

Stanovení genetických parametrů u vybraných ukazatelů plodnosti ovcí a přepřarování stávajících způsobů hodnocení zvířat (předpověď plemenné hodnoty)

Autoreferát doktorské disertační práce

Ing. Jitka Schmidová

Praha 2017

Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů

Česká zemědělská univerzita
v Praze
Kamýcká 129
165 21, Praha 6 - Suchbøl

www.af.czu.cz



Česká zemědělská univerzita v Praze

**Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů**

ČESKÁ ZEMĚDĚLSKÁ UNIVERZITA V PRAZE
Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Ing. Jitka Schmidová

.....
Katedra genetiky a šlechtění

**Stanovení genetických parametrů u vybraných ukazatelů plodnosti ovcí a
přeprocování stávajících způsobů hodnocení zvířat
(předpověď plemenné hodnoty)**

Estimation of Genetic Parametrs in Selected Reproduction Traits of Sheep and Revision of Existing
Evaluation of Animals (Breeding value prediction)

autoreferát doktorské disertační práce

Studijní program: Zootechnika

Studijní obor: Obecná zootechnika

Školitel: **Doc. Ing. Luboš Vostrý, Ph.D.**

katedra genetiky a šlechtění

Konzultant: **Ing. Michal Milerski, Ph.D., Prof. Ing. Bc. Josef Příbyl, DrSc.,**

pracoviště: VÚŽV, Praha-Uhřetěves

Oponenti: prof. Ing. Václav Jakubec, DrSc.,
 prof. Dr. Ing. Jan Kuchtík
 doc. RNDr. Milan Margetín, PhD.

Obhajoba doktorské disertační práce se koná dne:
vhod. na: Fakultě agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů ČZU v Praze

S doktorskou disertační prací je možno se seznámit na děkanátě FAPPZ ČZU v Praze.

P r a h a 2 0 1 7

Summary

The objective of this investigation was to select the proper model for genetic parameter estimation, to estimate genetic parameters, and to predict breeding values for litter size in most common sheep breeds in Czech Republic. A total of 143 896 lambing records from 1990 to 2012 were analysed. Variance components and genetic parameters for litter size were estimated separately for each breed using the BLUP animal model with repeatability. The basic model equation contained ewe age as a fixed effect and random effects of contemporary group, permanent environment and direct additive genetic effect of the animal. Modifications of the basic model were examined when various combinations of mating effects were included (contemporary group of ewes during mating (harem), additive genetic and permanent environmental effect of service ram).

Estimates of phenotype variance (σ_P^2) increased across breeds (0.236 for Šumava to 0.779 for Romanov) with increasing breed average for number of lambs per litter. Variance component estimates for permanent environmental effect of the ewe were low (0.0001 to 0.0262). The variance of common environment of contemporary group ($\sigma_{CG}^2 = 0.0223$ to 0.1309) had bigger influence on the total variability of litter size in almost all studied breeds than additive genetic variance ($\sigma_a^2=0.0146$ to 0.0587). The lowest heritability and repeatability estimates were for the Šumava ($h^2=0.0619$; $r_{rep}^2=0.0823$) and Romney breeds ($h^2=0.0626$; $r_{rep}^2=0.0811$); while the highest were for Merinolandschaf ($h^2=0.1091$; $r_{rep}^2 = 0.1129$).

The effect of service ram ranged from 0.01 to 0.02 of phenotypic variance in Šumava sheep, in Romanov sheep it was 0.05 – 0.10, and in Suffolk sheep it was 0.04 – 0.05. Including effects of mating (service sire, harem, and/or ram's permanent environmental effect) in the model decreased deviance information criterion, what means that these models are more proper than the basic one.

Results from present study demonstrate that genetic parameters did differ among the investigated breeds, which should be taken into account in breeding value estimation. The service rams have low but a clearly detectable influence on litter size of their mates. Genetic parameter estimates indicate that direct selection on the service ram effect could increase litter size and achieve genetic gain through ram selection.

Obsah

1. Přehled o současném stavu poznání	3
2. Vědecké hypotézy a cíle práce	4
2.1. Vědecké hypotézy.....	4
2.2. Cíle práce.....	4
3. Materiál a metody.....	4
4. Výsledky a diskuse.....	6
4.1. Odhad komponent rozptylu pro četnost vrhu jako znaku bahnice	6
4.2. Vliv plemeníka na četnost vrhu	7
4.3. Výběr vhodného modelu	7
4.4. Porovnání plemenných hodnot	9
5. Závěry a doporučení pro využití poznatků v praxi a pro další rozvoj oboru	10
6. Seznam použité literatury.....	11
7. Přílohy	13
8. Seznam publikací autora	15

1. Přehled o současném stavu poznání

V ČR je v současnosti hlavním užitkovým zaměřením chovu ovcí produkce jatečných jehňat. V tomto ohledu jsou důležitými užitkovými vlastnostmi růstová intenzita jehňat, plodnost a mateřské schopnosti bahnic. Ukazatelé spojené s jatečnou hodnotou jsou významné zejména u masných plemen používaných v otcovské pozici v rámci hybridizačních programů (Rada plemenných knih ovcí, 2013). Základním předpokladem efektivní produkce (nejen jehněčího masa, ale i mléka a dalších produktů), je však dobrá reprodukční schopnost. Plodnost patří k nejdůležitějším užitkovým vlastnostem všech hospodářských zvířat. Zároveň můžeme tvrdit, že plodnost je ze všech vlastností asi nejvíce ovlivňována přírodní selekcí (Jakubec a kol., 2001). Ze všech znaků reprodukce bývá nejčastěji využívaným selekčním kritériem četnost vrhu (počet všech jehňat narozených ve vrhu), (Rao et Notter, 2000).

V ČR je u ovcí součástí hodnocení plemenných zvířat předpověď plemenných hodnot od roku 2002. Plemenné hodnoty jsou předpovídány metodou BLUP Animal Model (Milerski, 2005). BLUP Animal model je statistická metoda, která využívá jednoho nebo více pozorování na zvíře, dále všechny efekty ovlivňující tato pozorování a zároveň informace o příbuzných jedincích. Tato metoda přímo odhaduje aditivně genetické založení jedince a je nejrozšířenější metodou pro hodnocení genetického založení hospodářských zvířat (Mrode et Thompson, 2005).

V ČR jsou touto metodou předpovídány plemenné hodnoty pro četnost vrhu u ovcí od roku 2003 na základě jednotných komponent rozptylu pro různá plemena (Milerski, 2005). Zkušenosti chovatelů i informace z literatury (Rao et Notter, 2000; Hagger, 2002; Janssens et al., 2004 a další) však naznačují, že situace u jednotlivých plemen může být odlišná. Rao et Notter (2000) odhadovali komponenty rozptylu pro velikost vrhu u plemen targhee, suffolk a polypay chovaných v USA. Hagger (2002) porovnával ve své studii čtyři švýcarská plemena. Koeficienty dědivosti dle metodiky Rao et Notter (2000) se pohybovaly od 0,09 (shodně pro plemena polypay a suffolk) do 0,11 (targhee). Na průkazné rozdíly mezi plemeny poukazuje Hagger (2002), kdy největší rozdíl mezi koeficienty dědivosti byl při prvním vrhu a to mezi plemeny brown-headed meat sheep ($h^2=0,117$) a black-brown mountain sheep ($h^2=0,223$). Tyto práce jsou však pouze ojedinělými studiemi, které se zabývaly odhadem genetických parametrů pro více než tři plemena a vzájemným porovnáním v rámci jednoho území (státu).

Četnost vrhu případně počet odchovaných jehňat se tradičně posuzuje jako znak bahnice. Nicméně, plodnost je komplexní znak, a tudíž je předpoklad, že má na četnost vrhu vliv i plemeník – beran. Zařazení efektu plemenného berana do modelové rovnice pro odhad genetických parametrů pro četnost vrhu používá jen několik málo autorů (Hagger, 2002; Shorten et al., 2013).

2. Vědecké hypotézy a cíle práce

2.1. Vědecké hypotézy

- Nově navržená metoda umožní odhad genetických parametrů a předpověď plemenné hodnoty pro jednotlivá plemena.
- Nově vybraný model vysvětlí větší část celkové proměnlivosti sledovaných vlastností.

2.2. Cíle práce

Cílem práce byl u vybraných plemen a sledované užitkové vlastnosti:

- Výběr vhodného modelu pro odhad genetických parametrů a předpověď plemenných hodnot
- Odhad populačně-genetických parametrů pro jednotlivá plemena
- Předpověď plemenných hodnot

3. Materiál a metody

Analyzovány byly údaje z databází poskytnutých Svazem chovatelů ovcí a koz. V prvotní analýze zahrnovali databáze 273 006 bahnění z kontroly užitkovosti z let 1990-2012. Četnost vrhu byla zaznamenána v den bahnění jako počet všech narozených jehňat (živě i mrtvě). Pro odhad genetických parametrů byla z databáze vyřazena data dle následujících kritérií: bahnice s neznámým datem narození (neznámý věk), bahnice mladší 10 a starší 140 měsíců, bahnice s méně než 4 (polo)sestrami po otci. Komponenty rozptylu byly odhadnuty pro každé plemeno zvlášť a to pro sedm plemen představujících více než tři čtvrtiny čistokrevné populace ovcí zařazených do kontroly užitkovosti na území ČR. Jednalo se o plemena charollais, merinolandschaf, romanovská ovce, romney, suffolk, šumavská ovce a texel.

Za účelem vytvoření skupin zvířat bahnících se za podobných podmínek byly záznamy o bahnění v rámci jednotlivých chovů nejprve srovnány podle data bahnění. Následně byl vytvořen efekt CG (contemporary group), kdy byly v jednom CG bahnice obahněné v intervalech 40 dní v daném chovu a roku. CG s méně než 10 bahnici nebyla do odhadů komponent rozptylu zařazena. Takto upravená databáze obsahovala údaje o 143 896 bahnění.

Metodami GLM a MIXED v programu SAS byl zkoumán vliv efektů věk bahnice, pořadí vrhu, měsíc bahnění, rok bahnění, délka mezidobí, chov, CG. Vzhledem ke struktuře dat a situaci v chovu ovcí byl efekt CG ošetřen jako náhodný efekt.

Pro odhad genetických parametrů pro každé ze sedmi plemen byl použit základní jednoznakový model s opakovatelností (model B):

$$\text{Model B: } LS_{ijk} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + e_{ijk},$$

kde LS_{ijk} – četnost vrhu (narozených), A_i – věk bahnice ve třídách, CG_j – sdružený efekt stáda, roku a období bahnění, Ew_k – aditivně genetický efekt bahnice, Epe_k – trvalé prostředí bahnice, e_{ijk} – residuální chyba.

Pro odhad genetických parametrů byly použity metody REML a Gibbs sampling (REMLF90, GIBBS1F90 program, Misztal et al., 2002), pro následnou předpověď plemenných hodnot dle vybraných modelů byla použita metoda BLUP animal model (BLUPF90 program, Misztal et al., 2002). Genetický trend byl odhadnut jako průměr plemenných hodnot dle roku narození zvířat.

Dále bylo na datech z kontroly užítkovosti ovce romanovské ověřeno 8 modelů zahrnující různé kombinace efektů přímo spojených s plemeníkem: harém, efekt berana bez vazby na rodokmen, aditivně genetický efekt berana, trvalé prostředí berana.

$$\text{Model H: } LS_{ijkm} = A_i + CG_j + Har_m + Ew_k + Epe_k + e_{ijkm}$$

$$\text{Model R: } LS_{ijkl} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + S_l + e_{ijkl}$$

$$\text{Modely SG, SG-C: } LS_{ijkl} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + SG_l + e_{ijkl}$$

$$\text{Modely SP, SP-C: } LS_{ijkl} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + SG_l + Spe_l + e_{ijkl}$$

$$\text{Model SH: } LS_{ijklm} = A_i + CG_j + Har_m + Ew_k + Epe_k + SG_l + e_{ijklm}$$

$$\text{Model SPH: } LS_{ijklm} = A_i + CG_j + Har_m + Ew_k + Epe_k + SG_l + Spe_l + e_{ijklm}$$

kde: LS_{ijk} – četnost vrhu (narozených), A_i – věk bahnice ve třídách, CG_j – sdružený efekt stáda, roku a období bahnění, Har_m – harém, sdružený efekt stáda, roku a berana, Ew_k – aditivně genetický efekt bahnice, Epe_k – trvalé prostředí bahnice, S_l – náhodný efekt berana bez vazby na matici příbuznosti, SG_l – aditivně genetický efekt berana, Spe_l – trvalé prostředí berana, e_{ijkl} – residuální chyba.

Modely SG-C a SP-C jsou varianty modelů SG a SP, ve kterých byly zohledněny možné korelace mezi maternálním a paternálním genetickým efektem. Modely mezi sebou byly porovnávány na základě změn v podílech komponent rozptylu (Wolf et Wolfova, 2012) a na základě informačního kritéria DIC (Spiegelhalter et al., 2002).

Vybrané modely byly dále aplikovány na data z kontroly užítkovosti ovce šumavské a ovčí plemene suffolk. Tato plemena byla zvolena kvůli nejvyšší (romanovská ovce) a nejnižší (šumavská ovce) variabilitě četnosti vrhu a nejpočetnějšímu zastoupení v kontrole užítkovosti (suffolk).

4. Výsledky a diskuse

4.1. Odhad komponent rozptylu pro četnost vrhu jako znaku bahnice

Při zpracování údajů byly zohledněny příčinné efekty, které jednotlivé zjištěné ukazatele ovlivňují. Výsledný tvar modelové rovnice pro analýzy variance četnosti vrhu byl stanoven na základě předběžného zkoumání vlivu efektů věku bahnice, pořadí vrhu, stáda, měsíce bahnění, roku bahnění a délky mezidobí. Jednotlivé efekty byly porovnávány samostatně i v interakci mezi podobnými typy efektů (např. rok a období narození). Efekty byly vybírány vzhledem k odůvodnitelnosti, byla posuzována jejich statistická významnost a koeficienty determinace.

Metodami GLM v programu SAS byl zkoumán vliv efektů věk bahnice, pořadí vrhu, měsíc bahnění, rok bahnění, délka mezidobí, chov, skupina společně se bahnících bahnic (CG). Roční jehnice mají o 0,179 – 0,415 jehněte na vrh méně než je průměrná velikost vrhu daného plemene, což odpovídá 73,92 -86,46% z užitkovosti v dospělosti. Notter (2000) uvádí, že u plemen targhee a polypay je rozdíl ještě vyšší, a to 0,6 – 0,7 jehněte, a u suffolka 0,47. Počet narozených jehňat stoupá do 4-6 let v závislosti na plemeni. To souhlasí i se studií Škorput et al. (2011), kteří sledovali velikost vrhu u zušlechtěné jezersko-solčavské ovce, pro jejíž vyšlechtění bylo využito romanovských ovcí.

Ve studii Schmidová et al. (2014) byly publikovány komponenty rozptylu a genetické parametry pro velikost vrhu odhadnuté pomocí modelu s opakovatelností pro každé ze sedmi plemen zvlášť (Tab.1).

Tabulka 1 Komponenty rozptylu a genetické parametry četnosti vrhu pro jednotlivá plemena odhadnuté pomocí lineárního modelu

Plemeno	σ_e^2	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_{CG}^2	σ_p^2	h^2 (SE)	w^2 (SE)	c^2	e^2	CG^2
Charollais	0,258	0,036	0,0001	0,040	0,334	0,11 (0,016)	0,11 (0,017)	0,0004	0,7727	0,1203
Romney	0,261	0,019	0,0057	0,023	0,309	0,06 (0,005)	0,08 (0,013)	0,0185	0,8443	0,0746
Merinol.	0,229	0,031	0,0011	0,022	0,283	0,11 (0,010)	0,11 (0,015)	0,0038	0,8083	0,0788
Romanovská	0,564	0,059	0,0262	0,131	0,779	0,08 (0,015)	0,11 (0,023)	0,0336	0,7230	0,1680
Šumavská	0,190	0,015	0,0048	0,026	0,236	0,06 (0,007)	0,08 (0,011)	0,0204	0,8058	0,1119
Suffolk	0,270	0,026	0,0040	0,045	0,344	0,07 (0,006)	0,09 (0,010)	0,0115	0,7834	0,1307
Texel	0,246	0,030	0,0044	0,028	0,309	0,10 (0,010)	0,11 (0,024)	0,0141	0,7974	0,0904

Vysvětlivky: Merinol. = Merinolandschaf; σ_e^2 = reziduální variance; σ_a^2 = aditivní genetická variance; σ_{pe}^2 = variance trvalého prostředí; σ_{CG}^2 = variance sdruženého efektu stádo-rok-období; σ_p^2 = fenotypová variance; $h^2 = (\sigma_a^2 / \sigma_p^2)$ = heritabilita; SE (h^2) = standardní chyba heritability; $w^2 = ((\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2) / \sigma_p^2)$ = opakovatelnost; SE (w^2) = standardní chyba opakovatelnosti; $c^2 = (\sigma_{pe}^2 / \sigma_p^2)$ = variance trvalého prostředí jako podíl fenotypové variance; $e^2 = (\sigma_e^2 / \sigma_p^2)$ = reziduální variance jako podíl fenotypové variance; $CG^2 = (\sigma_{CG}^2 / \sigma_p^2)$ = variance sdruženého efektu stádo-rok-období jako podíl fenotypové variance.

Odhad fenotypové variance σ_p^2 narůstal s průměrným počtem jehňat ve vrhu (0,236 šumavská ovce; 0,779 romanovská). Na tuto skutečnost upozorňují ve své práci i SanCristobal-Gaudy et al. (2001). Nejnížší dědivost a opakovatelnost byly odhadnuty pro plemeno šumavská ovce ($h^2=0,062$; $w^2=0,082$) a romney ($h^2=0,063$; $w^2=0,081$). Nejvyšší hodnoty byly odhadnuty u plemene merinolandschaf ($h^2=0,109$; $w^2 = 0,113$). Hodnoty koeficientu dědivosti jsou v rozmezí hodnot uváděných v literatuře. Odhad komponent rozptylu ukazuje, že efekt stádo-rok-období (CG) má u většiny plemen (mimo merinolandschaf a texel) o něco vyšší vliv na variabilitu počtu jehňat ve vrhu (podíl variance sdruženého efektu stádo-rok-období na fenotypové varianci $CG^2=0,075 - 0,131$) v porovnání s aditivní dědivostí. Výrazně nejvyšší podíl variability četnosti vrhu je podmíněn nekontrolovatelnými náhodnými vlivy (reziduální variance jako podíl fenotypové variance = e^2), které se nejvíce projevují zejména u plemene romney ($e^2=0,844$), nejméně pak u plemene romanovská ($e^2=0,723$).

4.2. Vliv plemeníka na četnost vrhu

V předkládaných studiích byly navrženy různé možnosti hodnocení efektu plemeníka, včetně odhadu paternální aditivní genetické složky, pokud by byla četnost vrhu hodnocena jako znak s vlivem jak bahnice, tak i berana. U ovce šumavské byl tento efekt odhadnut na 0,01 – 0,02 fenotypové variance (Schmidová et al., 2015), u ovce romanovské na 0,05 – 0,10 (Tab. 2, Schmidová et al., 2016a) a u plemene suffolk 0,04 - 0,05 (Schmidová et al., 2016b). Jak upozorňuje David et al. (2007), jakkoliv se může zdát tento podíl i podíl „maternální“ malý, rozpětí mezi zvířaty na obouh koncích žebříčku plemenných hodnot může být značný. Také Sánchez-Dávila et al. (2015) uvádějí, že berani plemene Saint Croix hair sheep se mohou lišit v průměrné velikosti vrhu (fenotypově) i o jedno jehně. Taktéž Holler et al. (2014) pozorovali významné rozdíly mezi berany a to jak u počtu narozených jehňat, tak i u přežitelnosti zárodků během březosti. „Paternální“ variance může být způsobena genetickými rozdíly v kvalitě i množství spermatu, procentu oplodnění, vývoji zárodku potažmo plodu i jeho přežitelností (Hamann et al., 2004).

4.3. Výběr vhodného modelu

Ve studii na populaci romanovských ovcí (Schmidová et al., 2016a) všechny modely, které zahrnují genetický efekt plemeníka, vykazují nepatrně nižší podíl reziduální variance ($e^2 = 0,702-0,713$) než model základní (Model B, $e^2=0,716$) nebo model rozšířený pouze o efekt harému (Model H, $e^2=0,716$) či efekt plemeníka bez vazby na matici příbuznosti (Model R, $e^2=0,720$), (Tab. 2).

Tabulka 2 Komponenty rozptylu a genetické parametry odhadnuté pomocí různých modelů pro četnost vrhu romanovských ovcí

	e^2	h_{ewe}^2	$SE(h_{ewe}^2)$	r_{rep}^2	Ew_{pe}^2	CG^2	h_{ram}^2	$SE(h_{ram}^2)$	Ram_{pe}^2	Har^2
Model B	0.716	0.092	0.015	0.110	0.018	0.174				
Model H	0.716	0.091	0.016	0.115	0.018	0.122				0.053
Model R	0.720	0.078	0.015	0.097	0.020	0.101	0.081*			
Model SG	0.710	0.080	0.015	0.098	0.018	0.092	0.100	0.022		
Model SP	0.710	0.081	0.015	0.097	0.017	0.091	0.065	0.032	0.036	
Model SH	0.703	0.082	0.015	0.101	0.016	0.070	0.100	0.029		0.029
Model SPH	0.702	0.080	0.014	0.100	0.016	0.067	0.073	0.032	0.032	0.029
Model SG-C	0.711	0.079	0.015	0.097	0.018	0.095	0.096	0.027		
Model SP-C	0.713	0.079	0.015	0.097	0.018	0.094	0.046	0.033	0.050	

Vysvětlivky: $e^2 = (\sigma_e^2 / \sigma_p^2)$ = reziduální variance jako podíl fenotypové variance; $h_{ewe}^2 = (\sigma_{Ew}^2 / \sigma_p^2)$ = maternální heritabilita; $SE(h_{ewe}^2)$ = střední chyba maternální heritability; $r_{rep}^2 = ((\sigma_{Ew}^2 + \sigma_{Ewpe}^2) / \sigma_p^2)$ = maternální opakovatelnost; $Ew_{pe}^2 = (\sigma_{Ewpe}^2 / \sigma_p^2)$ = variance trvalého prostředí jako podíl fenotypové variance; $CG^2 = (\sigma_{CG}^2 / \sigma_p^2)$ = variance sdruženého efektu stádo-rok-období jako podíl fenotypové variance; $h_{ram}^2 = (\sigma_{Ram}^2 / \sigma_p^2)$ = paternální heritabilita (v modelu R podíl náhodného efektu plemeníka); $SE(h_{ram}^2)$ = střední chyba paternální heritability; $Ram_{pe}^2 = (\sigma_{Rpe}^2 / \sigma_p^2)$ = podíl trvalého prostředí plemeníka z celkové fenotypové variance; $Har^2 = (\sigma_{Har}^2 / \sigma_p^2)$ = podíl sdruženého efektu “harém” z celkové fenotypové variance.

Toto však nebylo potvrzeno ve studiích na populaci ovcí šumavských (Schmidová et al., 2015) ani u populace suffolka (Schmidová et al., 2016b). Wolf et Wolfova (2012) uvádějí, že při odhadování genetických parametrů pro četnost vrhu u prasat došlo ke snížení reziduální variance u modelů zahrnujících vliv plemeníka bez ohledu na to, zda se jednalo o efekt genetický či nikoli. Hagger (2002) udává, že po rozšíření modelu o efekt plemenného berana došlo ke snížení konečné hodnoty logaritmu věrohodnostní funkce, a tudíž došlo ke zlepšení modelu.

Z osmi modelů aplikovaných na datech kontroly užitekosti romanovských ovcí, které zohledňovaly nějakou formu efektu plemeníka, vykazoval nejnižší informační kritérium DIC model zahrnující jak efekt harému, tak aditivní genetický efekt berana (Model SH, DIC = 10 749) a byl také modelem s druhým nejnižším podílem reziduální variance. Tento model by byl tedy doporučen pro zpřesnění předpovědi „maternálních“ plemenných hodnot pro četnost vrhu u romanovských ovcí. Nicméně pokud by bylo cílem předpovídat jak maternální tak i paternální plemenné hodnoty, byl by pro selekci bahnic i beranů vhodnější model SPH, který kromě efektu harému a aditivního genetického efektu berana ještě zohledňuje i vliv trvalého prostředí plemeníka. Tento model vykazuje nízké DIC (10 751), nejnižší podíl reziduální variance a ze zkoumaných modelů nejlépe zohledňuje genetické efekty i zdroje variability způsobené prostředím.

Stejný model byl ověřován i na populaci ovce šumavské a suffolka (Schmidova et al., 2015, Schmidova et al., 2016b), kdy u znaku četnost vrhu došlo taktéž ke snížení DIC, ale nedošlo ke snížení reziduální variance. U znaku „počet odchovaných jehňat“ nebyl zaznamenán ani pokles DIC ani reziduální variance, proto nelze říci, že by pro tento znak byl model SPH vhodnější než model základní.

4.4. Porovnání plemenných hodnot

Zahrnutí efektu plemeníka a harému do modelu nepatrně ovlivnilo předpovědi maternálních plemenných hodnot. Korelace mezi plemennými hodnotami předpovězenými pomocí základního modelu a pomocí modelů různým způsobem zohledňujících vliv plemeníka se pohybovaly v rozmezí od 0,964 do 0,984 (Schmidova et al, 2016a).

Poněkud překvapujícím se může zdát genetický trend u ovce romanovské (Schmidová et al., 2016a), který je podstatně vyšší než trendy uváděné v literatuře (Boujenane et al., 2013; Hanford et al., 2006) a také než trend u populace suffolka (Schmidová et al., 2016b). Mohlo to být způsobeno tím, že u romanovské ovce je ve šlechtitelském cíli kladen důraz na vysokou plodnost. Značný trend u paternálních plemenných hodnot by mohl být způsoben tím, že chovatelé dávají jednoznačně přednost plemníkům, kteří jsou z vícečetných vrhů.

5. Závěry a doporučení pro využití poznatků v praxi a pro další rozvoj oboru

Zlepšení reprodukčních znaků jakéhokoliv domestikovaného druhu zvířat, ovce nevyjímaje, získalo pozornost chovatelů, protože zvýšení četnosti vrhu může vést k významnému navýšení zisku. Znaky reprodukce jsou ale vázané na pohlaví a k jejich projevu dochází až v pozdějším věku, navíc to jsou znaky s nízkým koeficientem dědivosti, čili z velké části ovlivnitelné prostředím. Z těchto důvodů je výběr jedinců pro efektivní genetické zlepšení reprodukčních vlastností pouze na základě fenotypu poměrně složitý a o to více nabývá u takovýchto znaků na významu právě předpověď plemenných hodnot.

V předkládané práci byly studovány efekty ovlivňující četnost vrhu a odhadnuty genetické parametry pro tuto vlastnost. Četnost vrhu neboli počet jehňat narozených na bahnici a jedno bahnění je znakem, který je zařazen v mnoha šlechtitelských programech. Je to znak, který je obvykle relativně snadno hodnocen a je zaznamenáván krátce po porodu. Četnost vrhu vykazuje společně s počtem ovulovaných vajíček velké meziplemenné rozdíly. Z výsledků práce vyplývá, že i podíl aditivního genetického efektu bahnice na variabilitě četnosti vrhu je u jednotlivých plemen rozdílný, což je vhodné vzít do úvahy při genetickém hodnocení zvířat.

Četnost vrhu je obecně považován za znak bahnice. Výsledky předložených studií však ukazují, že berani, jakožto otcové výsledných vrhů, mají sice malý, ale prokazatelný vliv na počet narozených jehňat. Odhady genetických parametrů ukazují, že selekce podle „paternálních“ plemenných hodnot by mohla být dalším selekčním kritériem, jak zlepšit četnost vrhu u ovcí. Tato aditivní genetická složka (otcovská) se zároveň nezdá být protichůdná vůči maternální, nebyla ale nalezena ani pozitivní korelace. Nelze tedy předpokládat možnost nepřímé selekce dle plemenných hodnot pro plodnost tak, jak jsou předpovídaný dnes.

Zjištěné aktuální genetické parametry pro jednotlivá plemena by se měly stát podkladem pro úpravy předpovědi plemenných hodnot pro četnost vrhu u ovcí a přispět tak k zpřesnění výběru zvířat do plemenitby a lepšímu využití genetického potenciálu šlechtěných populací. Otázkou může být, zda využít efekt plemeníka jen jako „efekt prostředí“ pro zpřesnění předpovědi plemenných hodnot velikosti vrhu jakožto mateřského znaku, či předpovídat i „paternální“ hodnotu. První možnost lze doporučit u plemen, kde není kladen nárok na zvyšování počtu narozených jehňat a plemenná hodnota pro plodnost je spíše doplňkovou informací. Naopak u plemen, u kterých se chovatelé více zaměřují na dosažení změny u četnosti vrhu, by bylo vhodné předpovídat jak maternální, tak i paternální plemennou hodnotu, a to nejen k neustálému zvyšování plodnosti, ale i k dosažení určitého optima.

Vzhledem k tomu, že se jedná o první studie zabývající se blíže genetickým efektem berana-plemeníka na četnost vrhu, bude zřejmě nutné provést další šetření ještě před tím, než bude předpověď otcovských plemenných hodnot moci být zavedena do praxe.

Závěrem je možné konstatovat, že obě stanovené hypotézy byly potvrzeny. Rovněž cíle práce byly naplněny touto dosud nejhlubší a nejrozsáhlejší analýzou četnosti vrhu u ovcí včetně analýzy vlivu plemeníka na daný znak.

6. Seznam použité literatury

- Boujenane, I., Chikhi, A., Sylla, M., Ibelbachyr, M. 2013. Estimation of genetic parameters and genetic gains for reproductive traits and body weight of D'man ewes. *Small Ruminant Research*. 113. 40–46
- David, I., Bodin, L., Lagriffoul, G., Leymarie, C., Manfredi, E., Robert-Granie, C. 2007. Genetic analysis of male and female fertility after artificial insemination in sheep: Comparison of single-trait and joint models. *Journal of Dairy Science*. 90 (8). 3917–3923.
- Hagger, C. 2002. Multitrait and repeatability estimates of random effects on litter size in sheep. *Animal Science*. 74. 209-216.
- Hamann, H., Steinheuer, R., Distl, O. 2004. Estimation of genetic parameters for litter size as a sow and boar trait in German herdbook Landrace and Pietrain swine. *Livestock Production Science*. 85. 201–207.
- Hanford, K. J., Van Vleck, L. D., Snowden, G. D. 2006. Estimates of genetic parameters and genetic trend for reproduction, weight, and wool characteristics of Polypay sheep. *Journal of Animal Science*. 102. 72–82.
- Holler, T. L., Dean, M., Taylor, T., Poole, D. H., Thonney, M. L., Thomas, D. L., Pate, J. L., Whitley, N., Dailey, R. A., Inskip E. K. 2014. Effects of service sire on prenatal mortality and prolificacy in ewes. *Journal of Animal Science*. 92(7). 3108-3115.
- Jakubec, V., Říha, J., Golda, J., Majzlík, I. 2001. Šlechtění ovcí. Asociace chovatelů masných Plemen. Rapotín. 152 s. Bez ISBN.
- Janssens, S., Vandepitte, W., Bodin, L. 2004. Genetic parameters for litter size in sheep: natural versus hormone-induced oestrus. *Genetics Selection Evolution*. 36. 543–562.
- Milerski, M. 2005. Metodika odhadu plemenných hodnot u ovcí. Metodika pro praxi. Výzkumný ústav živočišné výroby, Praha Uhřetěves, 21 s. Bez ISBN.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., Lee, D. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier. CD-ROM Communication 28:07.
- Mrode, R. A., Thompson, R. 2005. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. Second edition. CAB International. Wallingford. 344 s. ISBN: 0851990002.
- Rao, S., Notter, D. R., 2000. Genetic analysis of litter size in Targhee, Suffolk, and Polypay sheep. *Journal of Animal Science*. 78. 2113-2120.

- Sánchez-Dávila, F., Bernal-Barragán, H., Padilla-Rivas, G., Bosque-González, A. S., Vázquez-Armijo, J. F., Ledezma-Torres, R. A. 2015. Environmental factors and ram influence litter size, birth, and weaning weight in Saint Croix hair sheep under semi-arid conditions in Mexico. *Tropical Animal Health and Production*. 47 (5). 825-831.
- SanCristobal-Gaudy, M., Bodin, L., Elsen, J. M., Chevalet, C. 2001. Genetic components of litter size variability in sheep. *Genetics Selection Evolution*. 33. 249–271.
- Schmidova, J., Milerski, M., Svitakova, A., Vostry, L., Novotna, A. 2014. Estimation of Genetic Parameters for Litter Size in Charollais, Romney, Merinolandschaf, Romanov, Suffolk, Šumava and Texel Breeds of Sheep. *Small ruminant research*. 119. 33-38.
- Schmidova, J., Milerski, M., Svitakova, A., Vostry, L. 2015. Genetic contribution of ram on litter size in Šumava sheep. *Poljoprivreda*. 21(1). 159-162.
- Schmidová, J., Milerski, M., Svitáková, A., Vostrý, L. 2016a. Effects of service ram on litter size in Romanov sheep. *Small Ruminant Research*. 141. 56-62.
- Schmidova, J., Milerski, M., Svitakova, A., Novotna, A., Vostra Vydrova, H., Vostry, L. 2016b. The influence of ram on litter size in Suffolk sheep. *Acta agriculturae Slovenica, Supplement 5*. 109-112.
- Shorten, P. R., O'Connell, A. R., Demmers, K. J., Edwards, S. J., Cullen, N. G., Juengel, J. L. 2013. Effect of age, weight, and sire on embryo and fetal survival in sheep. *Journal of Animal Science*. 91 (10). 4641-4653.
- Spiegelhalter, D.J., Best, N.G., Carlin, B.P., van der Linde, A., 2002. Bayesian measures of model complexity and fit. *J. R. Statist. Soc. B*. 64 (4), 583-639.
- Škorput, D., Kasap, A., Gorjanc, G. 2011. Estimation of Variance Components for Litter Size in the First and Later Parities in Improved Jezersko-Solcava Sheep. *Agriculturae Conspectus Scientificus*. 76. 337-340.
- Wolf, J., Wolfova, M., 2012. Effect of service sire on litter size traits in Czech Large White and Landrace pigs. *Czech J. Anim. Sci.*, 57 (5), 220–230.

Elektronické zdroje

- Rada plemenných knih ovcí. Šlechtitelský program. Svaz chovatelů ovcí a koz v ČR [online]. 2013 [citováno 2016-08-22]. Dostupné také z < <http://www.schok.cz/slechtenti-pk/slechtitelsky-program-v-chovu-ovci>>.

7. Přílohy

Tabulka 3 Souhrnná statistika

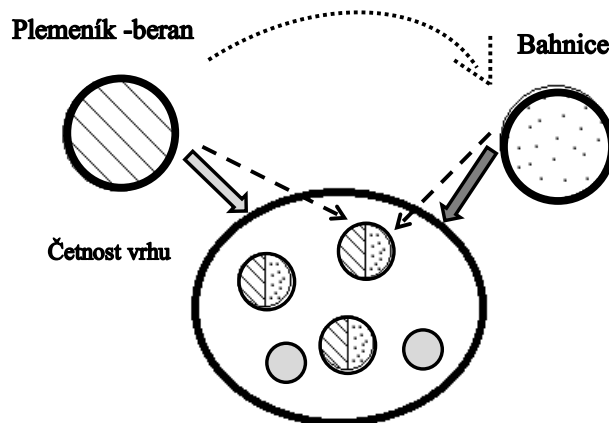
Plemeno	Počet záznamů bahnění	Počet bahnic s užitkovostí	Počet otců bahnic	Počet zvířat v rodokmenu	Počet CG	Četnost vrhu - průměr	Četnost vrhu – s	Četnost vrhu - V(%)	Četnost vrhu – Max
Charollais	14372	5129	994	8195	2061	1,549	0,601	38,80	6
Romney	24276	7195	341	8447	888	1,549	0,581	37,51	4
Merinol.	18048	5679	506	8945	1405	1,428	0,548	38,38	6
Romanovská o.	7750	2775	314	3489	1415	2,489	0,911	36,60	7
Šumavská o.	34075	9908	537	12620	1667	1,322	0,488	36,91	4
Suffolk	38442	13202	1139	18846	3186	1,623	0,601	37,03	5
Texel	6933	2427	386	3874	909	1,536	0,574	37,37	4

Vysvětlivky: Merinol. = Merinolandschaf; CG – sdružený efekt stádo-rok-období; s: směrodatná odchylka; V(%): variační koeficient v %; Max: nejvyšší zaznamenaný počet je

Tabulka 4 Distribuce četnosti jehňat v %

Četnost vrhu	1	2	3	4	5	6	7
Charollais	50,52	44,25	5,02	0,20	0,01		
Romney	49,42	46,38	4,05	0,16			
Merinolandschaf	59,69	38,03	2,08	0,16	0,03	0,01	
Romanovská ovce	12,80	39,59	35,33	10,62	1,50	0,15	0,01
Šumavská ovce	68,87	30,15	0,97	0,01			
Suffolk	43,84	50,23	5,75	0,18	0,01		
Texel	50,40	45,72	3,81	0,07			

Obrázek 1 Efekt plemeníka a bahnice na četnost vrhu



-> Schopnost plemeníka stimulovat bahnici
- > Aditivní genetický efekt na přežitelnost zárodku/plodu
- ====> Paternalní genetický efekt a efekt trvalého prostředí plemeníka
(kvalita spermatu, aktivní vyhledání říjící se bahnice, atd.)
- ====> Maternalní genetický efekt a efekt trvalého prostředí bahnice
(vícnásobná ovulace, kapacita dělohy, výživa zárodků/plodů, atd.)
- Neoplodněné vajíčko

8. Seznam publikací autora

Články v časopisu s IF:

- Novotná, A., Svitáková, A., **Schmidová, J.** 2015. Comparison of different models to estimate genetic parameters of the sport horses in the Czech Republic. *Czech Journal of Animal Science*. 60(9). 383 - 390.
- Novotná, A., Svitáková, A., **Schmidová, J.**, Vostrá-Vydrová, H., Příbyl, J. 2016. Variance components, heritability estimates, and breeding values for performance test traits in Old Kladruber horses. *Czech Journal of Animal Science*. 61 (8). 369–376.
- **Schmidová J.**, Milerski M., Svitáková A., Vostrý L., Novotná A. 2014. Estimation of Genetic Parameters for Litter Size in Charollais, Romney, Merinolandschaf, Romanov, Suffolk, Šumava and Texel Breeds of Sheep. *Small Ruminant Research*, 119. 33-38.
- **Schmidová J.**, Milerski M., Svitáková A., Vostrý L. 2016. Effects of service ram on litter size in Romanov sheep. *Small Ruminant Research*. 141. 56-62.
- Svitáková, A., **Schmidová, J.**, Pešek, P., Novotná, A. 2014. Recent developments in cattle, pig, sheep and horse breeding – a review. *Acta Veterinaria Brno*. 83. 327–340.
- Vostrá-Vydrová H., Vostrý L., Hofmanová B., Krupa E., Veselá Z., **Schmidová J.** 2016. Genetic diversity within and gene flow among three draught horse breeds using genealogical information. *Czech Journal of Animal Science*. 61(10). 462-472.

Články ve vědeckých publikacích - recenzované (Scopus):

- **Schmidová J.**, Milerski M., Svitáková A., A., Novotná, A., Vostrá Vydrová, H., Vostrý, L. 2016. The influence of ram on litter size in Suffolk sheep. *Acta agriculturae Slovenica*. Supplement 5. 109-112.
- **Schmidová J.**, Milerski M., Svitáková A., Vostrý, L. 2015. Genetic contribution of ram on litter size in šumava sheep. *Poljoprivreda/Agriculture Journal*. 21(1). 159-162.
- Vostrá-Vydrová H., Vostrý L., Hofmanová B., **Schmidová J.**, Veselá Z., Majzlík I. 2016. Founder contribution in the endangered Czech draught horse breeds. *Acta Agriculturae Slovenica*. Supplement 5. 169-173.
- Vostrá Vydrová, H. Vostrý, L., Hofmanová, B., Veselá, Z., **Schmidová, J.**, Majzlík, I. 2015. Population studies of Czech hucul horses. *Poljoprivreda/Agriculture Journal*, 21(1). 41-43.
- Vostrý L., Vostrá-Vydrová H., Hofamnová B., **Schmidová J.**, Veselá Z. 2016. Analysis of linear SCORING of conformation traits in Czech draught horses. *Acta Agriculturae Slovenica*. Supplement 5. 174-178.

Články v odborných publikacích - recenzované:

- Čermáková, J., Kudrna, V., Joch, M., **Schmidová, J.**, Svitáková, A. 2014. Zkrácená doba stání na sucho a její vliv na zdraví mléčné žlázy a telat. *Veterinářství*. 1/2014.

- Novotná A., Svitáková A., **Schmidová J.** 2016. Heritability estimates and genetic trends for performance test traits in the Old Kladruber horses. *Acta fytotechnica et zootechnica*. 19(3). 99–102.
- **Schmidová J.**, Milerski M., Vostrý L. 2013. Hodnocení zevnějšku beranů zařazovaných do plemnitby. *Náš Chov*. 9/2013. 41-42.
- Vostrá-Vydrová H., Vostrý L., Hofmanová B., Veselá Z., **Schmidová J.**, Novotná A. 2016. Estimation of effective population size by different methods for Czech endangered horse breeds based on genealogical information. *Acta fytotechnica et zootechnica*. 19(3). 41-44.
- Vostrý L., Vostrá-Vydrová H., Hofmanová B., Veselá Z., **Schmidová J.** 2016. Inter and intra genetic variability in sire lines of Czech endangered draft horse breed. *Acta fytotechnica et zootechnica*. 19(3). 112-115.

Články v odborných publikacích:

- Michaličková M., Krupová Z., Krupa E., Záhradník M., **Schmidová J.** 2015. Ekonomika chovu kombinovaných plemien. *Živočišna výroba* 10. 6. 2015 / 21.
- Milerski, M., **Schmidová, J.** 2016. Na návštěvě u ovčáků v jižní Anglii. *Zpravodaj - Svaz chovatelů ovcí a koz*. 2/2016. 24-26.
- Pejosová A., **Schmidová J.**, Svitáková A. 2013. Jak se testuje sportovní výkonnost sportovních koní v zahraničí? *Jezdectví*. 3/2013. 10-15.
- Pešek, P., Svitáková A., Brzáková M. **Schmidová J.** 2015. Křížení ve šlechtění masného skotu. *Zpravodaj ČSCHMS* 4/2015
- Rosenbergová D., **Schmidová J.** 2013. Historie vzniku českomoravského belgického koně. *Koně-zpravodaj SCHK*. 2/2013.
- Rosenbergová D., Navrátil J., **Schmidová J.** 2011. Historie vzniku českomoravského belgického koně. *Koně-zpravodaj SCHK*. 5/2011.
- **Schmidová, J.** 2014. Chov ovcí ve Slovinsku. *Náš chov*. 2/2014. 41-42.
- **Schmidova, J.** 2014. Stříhačský kurz 24. -25. 5. 2014. *Zpravodaj SCHOK*. 2/2014.
- **Schmidová, J.** 2016. Označení „MULE“ v anglické ovčácké terminologii. *Zpravodaj - Svaz chovatelů ovcí a koz*. 2/2016. 27.
- **Schmidová J.**, Milerski M. 2013. Vliv měsíce bahnění na četnost vrhu. *Zpravodaj SCHOK*. 2-3/2013. 50.
- **Schmidová J.**, Milerski M., Vostrý L. 2012. Hodnocení zevnějšku beranů posuzovaných na nákupních trzích. *Zpravodaj SCHOK*. 4/2012. 44-45.
- Svitáková, A., **Schmidová, J.**, Veselá, Z., Vostrý, L. 2014. Genetická propojenost mez stády masného skotu. *Zpravodaj ČSCHMS*. 21 (1). 44 – 45.
- Sztankóová, Z., Rychtářová, J., **Schmidová, J.**, Kyselová, J., Milerski, M. 2015. Genetický polymorfismus lipogenních enzymů a kandidátních genů ovlivňující zastoupení mastných kyselin v kozím mléce. *Zpravodaj - Svaz chovatelů ovcí a koz*, č. 3-4, s. 24-26.

Metodiky

- Milerski, M., **Schmidová, J.** 2016. Metodika lineárního popisu vemen u ovcí. Metodika. Praha Uhřetěves: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i. ISBN: 978-80-7403-148-9
- Příbyl, J., Bauer, J., Krupa, E., Krupová, Z., Milerski, M., Novotná, A., Pešek, P., Příbylová, J., **Schmidová, J.**, Svitáková, A., Veselá, Z., Vostrá Vydrová, H., Vostrý, L., Zavadilová, L., Žáková, E. 2014. Linear Models in Genetic Evaluation. Notes for course held in Prague 1. - 2. 9. 2014. VÚŽV Uhřetěves, 52 str.
- Vostrý, L., Vostrá Vydrová, H., Příbyl, J., Novotná, A., **Schmidová, J.**, Bauer, J. 2015. Předpověď plemenných hodnot pro znaky zevnějšku popisované lineárním popisem u starokladubského koně. Metodika. Praha Uhřetěves: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i. ISBN: 978-80-7403-140-3.

Aktivní účast na mezinárodních konferencích (s příspěvkem ve sborníku):

- Bucek, P., Milerski, M., **Schmidová, J.**, Mareš, V., Sheep production and breeding in the Czech Republic. ICAR 39th Biennial Session 2014, Germany 19-23.5.2014.
- Milerski, M., **Schmidová, J.** 2014. Šlechtění dojných plemen ovcí v České republice. In. Farmářská výroba sýrů a kysaných mléčných výrobků XI – sborník referátů. Brno 15.5.2014. str.48-49.
- Milerski, M., **Schmidová, J.**, Vostrý L. 2014. Genetic evaluation of lamb survival in the conditions of the Czech Republic. EAAP, Kopenhagen 25. -28. 8. 2014. Book of abstract, p. 406
- Milerski, M., Czerneková, V., Kott, T., **Schmidová, J.** 2014. The origin, incidence, effects and utilization of FecB (Booroola) gene in the population of Merinolandschaf sheep in the Czech Republic. In book of abstract of XXVI. Genetic Days, 3. – 4. 9. 2014, Prague, p 118-119
- Novotná A., **Schmidová J.**: Evaluation of jumping performance and genetic trend of the Czech warmblood using the multitrait BLUP – AM. In book of abstract of XX. Summer school of biometrics, 18. -21. 8. 2014, Slavonice, p. 49-50
- Rychtářová J., Sztankoova Z., **Schmidová J.**, Kyselová J. 2016. Association analysis between STAT5A and PROP1 genes and milk production in Czech National dairy goat breed: Preliminary results. In Book of abstract 35th International Society for Animal Genetics Conference (ISAG), p. 136-137.
- **Schmidová, J.**, Milerski, M., Svitakova, A., Vostra Vydrova, H., Vostry, L. 2016. The influence of ram on number of born and weaned lambs in Suffolk. In book of abstracts of 67th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Belfast, UK, 29 August - 1 September 2016.
- **Schmidová J.**, Milerski M., Svitáková A., Vostrý L. 2014. Genetic analysis of litter size in different sheep breeds using linear and threshold model. In book of abstract of 65th EAAP, 25. - 28. 8.2014, Kopenhagen, Denmark, p. 410

- **Schmidová J.**, Milerski M., Vostrý L., Svitáková A. 2014. Genetic parameters for litter size in meat breeds of sheep. In book of abstract of XXVI. Genetic Days, 3. – 4. 9. 2014, Prague, p 101-102.
- Svitáková A., Veselá Z., **Schmidová J.**, Vostrý L. 2014. Evaluation of growth records of bulls from two different station tests using linear splines. In book of abstract of 65th EAAP, 25. - 28. 8. 2014, Kopenhagen, Denmark, p. 411.
- Svitáková, A., Veselá, Z., Vostrý, L., **Schmidová J.** 2014. Evaluation of genetic parameters for field test traits in Czech beef cattle. In book of abstract of XXVI. Genetic Days, 3. – 4. 9. 2014, Prague, p. 112
- Sztankoova Z., Rychtářová J., **Schmidová J.**, Kyselová J., Milerski M., Kott T. 2016. Association of acetyl-coenzyme A carboxylase α , lipoprotein lipase and fat acid synthase genes with milk parameters in Czech East Friesian breed. In Book of abstract 35th International Society for Animal Genetics Conference (ISAG). p. 137.
- Vostrý L, Vostrá-Vydrová H., Hofmanová B., Veselá Z., **Schmidová J.**, Majzlík I. 2016. Genetic diversity loss in populations Czech draft horse breeds. In book of abstracts of 67th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Belfast, UK, 29 August - 1 September 2016.