-13 matka $15-28 podilC 30-32 podilH 34-36 podilR 38-40 zemepuvodu $42-44
roknar 46-49
  mesnar 50-51 dennar 52-53 pkd 55/*priznak kontroly dedicnosti*/ ppk $57 /*priznak plemenne knihy
plemeno 59-70*/ puvcis $72-86;
  if jedinec=otec then delete;
  if otec=matka then matka="";
  if jedinec=matka then delete;
  if otec="000000" then otec="";
  if matka="000000000000" then matka="";
  if matka="CZ000000000000" then matka="";

data rodokmen;
  attrib jedinec otec matka format=$14. length=$14;
  set rodokmenkravy rodokmenbyci;
  keep jedinec otec matka podilC podilH podilR roknar mesnar dennar;
  /* file rodokmen;
  put jedinec otec matka roknar mesnar dennar;*/
  proc sort; by jedinec;

/*SPOJENI DAT KRAV*/
data rodkrav;
  attrib jedinec format=$14. length=$14;
  set bykrok5;
  jedinec=krava;
  proc sort; by jedinec;
data rodkrav1;
  set rodkrav; by jedinec;
  if first.jedinec; keep jedinec;

```

```

data rodkrav2;
    set rodokmen;
    proc sort; by jedinec;
data rodkrav3;
    merge rodkrav1(in=kravy) rodkrav2; by jedinec; if kravy;
    if podilH<75 then delete; /*ponechani holstynu*/
    proc sort; by jedinec;

/*SPOJENI UZITKOVOSTI S OSEKANYM RODOKMENEM*/
data uzitrod;
    set rodkrav;
    proc sort; by jedinec;
data uzitrod1;
    merge rodkrav3 (in=plemena) uzitrod; by jedinec; if plemena;

/*CHCI OdstARNIT SRNO, SRZO, TR, BYKY A OTCE S MALYM POCTEM JEDINCU*/
data odstraneni;
    set uzitrod1;
    drop vekotmes vekotdny rokot mesot mesz denz technik pi chov sp mezd stado obdobi obdobi;
    if otec="" then delete;
    if matka="" then delete;
    proc sort; by srno;

%macro vyrizeni;
    %do i=1 %to 20 %by 1;
        proc sort data=odstraneni; by srno; title 'srno&i';
        proc means noprint; var vek; by srno;
        output out=pru mean=;

        data pocsrno;
            set pru; pocet=_freq_; keep srno pocet;
            if pocet<30 then delete; /*30*/
        proc means;

        data odstraneni1;
            merge odstraneni pocsrno(in=pocety); by srno; if pocety;
            drop pocet;
        proc means;

        proc sort data=odstraneni1; by srzo; title 'srzo&i';
        proc means data=odstraneni1 noprint; var vek; by srzo;
        output out=pru mean=;

        data pocsrzo;
            set pru; pocet=_freq_; keep srzo pocet;
            if pocet<10 then delete; /*30*/
        proc means;
        proc sort; by srzo;

        data odstraneni2;
            merge odstraneni1 pocsrzo(in=pocety); by srzo; if pocety;
            drop pocet;
        proc means;

        proc sort data=odstraneni2; by br; title 'br&i';
        proc means data=odstraneni2 noprint; var vek; by br;
        output out=pru mean=;

        data pocbyk;
            set pru; pocet=_freq_; keep br pocet;

```

```

        if pocet<100 then delete; /*100*/
proc means;
proc sort; by br;

data odstraneni3;
    merge odstraneni2 pocbyk (in=pocety); by br; if pocety;
    drop pocet;
proc means;

proc sort data=odstraneni3; by tr; title 'tr&i';
proc means data=odstraneni3 noprint; var vek; by tr;
output out=pru mean=;

data pocotr;
    set pru; pocet=_freq_; keep tr pocet;
    if pocet<500 then delete; /*500*/
proc means;
proc sort; by tr;

data odstraneni4;
    merge odstraneni3 pocotr (in=pocety); by tr; if pocety;
    drop pocet;
proc means;
    proc sort; by jedinec;

    data a;
    set odstraneni4; by jedinec;
    if first.jedinec;
    proc means;

    proc sort data=a; by otec; title 'otec&i';
proc means data=a noprint; var vek; by otec;
output out=pru mean=;

data pocot;
    set pru; pocet=_freq_; keep otec pocet;
    if pocet<5 then delete; /*5*/
proc means;
    proc sort data=odstraneni4; by otec;

data odstraneni;
    merge odstraneni4 pocot (in=pocety); by otec; if pocety;
    drop pocet;
proc means;

%end;
%mend vyrazeni;
%vyrazeni; run;

data odstr;
    set odstraneni;
    if otec="" then delete;
    if matka="" then delete;
proc sort; by jedinec;
/*data odstr1;
    set odstraneni;
    proc sort; by jedinec;
data odstr2;
    set odstr1;
/* file uzitkovosti;

```



```

put jedinec roknar mesnar dennar;*/

data rodokmeny;
  set odstr;
  keep jedinec otec matka;
  proc sort; by jedinec;

/*VYTVORENI UPLNEHO RODOKMENU*/
%macro rodokmenvsech;
  %do i=1 %to 32 %by 1;
    data jedinec;
      set rodokmeny;
      keep jedinec;

      data otcove;
        set rodokmeny;
                                                keep otec;
        jedinec=otec;
        keep jedinec;

      data matky;
        set rodokmeny;
                                                keep matka;
        jedinec=matka;
        keep jedinec;

      data rodokmeny2;
        set jedinec otcove matky;
        proc sort; by jedinec;

      data rodokmeny3;
        set rodokmeny2; by jedinec;
        if first.jedinec; keep jedinec;

      data rodokmeny4;
        merge rodokmen rodokmeny3 (in=jedinci); by jedinec; if jedinci;
        drop podilC podilH podilR;
        if jedinec="" then delete;
        if jedinec=matka then delete;
        if jedinec=otec then delete;
        if jedinec="00000000000000" then delete;
      data rodokmeny;
        set rodokmeny4;
      %end;
  %mend rodokmenvsech;
%rodokmenvsech; run;
data jedinec;
  set rodokmeny;
  keep jedinec;

data otcove;
  set rodokmeny;
  jedinec=otec;
  keep jedinec;

data matky;
  set rodokmeny;
  jedinec=matka;
  keep jedinec;

```

```

data rodokmeny2;
    set jedinec otcove matky;
    proc sort; by jedinec;

data rodokmeny3;
    set rodokmeny2; by jedinec;
    if first.jedinec; keep jedinec;

data konec;
    merge rodokmeny3 rodokmeny; by jedinec;
    drop podilC podilH podilR;
    if jedinec="" then delete;
    if jedinec=matka then delete;
    if jedinec=otec then delete;
    if jedinec="00000000000000" then delete;

/*PRECISLOVANI JEDINCU*/
data precislovanij;
    set konec;
    keep jedinec;
    proc sort; by jedinec;

data precislovanio;
    set konec;
    keep otec;
data precislovanio1;
    set precislovanio;
    jedinec=otec;
    proc sort; by jedinec;
data precislovanio2;
    set precislovanio1;
    keep jedinec;

data precislovanim;
    set konec;
    keep matka;
data precislovanim1;
    set precislovanim;
    jedinec=matka;
    proc sort; by jedinec;
data precislovanim2;
    set precislovanim1;
    keep jedinec;

data precislovanivsech;
    set precislovanij precislovanio2 precislovanim2;
    proc sort; by jedinec;
data precislovanivsech1;
    set precislovanivsech; by jedinec;
    if jedinec="" then delete;
    if jedinec="000000" then delete;
    if jedinec="00000000000000" then delete; if jedinec="0000000000000000" then delete;
    if jedinec="CZ00000000000000" then delete;
    if first.jedinec; keep jedinec;
data precislovanivsech2;
    set precislovanivsech1;
    cjedince=_n_;

data precislovanio3;
    merge precislovanio1 (in=otcove) precislovanivsech2; by jedinec; if otcove;

```

```

drop jedinec;

data precislovanim3;
merge precislovanim1 (in=matky) precislovanivsech2; by jedinec; if matky;
drop jedinec;

data precislovanij1;
merge precislovanij (in=jedinci) precislovanivsech2; by jedinec; if jedinci;

data precislovanirodokmenu;
merge konec precislovanij1; by jedinec;
jedinec=cjedince;
drop cjedince;
proc sort; by matka;
data precislovanirodokmenu1;
merge precislovanirodokmenu precislovanim3; by matka;
matka=cjedince;
drop cjedince;
proc sort; by otec;
data precislovanirodokmenu2;
merge precislovanirodokmenu1 precislovanio3; by otec;
otec=cjedince;
drop cjedince;
if jedinec="" then delete;
if matka="" then matka=0;
if otec="" then otec=0;
proc sort; by jedinec;
data hotovorod;
set precislovanirodokmenu2; by jedinec;
if otec=. then otec=0;
if matka=. then matka=0; if roknar=0 then roknar=.; if jedinec=534248 then delete; if jedinec=597899 then
delete;
file hotovorod1;
put jedinec otec matka roknar;

/*PRECISLOVANI V UZITKOVOSTI*/
data precislovaniuazit;
merge odstr (in=jedinci) precislovanivsech2; by jedinec; if jedinci;
jedinec=cjedince;
proc sort; by srno;

/*MUSIM PRECISLOVAT ZNOVU VSECHNZ EFEKTY*/
data prec;
set precislovaniuazit; by srno;
if first.srno; keep srno;
data prec1;
set prec;
csrno=_n_;
data prec2;
merge precislovaniuazit prec1; by srno;
data prec3;
set prec2;
srno=csrno;
drop csrno;
proc sort; by srzo;

data prec4;
set prec3; by srzo;
if first.srzo; keep srzo;
data prec5;

```

```

        set prec4;
        csrzo=_n_;
data prec6;
        merge prec3 prec5; by srzo;
data prec7;
        set prec6;
        srzo=csrzo;
        drop csrzo;
        proc sort; by tr;

data prec8;
        set prec7; by tr;
        if first.tr; keep tr;
data prec9;
        set prec8;
        ctr=_n_;
data prec10;
        merge prec9 prec7; by tr;
data prec11;
        set prec10;
        tr=ctr;
        drop ctr;
        proc sort; by bykrok;

data prec12;
        set prec11; by bykrok;
        if first.bykrok; keep bykrok;
data prec13;
        set prec12;
        cbr=_n_;
data prec14;
        merge prec13 prec11; by bykrok;
data pre1;
        set prec14;
        bykrok=cbr;
        drop cbr;
        proc sort; by jedinec;

data pre2;
        set pre1; by jedinec;
        if first.jedinec; keep jedinec;
data pre3;
        set pre2;
        cjed=_n_;
data pre4;
        merge pre1 pre3; by jedinec;

data hotovouzit;
        set pre4;
        if jedinec=534248 then delete;
        if jedinec=597899 then delete; /*problem v rodokmenu podle CFC*/
        keep jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak byk bykrok roknar mesnar dennar cjed;
        file hotovouzit1;
        put jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak byk bykrok cjed roknar;
proc means;
run;

```

10.2 Příloha 2: Výstup z programu CFC

14:40 Thursday, August 18, 2016

Pedigree file name: rod.pdg

Brief structure of the pedigree:

	Number
Individuals in total	1235982
Inbreds in total	976900
Evaluated individuals	1235982
Inbreds in evaluated	976900
Sires in total	23094
-Progeny	1203688
Dams in total	839639
-Progeny	1140223
Individuals with progeny	862733
Individuals with no progeny	373249
Founders	25423
-Progeny	32435
-Sires	3113
-Progeny	10020
-Dams	22310
-Progeny	24449
-With no progeny	0
Non-founders	1210559
-Sires	19981
-Progeny	1193668
-Dams	817329
-Progeny	1115774
-Only with known sire	70336
-Only with known dam	6871
-With known sire and dam	1133352
Full-sib groups	19405
-Average family size	2.09132
-Maximum	14
-Minimum	2

Distribution of inbreeding coefficients

0.00 < F <= 0.05	814892
0.05 < F <= 0.10	157228
0.10 < F <= 0.15	3620
0.15 < F <= 0.20	606
0.20 < F <= 0.25	89
0.25 < F <= 0.30	449

$0.30 < F \leq 0.35$	15
$0.35 < F \leq 0.40$	0
$0.40 < F \leq 0.45$	1
$0.45 < F \leq 0.50$	0
$0.50 < F \leq 0.55$	0
$0.55 < F \leq 0.60$	0
$0.60 < F \leq 0.65$	0
$0.65 < F \leq 0.70$	0
$0.70 < F \leq 0.75$	0
$0.75 < F \leq 0.80$	0
$0.80 < F \leq 0.85$	0
$0.85 < F \leq 0.90$	0
$0.90 < F \leq 0.95$	0
$0.95 < F \leq 1.00$	0

Longest ancestral path (LAP):

0	25423
1	9120
2	10017
3	10454
4	20822
5	18599
6	14431
7	13091
8	13025
9	21518
10	24604
11	36946
12	44314
13	62868
14	78897
15	99641
16	118701
17	119152
18	93893
19	63185
20	28625
21	20069
22	54793
23	72379
24	64779
25	48772
26	29792
27	11993
28	4061
29	1293
30	506
31	179
32	36

A: Number of individuals

B: Number of inbreds

C: Number of founders

D: Number of individuals with both known parents

E: Number of individuals with no progeny

Group	A	B	C	D	E
Total	1235982	976900	25423	1133352	373249
0	36504	33248	119	35728	1437
1	40992	38239	96	40237	3952
2	45444	43339	87	44755	8113
3	51531	49941	64	50940	13697
4	58008	56662	67	57467	20209
5	59990	59012	58	59570	22787
6	60672	59921	42	60347	23511
7	60029	59435	32	59807	23506
8	59682	59143	9	59492	23886
9	61594	61197	4	61470	26448
10	60167	59860	4	60022	29796
11	61044	60843	0	60921	37337
12	59817	59724	0	59772	47711
13	54114	54102	0	54114	54039
14	36492	36488	0	36492	36492
21	1	0	0	1	0
31	1	0	0	1	0
33	1	0	0	1	0
34	1	0	1	0	0
35	1	0	0	1	0
36	1	0	0	0	0
37	3	0	0	1	0
38	1	0	1	0	0
39	2	0	0	1	0
41	1	0	0	1	0
42	7	0	5	2	0
44	2	0	0	2	0
45	2	0	1	1	0
46	4	0	1	3	0
47	7	0	3	2	0
48	6	0	3	3	0
49	6	0	2	3	0
50	33	0	13	20	0
51	29	0	12	17	0
52	25	0	12	11	0
53	27	1	7	19	0
54	24	0	7	17	0
55	26	1	8	13	0
56	39	1	11	27	0

57	37	5	10	26	0
58	32	0	11	19	0
59	38	1	10	25	0
60	85	0	25	46	0
61	92	4	28	57	0
62	89	6	30	52	0
63	122	6	35	69	0
64	115	3	41	56	0
65	167	10	56	81	0
66	210	7	79	95	0
67	223	12	79	92	0
68	258	20	84	112	0
69	289	8	80	130	0
70	326	21	92	155	0
71	433	22	132	205	0
72	531	22	152	271	0
73	628	44	198	266	0
74	762	48	242	277	0
75	1104	73	288	369	0
76	1761	63	362	380	0
77	2849	84	293	474	0
78	4474	71	472	491	0
79	6012	92	622	640	0
80	8350	134	648	903	0
81	10496	224	654	1530	0
82	12021	381	569	2873	0
83	13672	482	537	4603	0
84	13746	786	518	6092	0
85	14367	1090	494	8323	0
86	22736	2708	604	16645	0
87	17891	3082	478	16556	0
88	19288	4293	442	18269	0
89	18578	5348	424	17641	0
90	19777	7398	448	18735	0
91	18566	8511	430	17552	0
92	18610	9574	662	17307	0
93	21662	12679	920	20121	0
94	22539	13802	860	20998	0
95	24361	17010	745	22853	0
96	25727	19565	559	24482	0
97	28161	22642	437	27068	1
98	29712	25370	307	28904	39
99	32772	28983	209	31981	278

F: Number of unique ancestors for the group (excluding ancestors in the group)

G: Average inbreeding coefficients

H: Average inbreeding coefficients in the inbreds

I: Maximum of inbreeding coefficients

J: Minimum of inbreeding coefficients

Group	F	G	H	I	J
Total	0	0.0255748	0.0323575	0.439214	6.70552e-008
0	156504	0.0184737	0.0202828	0.285773	9.83477e-007
1	178858	0.0210252	0.0225389	0.306801	1.4836e-006
2	202775	0.0242584	0.0254367	0.292809	4.76837e-007
3	231710	0.0276487	0.028529	0.288458	5.36628e-006
4	262377	0.0304749	0.0311988	0.303442	2.5034e-006
5	277157	0.0334717	0.0340264	0.297177	2.26125e-006
6	289574	0.0356207	0.0360672	0.439214	4.07352e-006
7	294344	0.0373514	0.0377247	0.304854	7.55224e-006
8	301217	0.0391824	0.0395395	0.315682	7.0706e-006
9	316433	0.0406477	0.0409114	0.315771	6.70552e-008
10	318463	0.0427408	0.04296	0.300048	2.81632e-006
11	329450	0.0444276	0.0445744	0.313469	1.2386e-005
12	331041	0.0459951	0.0460667	0.296241	1.27368e-005
13	311985	0.0479332	0.0479438	0.306144	4.96837e-005
14	241054	0.049603	0.0496084	0.321269	0.000291182
21	3	0	0	0	0
31	5	0	0	0	0
33	7	0	0	0	0
34	0	0	0	0	0
35	2	0	0	0	0
36	1	0	0	0	0
37	11	0	0	0	0
38	0	0	0	0	0
39	12	0	0	0	0
41	2	0	0	0	0
42	6	0	0	0	0
44	11	0	0	0	0
45	2	0	0	0	0
46	17	0	0	0	0
47	8	0	0	0	0
48	17	0	0	0	0
49	13	0	0	0	0
50	87	0	0	0	0
51	61	0	0	0	0
52	36	0	0	0	0
53	70	0.00462963	0.125	0.125	0.125
54	88	0	0	0	0
55	101	7.51202e-005	0.00195313	0.00195313	0.00195313
56	117	2.50401e-005	0.000976563	0.000976563	0.000976563
57	140	0.00723184	0.0535156	0.125	0.000976563
58	103	0	0	0	0
59	137	0.000822368	0.03125	0.03125	0.03125
60	275	0	0	0	0
61	291	0.00357719	0.0822754	0.125488	0.015625
62	295	0.00403792	0.0598958	0.125	0.0078125
63	412	0.00282563	0.0574544	0.125	0.000976563

64	373	0.00224185	0.0859375	0.125	0.0625
65	542	0.00216949	0.0362305	0.125	0.00390625
66	625	0.00066819	0.0200457	0.078125	0.00109863
67	765	0.00256512	0.0476685	0.175049	0.000244141
68	794	0.00332736	0.042923	0.25	0.000488281
69	999	0.00104795	0.0378571	0.25	0.00012207
70	1023	0.00239928	0.037246	0.125	0.000976563
71	1378	0.00117052	0.023038	0.140625	0.000732422
72	1545	0.000769922	0.0185831	0.125	0.00123596
73	1574	0.00120272	0.0171661	0.0762024	6.10352e-005
74	1869	0.000760957	0.0120802	0.0625	0.000244141
75	2427	0.00114489	0.0173146	0.128906	0.00012207
76	2812	0.000593451	0.0165884	0.0631714	0.000488281
77	2996	0.000589685	0.0200001	0.128906	6.10352e-005
78	3707	0.000297413	0.0187412	0.125977	0.000244141
79	4073	0.000262761	0.0171709	0.25	0.00012207
80	5021	0.000239358	0.0149152	0.25	3.05176e-005
81	6142	0.000330531	0.0154877	0.250244	4.57764e-005
82	8159	0.000511275	0.0161313	0.25209	3.05176e-005
83	11124	0.000553443	0.0156985	0.250488	8.58307e-006
84	13663	0.000577595	0.0101013	0.251953	8.58307e-006
85	17326	0.000817418	0.0107742	0.251495	3.05176e-005
86	29417	0.00100328	0.00842343	0.25528	1.07326e-005
87	31594	0.00149986	0.00870666	0.25528	1.90735e-006
88	37740	0.00167388	0.00752057	0.25209	6.61612e-006
89	41509	0.00207648	0.00721331	0.281265	1.90735e-006
90	48199	0.00286108	0.0076485	0.28125	3.93391e-006
91	50472	0.00364354	0.00794806	0.254959	2.01352e-006
92	56030	0.00420011	0.00816419	0.255325	1.96695e-006
93	68400	0.00475326	0.00812091	0.261053	2.86102e-006
94	73892	0.00523473	0.00854844	0.260716	1.2219e-006
95	85097	0.00605082	0.00866573	0.252979	2.44379e-006
96	94520	0.00773991	0.0101776	0.258407	9.83477e-007
97	108385	0.00935763	0.0116386	0.287842	3.8147e-006
98	120182	0.0120522	0.0141149	0.271318	4.91738e-007
99	136933	0.0150446	0.0170114	0.286495	9.83477e-007

K: Average numerator relationships (Reciprocals + Self-relationships)

L: Average numerator relationships (Self-relationships are excluded)

M: Average number of discrete generation equivalents (or average of average number of generations)

N: Maximum number of discrete generation equivalents

O: Minimum number of discrete generation equivalents

Group	K	L	M	N	O
Total	0.0412893	0.0412885	7.4602	12.6918	0
0	0.0434455	0.0434188	1.07523	5.04297	0
1	0.0473123	0.0472885	1.23971	4.5293	0

2	0.0531516	0.0531302	1.23777	3.55469	0
3	0.0610246	0.0610058	1.44663	4.88477	0
4	0.0668948	0.0668782	1.39823	4.95313	0
5	0.0715927	0.0715767	1.47532	4.85156	0
6	0.0753168	0.075301	1.43857	5.69336	0
7	0.07928	0.0792641	1.17577	4.58594	0
8	0.0821272	0.0821111	1.32844	5.16992	0
9	0.0852435	0.085228	1.16933	6.2561	0
10	0.0891528	0.089137	1.33036	5.26563	0
11	0.0946884	0.0946729	1.21337	5.60645	0
12	0.0998746	0.0998587	1.1782	5.85547	0
13	0.104763	0.104746	1.23582	5.61328	0
14	0.108592	0.108566	1.39812	6.31555	0
21	0	0	1.53588	5.87793	0
31	0	0	1.7913	6.53564	0
33	0	0	2.0216	6.48242	0
34	0	0	2.31718	6.74097	0
35	0	0	2.64186	6.89948	0
36	0	0	1.02526	4.12988	0
37	0.333333	0	1.63506	6.10596	0
38	0	0	3.0648	6.94141	0
39	0.5	0	1.23859	3.75	0
41	0	0	1.18539	4.21875	0
42	0.142857	0	1.22056	4.93359	0
44	0.5	0	3.62567	7.44873	0
45	0.5	0	3.91659	7.69424	0
46	0.25	0	4.17961	7.73828	0
47	0.142857	0	5.99021	8.99495	0
48	0.166667	0	6.40221	9.28503	0
49	0.166667	0	8.52469	10.5815	0
50	0.030877	0.000591856	8.82766	10.8107	0
51	0.0346314	0.000153941	9.37256	11.2177	0
52	0.0402	0.000208333	3.36355	7.13086	0
53	0.0394376	0.00231481	1.22195	4.35156	0
54	0.0425958	0.000969486	4.35256	8.25142	0
55	0.039519	0.00109675	4.59514	8.22913	0
56	0.0309527	0.00545083	4.8517	8.44839	0
57	0.0341561	0.00712627	5.2063	8.62317	0
58	0.0319824	0.000756048	5.63234	8.88814	0
59	0.0305683	0.00434522	6.78315	9.54435	0
60	0.014619	0.00288825	7.12568	9.64005	0
61	0.0137025	0.00282472	7.4815	9.79716	0
62	0.0150039	0.00376485	7.83119	10.0742	0
63	0.00969819	0.00149053	8.21688	10.445	0
64	0.00920032	0.000489427	9.10156	11.071	0
65	0.00711579	0.00112149	9.60694	11.5615	0
66	0.00580191	0.00104179	9.81133	11.5153	0
67	0.00613672	0.00164831	10.2659	12.0151	2.90906
68	0.00564474	0.00176271	1.02246	3.4375	0
69	0.00494439	0.0014857	1.11379	4.04688	0

70	0.00546125	0.00239375	0.61	2	0
71	0.00460065	0.00229377	0.833333	2	0
72	0.0040829	0.00220235	0.861387	2.8125	0
73	0.00418188	0.00259173	0.75	2.875	0
74	0.00414102	0.00283141	1.11589	3.4375	0
75	0.00290622	0.00200119	1.21074	2.8125	0
76	0.00222474	0.00165749	1.39411	3.9375	0
77	0.00194716	0.00159651	1.35773	3.25	0
78	0.00198103	0.00175784	1.0939	3.17188	0
79	0.00199706	0.00183098	1.01157	2.3125	0
80	0.00217678	0.00205723	0.66276	1.97656	0
81	0.00295926	0.00286423	10.0435	11.7743	0
82	0.00288085	0.00279785	0.5	1.5	0
83	0.00275094	0.00267795	1.08203	2.32813	0
84	0.0029108	0.00283821	1.22656	1.95313	0.5
85	0.00343181	0.00336239	0.96875	1.90625	0.5
86	0.00371188	0.00366802	0.5	0.5	0.5
87	0.00459126	0.00453553	0.357143	1.5	0
88	0.00569262	0.00564098	1.8125	1.8125	1.8125
89	0.00619073	0.00613712	0.5	1	0
90	0.0074651	0.00741476	1.625	1.625	1.625
91	0.00859559	0.00854199	1.25	1.25	1.25
92	0.00857218	0.00851868	1.6875	1.75	1.625
93	0.00946536	0.00941941	0	0	0
94	0.0111264	0.0110823	1	1	1
95	0.0145926	0.0145519	1	1	1
96	0.0186605	0.0186221	0	0	0
97	0.0234609	0.0234259	10.477	12.3699	4.1997
98	0.0301774	0.0301443	10.7336	12.6134	5.25998
99	0.0376688	0.0376389	10.9374	12.6918	5.54482

10.3 Příloha 3: Metoda nejmenších čtverců pro krávy bez a s inbrídingem

```
filename uzit 'C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\hotovouzit';
filename uzit '/home/student1/misa/HOTOVOUZIT1';
proc printto log='/home/student1/misa/logkr.txt'; proc printto print='/home/student1/misa/glmkr.txt';
data uzit;
infile uzit;
input jedinec $ brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak byk bykrok cjed;
proc sort; by srno srzo;

proc glm; title 'pouze srno s absorb';
absorb srno;
class;
model brezk=;

proc glm;
absorb srno; title 'absorb srno';
class tr bykrok porlak;
model brezk= tr vek vek*vek insit insit*insit porlak bykrok;
```

```
proc glm; title 'pouze absorb srno srzo';  
absorb srno srzo;  
class;  
model brezk=;
```

```
proc glm;  
absorb srno srzo; title 'absorb srno srzo';  
class tr bykrok porlak;  
model brezk= tr vek vek*vek insit insit*insit porlak bykrok;  
proc sort; by srzo;
```

```
proc glm; title 'absorb srzo';  
absorb srzo;  
class tr bykrok porlak;  
model brezk=tr vek vek*vek insit insit*insit porlak bykrok;
```

```
proc glm; title 'pouze absorb srzo';  
absorb srzo;  
class;  
model brezk=;
```

```
proc glm; title 'vek';  
class;  
model brezk=vek vek*vek;
```

```
proc glm; title 'tr';  
class tr;  
model brezk=tr;
```

```
proc glm; title 'insit';  
class;  
model brezk=insit insit*insit;
```

```
proc glm; title 'porlak';  
class porlak;  
model brezk=porlak;  
proc glm; title 'bykrok';  
class bykrok;  
model brezk=bykrok;
```

```
proc glm;  
class bykrok tr porlak;  
model brezk=tr vek vek*vek insit insit*insit porlak bykrok;  
proc means;  
run;
```

```
/*filename uzit 'C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\hotovouzit';*/  
filename uzit '/home/student/misa/HOTOVOUZIT2';  
proc printto log='/home/student/misa/logkr2.txt'; proc printto print='/home/student/misa/glmkr2.txt';  
data uzit;  
infile uzit;  
input jedinec $ brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak byk bykrok cjed;  
proc sort; by srno srzo;
```

```
proc glm;  
absorb srno; title 'absorb srno';  
class tr bykrok porlak;  
model brezk= tr vek vek*vek insit insit*insit porlak bykrok ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title 'pouze absorb srno srzo v modelu ibd';  
absorb srno srzo;  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm;  
absorb srno srzo; title 'absorb srno srzo';  
class tr bykrok porlak;  
model brezk= tr vek vek*vek insit insit*insit porlak bykrok ibd ibd*ibd;  
proc sort; by srzo;
```

```
proc glm; title 'absorb srzo';  
absorb srzo;  
class tr bykrok porlak;  
model brezk=tr vek vek*vek insit insit*insit porlak bykrok ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title 'pouze absorb srzo v modelu ibd';  
absorb srzo;  
class;  
model brezk= ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title 'ibd';  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm;  
class bykrok tr porlak;  
model brezk=tr vek vek*vek insit insit*insit porlak bykrok ibd ibd*ibd;  
proc means;  
run;
```

10.4 Příloha 4: Metoda nejmenších čtverců pro jalovice bez a s inbrídingem

```
/*filename uzit 'C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\hotovouzit1';*/  
filename uzit '/home/student/misa/HOTOVOUZIT1';  
proc printto print='/home/student/misa/glmjal1.txt'; proc printto log='/home/student/misa/logglm1.txt';  
data uzit;  
infile uzit;  
input jedinec $ brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak byk bykrok cjed;  
proc sort; by srno srzo;
```

```
proc glm; title 'pouze srno s absorb';  
absorb srno;  
class;  
model brezj=;
```

```
proc glm;  
absorb srno; title 'absorb srno';  
class srzo tr bykrok;  
model brezj= tr vek vek*vek bykrok;
```

```
proc glm; title 'pouze absorb srno srzo';  
absorb srno srzo;  
class;  
model brezj=;
```

```

proc glm;
absorb srno srzo; title 'absorb srno srzo';
class tr bykrok;
model brezj= tr vek vek*vek bykrok;
proc sort; by srzo;

proc glm; title 'absorb srzo';
absorb srzo;
class tr bykrok;
model brezj=tr vek vek*vek bykrok;

proc glm; title 'pouze absorb srzo';
absorb srzo;
class;
model brezj=;

proc glm; title 'vek';
class tr bykrok;
model brezj=vek vek*vek;

proc glm; title 'vek tr';
class tr bykrok;
model brezj=tr vek vek*vek;

proc glm; title 'bykrok vek';
class tr bykrok;
model brezj= vek vek*vek bykrok;

proc glm; title 'tr bykrok';
class tr bykrok;
model brezj= tr bykrok;

proc glm; title 'bykrok';
class bykrok;
model brezj=bykrok;

proc glm; title 'tr';
class tr;
model brezj=tr;

proc glm; title 'bez absorbce';
class tr bykrok;
model brezj=tr vek vek*vek bykrok;
proc means;
run;

/*filename uzit 'C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\hotovouzit1';*/
filename uzit '/home/student/misa/HOTOVOUZIT2';
proc printto print='/home/student/misa/glmjal2.txt'; proc printto log='/home/student/misa/logglm2.txt';
data uzit;
infile uzit;
input jedinec brezj brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
proc sort; by srno srzo;

proc glm;
absorb srno; title 'absorb srno';
class tr bykrok;
model brezj= tr vek vek*vek bykrok ibd ibd*ibd;

proc glm;

```

```

absorb srno srzo; title 'absorb srno srzo';
class tr bykrok;
model brezj= tr vek vek*vek bykrok ibd ibd*ibd;
proc sort; by srzo;

proc glm; title 'absorb srzo';
absorb srzo;
class tr bykrok;
model brezj=tr vek vek*vek bykrok ibd ibd*ibd;

proc glm; title 'vek ibd';
class;
model brezj=vek vek*vek ibd ibd*ibd;

proc glm; title 'vek tr ibd';
class tr;
model brezj=tr vek vek*vek ibd ibd*ibd;

proc glm; title 'vek bykrok ibd';
class bykrok;
model brezj=bykrok vek vek*vek ibd ibd*ibd;

proc glm; title 'bykrok ibd';
class tr bykrok;
model brezj= ibd ibd*ibd bykrok;

proc glm; title 'tr bykrok ibd';
class tr bykrok;
model brezj= tr bykrok ibd ibd*ibd;

proc glm; title 'tr ibd';
class tr;
model brezj=tr ibd ibd*ibd;

proc glm; title 'ibd';
class;
model brezj=ibd ibd*ibd;

proc glm; title 'bez absorbce';
class tr bykrok;
model brezj=tr vek vek*vek bykrok ibd ibd*ibd;
proc means;
run;

```

10.5 Příloha 5: Metoda nejmenších čtverců pro různě vysoký stupeň inbredního koeficientu

```

filename ibd05 "C:\Users\Miška\ibd05.txt";
dm log "clear";
data ibd05;
infile ibd05;
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
proc sort; by ibd;

proc glm; title "jalovice 0.5";
class;
model brezj=ibd ibd*ibd;

```



```
proc glm; title "kravy 0.5";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd; run;
```

```
filename ibd1 "C:\Users\Miška\ibd1.txt";  
data ibd1;  
infile ibd1;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 1";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title "kravy 1";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd2 "C:\Users\Miška\ibd2.txt";  
data ibd2;  
infile ibd2;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 2";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title "kravy 2";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd3 "C:\Users\Miška\ibd3.txt";  
data ibd3;  
infile ibd3;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 3";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title "kravy 3";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd4 "C:\Users\Miška\ibd4.txt";  
data ibd4;  
infile ibd4;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 4";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title "kravy 4";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd5 "C:\Users\Miška\ibd5.txt";  
data ibd5;  
infile ibd5;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
    proc glm; title "jalovice 5";  
    class;  
    model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
    proc glm; title "kravy 5";  
    class;  
    model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd6 "C:\Users\Miška\ibd6.txt";  
data ibd6;  
infile ibd6;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
    proc glm; title "jalovice 6";  
    class;  
    model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
    proc glm; title "kravy 6";  
    class;  
    model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd7 "C:\Users\Miška\ibd7.txt";  
data ibd7;  
infile ibd7;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
    proc glm; title "jalovice 7";  
    class;  
    model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
    proc glm; title "kravy 7";  
    class;  
    model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd8 "C:\Users\Miška\ibd8.txt";  
data ibd8;  
infile ibd8;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
    proc glm; title "jalovice 8";  
    class;  
    model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
    proc glm; title "kravy 8";  
    class;  
    model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd9 "C:\Users\Miška\ibd9.txt";  
data ibd9;  
infile ibd9;
```

```
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
    proc glm; title "jalovice 9";  
    class;  
    model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
    proc glm; title "kravy 9";  
    class;  
    model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd10 "C:\Users\Miška\ibd10.txt";
```

```
data ibd10;
```

```
infile ibd10;
```

```
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
```

```
proc sort; by ibd; run;
```

```
    proc glm; title "jalovice 10";  
    class;  
    model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
    proc glm; title "kravy 10";  
    class;  
    model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd11 "C:\Users\Miška\ibd11.txt";
```

```
data ibd11;
```

```
infile ibd11;
```

```
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
```

```
proc sort; by ibd; run;
```

```
    proc glm; title "jalovice 11";  
    class;  
    model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
    proc glm; title "kravy 11";  
    class;  
    model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd12 "C:\Users\Miška\ibd12.txt";
```

```
data ibd12;
```

```
infile ibd12;
```

```
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
```

```
proc sort; by ibd; run;
```

```
    proc glm; title "jalovice 12";  
    class;  
    model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
    proc glm; title "kravy 12";  
    class;  
    model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd13 "C:\Users\Miška\ibd13.txt";
```

```
data ibd13;
```

```
infile ibd13;
```

```
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
```

```
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 13";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title "kravy 13";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd14 "C:\Users\Miška\ibd14.txt";  
data ibd14;  
infile ibd14;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 14";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title "kravy 14";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd15 "C:\Users\Miška\ibd15.txt";  
data ibd15;  
infile ibd15;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 15";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title "kravy 15";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd20 "C:\Users\Miška\ibd20.txt";  
data ibd20;  
infile ibd20;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 20";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```
proc glm; title "kravy 20";  
class;  
model brezk=ibd ibd*ibd;
```

```
filename ibd25 "C:\Users\Miška\ibd25.txt";  
data ibd25;  
infile ibd25;  
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;  
proc sort; by ibd; run;
```

```
proc glm; title "jalovice 25";  
class;  
model brezj=ibd ibd*ibd;
```

```

proc glm; title "kravy 25";
class;
model brezk=ibd ibd*ibd;

filename ibd27 "C:\Users\Miška\ibd27.txt";
data ibd27;
infile ibd27;
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
proc sort; by ibd; run;

proc glm; title "jalovice 27";
class;
model brezj=ibd ibd*ibd;

proc glm; title "kravy 27";
class;
model brezk=ibd ibd*ibd;

filename ibd30 "C:\Users\Miška\ibd30.txt";
data ibd30;
infile ibd30;
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
proc sort; by ibd; run;

proc glm; title "jalovice 30";
class;
model brezj=ibd ibd*ibd;

proc glm; title "kravy 30";
class;
model brezk=ibd ibd*ibd;

filename ibd35 "C:\Users\Miška\ibd35.txt";
data ibd35;
infile ibd35;
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek insit porlak bykrok ibd;
proc sort; by ibd; run;

proc glm; title "jalovice 35";
class;
model brezj=ibd ibd*ibd;

proc glm; title "kravy 35";
class;
model brezk=ibd ibd*ibd;
run;

```

10.6 Příloha 6: Zpracování složek rozptylu a výpočty korelací, dědivosti, opakovatelnosti

```

filename reml "C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\gibbs_samples";

data reml;
infile reml;
input iter pocet a1-a9;
proc means;

%macro reml;
%do i=1 %to 9 %by 1;

```

```

proc gplot;
plot a&i*iter;
symbol1 line=1 v=none i=joint c=red width=2;
legend1 frame label="";
run; quit;
%end;
proc means;
%mend reml;

%reml run;

data blup;
set reml;
if iter<200000 then delete; /*vezmu jen poslednich cca 50000 iteraci a zbytek smazu*/
proc means;

proc iml;
reset print;
j={0.0043006 0.0020069,
0.0020069 0.0029877};

tp={0.0088492 0.0025993,
0.0025993 0.0130209};

r={0.2031547 0.1061500,
0.1061500 0.2135876};
title "smerodatna odchylka";
sojk=sqrt(j[1,1]); /*smerodatna odchylka krva pro efekt jedince*/
sojj=sqrt(j[2,2]);

sotpk=sqrt(tp[1,1]);
sotpj=sqrt(tp[2,2]);

sork=sqrt(r[1,1]);
sorj=sqrt(r[2,2]);

title "fenotypovy rozptyl";
S2Pk=j[1,1]+tp[1,1]+r[1,1]; /*rozptyl fenotypovy je genotyto (jedinec) + trvaly prostredi + reziduum*/
S2Pj=j[2,2]+tp[2,2]+r[2,2];
sopk=sqrt(S2Pk);
sopj=sqrt(S2Pj);

title "dedivost";
h2k=j[1,1]/S2Pk;
h2j=j[2,2]/S2Pj;

title "korelace";
rj=j[1,2]/(sojk*sojj); /*korelace*/
rtp= tp[1,2]/(sotpk*sotpj);
rr=r[1,2]/(sork*sorj);
rp=(j[1,2]+tp[1,2]+r[1,2])/(sopk*sopj);

title "opakovatelnost";
kok=(j[1,1]+tp[1,1])/S2Pk; /*koeficient opakovatelnosti*/
koj=(j[2,2]+tp[2,2])/S2Pj;
S2Ok=j[1,1]+tp[1,1]; /*roypztl pro opakovatelnost*/
sok=sqrt(S2Ok);
S2Oj=j[2,2]+tp[2,2];
soj=sqrt(S2Oj);
rko=(j[1,2]+tp[1,2])/(sok*soj); /*korelace opakovatelnosi*/

```

```
c2k=tp[1,1]/S2Pk;  
c2j=tp[2,2]/S2Pj;  
run;  
quit;
```

10.7 Příloha 7: Parametrový soubor vstupující do programu Blupf90 s efektem inbrídingu

```
#          param MT  
# two traits BLUP animal model  
# brezk brezj = SRNO + SRZO + tr + vek + vek2 + insit + insit2 + porlak + bykrok + ibd +  
ibd2 + animal + tp + e  
DATAFILE  
uzitreml.txt  
NUMBER_OF_TRAITS  
2  
NUMBER_OF_EFFECTS  
13  
OBSERVATION(S)  
2 3  
WEIGHT(S)  
  
EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT  
[EFFECT NESTED]  
1 1 1223658 cross  
4 4 28172 cross  
5 5 70545 cross  
6 6 2083 cross  
7 7 1 cov  
8 8 1 cov  
9 0 1 cov  
10 0 1 cov  
11 0 11 cross  
12 12 4884 cross  
13 13 1 cov  
14 14 1 cov  
15 15 677234 cross  
RANDOM_RESIDUAL VALUES  
2031.547 1061.500  
1061.500 2135.876  
RANDOM_GROUP  
1  
RANDOM_TYPE  
add_animal  
FILE  
rodreml.txt  
(CO)VARIANCES  
43.006 20.069
```

20.069 29.877
RANDOM_GROUP
13
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
88.492 25.993
25.993 130.209
OPTION conv_crit 1e-17
OPTION maxrounds 10000

10.8 Příloha 8: Parametrový soubor vstupující do programu Blupf90 bez efektu inbrídingu

param MT
two traits BLUP animal model
brezk brezj = SRNO + SRZO + tr + vek + vek2 + insit + insit2 + porlak + bykrok + animal
+ tp + e
DATAFILE
uzitreml.txt
NUMBER_OF_TRAITS
2
NUMBER_OF_EFFECTS
11
OBSERVATION(S)
2 3
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT
[EFFECT NESTED]

1 1 1223658 cross
4 4 28172 cross
5 5 70545 cross
6 6 2083 cross
7 7 1 cov
8 8 1 cov
9 0 1 cov
10 0 1 cov
11 0 11 cross
12 12 4884 cross
15 15 677234 cross

RANDOM_RESIDUAL VALUES

2031.547 1061.500
1061.500 2135.876
RANDOM_GROUP

1


```
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
rodreml.txt
(CO)VARIANCES
43.006 20.069
20.069 29.877
RANDOM_GROUP
11
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE
```

```
(CO)VARIANCES
88.492 25.993
25.993 130.209
OPTION conv_crit 1e-17
OPTION maxrounds 10000
```

10.9 Příloha 9: Zpracování výsledků z programu BLUPf90

```
filename blupsi "C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\blupsi\solutions";
filename blupbezi "C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\blupbezi\solutions";
filename uzit "C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\blupsi\uzitreml.txt";
filename ibd "C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\ibd.txt";
```

```
/*1jedinec brezk(1) brezj(2) 2srno 3srzo 4tr 5vek 6vek2 7insit 8insit2 9porlak 10bykrok 11ibd 12ibd2 13cjed*/
proc printto print="C:\Users\Miška\Desktop\škola\diplomová práce\corr.txt";
```

```
data i;
infile blupsi;
input kj efekt uroven ph;
if kj=. then delete;
proc sort; by efekt kj uroven;
```

```
data jed;
set i;
if efekt ne 1 then delete;
ph=ph-10.2;
proc sort; by kj;
```

```
data kravy; title "kravy";
set jed;
if kj=2 then delete;
proc sort; by kj;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;
```

```
data jalovice; title "jalovice";
set jed;
if kj=1 then delete;
proc sort; by kj;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;
```

```

data srno;
set i;
if efekt ne 2 then delete;

data srnok; title "srnok";
set srno;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data srnoj; title "srnoj";
set srno;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data srzo;
set i;
if efekt ne 3 then delete;

data srzok; title "srzok";
set srzo;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data srzj; title "srzj";
set srzo;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data tr;
set i;
if efekt ne 4 then delete;

data trk; title "trk";
set tr;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data trj; title "trj";
set tr;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data vek;
set i;
if efekt ne 5 then delete;

data vekk; title "vekk";
set vek;
if kj=2 then delete;
proc means;

data vekj; title "vekj";
set vek;
if kj=1 then delete;

```

```

proc means;

data vek2;
set i;
if efekt ne 6 then delete;

data vek2k; title "vek2k";
set vek2;
if kj=2 then delete;
proc means;

data vek2j; title "vek2j";
set vek2;
if kj=1 then delete;
proc means;

data insit; title "insit";
set i;
if efekt ne 7 then delete;
if kj ne 1 then delete;
proc means;

data insit2; title "insit2";
set i;
if efekt ne 8 then delete;
if kj ne 1 then delete;
proc means;

data porlak; title "porlak";
set i;
if efekt ne 9 then delete;
if kj ne 1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data br;
set i;
if efekt ne 10 then delete;

data brk; title "brk";
set br;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data brj; title "brj";
set br;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data ibd;
set i;
if efekt ne 11 then delete;

data ibdk; title "ibdk";
set ibd;
if kj=2 then delete;
proc means;

```

```

data ibdj; title "ibdj";
set ibd;
if kj=1 then delete;
proc means;

data ibd2;
set i;
if efekt ne 12 then delete;

data ibd2k; title "ibd2k";
set ibd2;
if kj=2 then delete;
proc means;

data ibd2j; title "ibd2j";
set ibd2;
if kj=1 then delete;
proc means;

data cjed;
set i;
if efekt ne 13 then delete;

data kravyCJ; title "tp kravy";
set cjed;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data jaloviceCJ; title "tp jalovice";
set cjed;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data bezi;
infile blupbezi;
input kj efekt uroven ph1;
if kj=. then delete;
proc sort; by efekt kj uroven;

data jed1;
set bezi;
if efekt ne 1 then delete;
proc sort; by kj;

data kravy1; title "kravy bez i";
set jed1;
if kj=2 then delete;
proc sort; by kj;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data jalovice1; title "jalovice bez i";
set jed1;
if kj=1 then delete;
proc sort; by kj;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

```

```

data srno1;
set bezi;
if efekt ne 2 then delete;

data srnok1; title "srnok bez i";
set srno1;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data srnoj1; title "srnoj bez i";
set srno1;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data srzo1;
set bezi;
if efekt ne 3 then delete;

data srzok1; title "srzok bez i";
set srzo1;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data srzj1; title "srzj bez i";
set srzo1;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data tr1;
set bezi;
if efekt ne 4 then delete;

data trk1; title "trk bez i";
set tr1;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data trj1; title "trj bez i";
set tr1;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data vek1;
set bezi;
if efekt ne 5 then delete;

data vekik; title "vekk bez i";
set vek1;
if kj=2 then delete;
proc means;

data vekij; title "vekj bez i";
set vek1;
if kj=1 then delete;

```

```

proc means;

data vek12;
set bezi;
if efekt ne 6 then delete;

data vek12k; title "vek2k bez i";
set vek12;
if kj=2 then delete;
proc means;

data vek12j; title "vek2j bez i";
set vek12;
if kj=1 then delete;
proc means;

data insi; title "insit bez i";
set bezi;
if efekt ne 7 then delete;
if kj ne 1 then delete;
proc means;

data insi2; title "insit2 bez i";
set bezi;
if efekt ne 8 then delete;
if kj ne 1 then delete;
proc means;

data porlak1; title "porlak bez i";
set bezi;
if efekt ne 9 then delete;
if kj ne 1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data br1;
set bezi;
if efekt ne 10 then delete;

data brk1; title "brk bez i";
set br1;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data brj1; title "brj bez i";
set br1;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data cjed1;
set bezi;
if efekt ne 11 then delete;

data kravyc; title "tp kravy bez i";
set cjed1;
if kj=2 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

```

```

data jalovicec; title "tp jalovice bez i";
set cjed1;
if kj=1 then delete;
proc means;
proc univariate normal plot; var ph;

data kravy2; title "kravy komplet";
merge kravy kravy1; by kj;
jedinec=uroven;
drop kj efekt uroven;
rozdil=ph1-ph;
proc sort; by jedinec;
proc means;

data jalovice2; title "jalovice komplet";
merge jalovice jalovice1; by kj;
jedinec=uroven;
drop kj efekt uroven;
rozdil=ph1-ph;
proc sort; by jedinec;
proc means;

data plemenice;
merge jed jed1; by kj;
jedinec=uroven;
drop efekt uroven;
proc sort; by jedinec kj;

data uzit;
infile uzit;
input jedinec brezk brezj srno srzo tr vek vek2 insit insit2 porlak bykrok ibd ibd2 cjed;
proc sort; by jedinec;

data jal;
set uzit;
if brezj=0 then delete;
proc sort; by jedinec;
run;

data jal2; title "jalovice s uzit";
merge jal jalovice2; by jedinec;
if srno=. then delete;
proc sort; by ibd;
run;
proc means;

data jal3;
set jal2; by jedinec;
if first.jedinec;

data jj;
set jal2;
if ibd ne 0.00003 then delete; /*0,00001 a 0,00002*/
proc sort; by jedinec;

data jj1;
set jj; by jedinec;
if first.jedinec;
proc means;

```

```

run;

data kr;
set uzit;
if brezk=0 then delete;
proc sort; by jedinec;
run;

data kr2; title "kravy s uzit";
merge kr kravy2; by jedinec;
if srno=. then delete;
proc sort; by ph ph1;
proc means;
proc corr; var ph ph1;
run;

data kr3;
set kr2; by jedinec;
if first.jedinec;

data kk;
set kr2;
if ibd ne 0.00003 then delete;
proc sort; by jedinec;

data kk2;
set kk; by jedinec;
if first.jedinec;
proc means;
run;

data kompletni; title "komplet plemenice";
merge plemenice uzit; by jedinec;
if srno=. then delete;
proc sort; by jedinec;
run;
proc means;

data komplet;
set kompletni; by jedinec;
if first.jedinec;
proc means;

data ibd5j; title "ibd5j";
set jal3;
if ibd<0.05 then delete;
proc means;
proc corr; var ph ph1;

data ibd5k; title "ibd5k";
set kr3;
if ibd<0.05 then delete;
proc means;
proc corr; var ph ph1;

data ibd10j; title "ibd10j";
set jal3;
if ibd<0.10 then delete;
proc means;
proc corr; var ph ph1;

```



```

data ibd10k; title "ibd10k";
set kr3;
if ibd<0.10 then delete;
proc means;
proc corr; var ph ph1;

data ibd15j; title "ibd15j";
set jal3;
if ibd<0.15 then delete;
proc means;
proc corr; var ph ph1;

data ibd15k; title "ibd15k";
set kr3;
if ibd<0.15 then delete;
proc means;
proc corr; var ph ph1;

data ibd20j; title "ibd20j";
set jal3;
if ibd<0.20 then delete;
proc means;
proc corr; var ph ph1;

data ibd20k; title "ibd20k";
set kr3;
if ibd<0.20 then delete;
proc means;
proc corr; var ph ph1;
run;
data all; title "all";
merge i bezi; by efekt kj uroven;
if efekt ne 1 then delete;
jedinec=uroven;
drop efekt kj uroven;
proc sort; by jedinec;
proc means;

data ibd;
infile ibd;
input jedinec ibd x xx;
drop x xx;
proc sort; by jedinec;

data alibd;
merge all ibd; by jedinec;
if ibd=. then delete;
if ph=. then delete;
ibd=round(ibd, .00001);
if ibd>0.001 then delete;
rozdil=ph-ph1; /*rozdíl pak nahoře upraven*/
proc sort; by ph ph1;
proc means;
run;

```

11 Seznam příloh

Příloha 1: Hlavní úprava dat, vytvoření rodokmenu a konečného souboru s plodností

Příloha 2: Výstup z programu CFC

Příloha 3: Metoda nejmenších čtverců pro krávy bez a s inbrídingem

Příloha 4: Metoda nejmenších čtverců pro jalovice bez a s inbrídingem

Příloha 5: Metoda nejmenších čtverců pro různě vysoký stupeň inbredního koeficientu

Příloha 6: Zpracování složek rozptylu a výpočty korelací, dědivosti, opakovatelnosti

Příloha 7: Parametrový soubor vstupující do programu Blupf90 s efektem inbrídingu

Příloha 8: Parametrový soubor vstupující do programu Blupf90 bez efektu inbrídingu

Příloha 9: Zpracování výsledků z programu BLUPf90