

**ČESKÁ ZEMĚDĚLSKÁ UNIVERZITA V PRAZE**  
**Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů**  
**Katedra genetiky a šlechtění**

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

.....  
doktorská disertační práce

Autor: **Ing. Jitka Schmidová**

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

Konzultant: **Ing. Michal Milerski, Ph.D., VÚŽV, Praha-Uhřetěves**

**Prof. Ing. Bc. Josef Příbyl, DrSc., VÚŽV, Praha-  
Uhřetěves**

**Praha 2017**



## **Poděkování**

Největší dík patří mým rodičům, díky nimž se pohybuji v oblasti zemědělství a kteří mě podporovali během studia.

Doc. Ing. Luboši Vostrému, Ph.D., Ing. Michalu Milerskému, Ph.D. a prof. Ing. Bc. Josefu Příbylovi, DrSc. děkuji za odborné vedení.

Za spolupráci a poskytnutí údajů bych chtěla poděkovat Svazu chovatelů ovcí a koz. Kolektivu oddělení Genetiky a šlechtění hospodářských zvířat Výzkumného ústavu, v.v.i. Praha Uhřetěves a Katedry genetiky a šlechtění České zemědělské univerzity v Praze děkuji za dobré pracovní podmínky a přátelskou atmosféru i cenné rady a připomínky. Zvláštní dík za spolupráci patří Ing. Aleně Svitákové.

## **Obsah**

1. Úvod .....	3
2. Literární přehled .....	5
2. 1. Chov ovcí v ČR.....	5
2.2. Kontrola užitkovosti .....	7
2. 3. Šlechtění ovcí.....	8
2. 4. Odhad genetických parametrů.....	9
2. 5. Statistické modely .....	12
2. 6. Výběr vhodného modelu.....	16
2. 7. Odhad genetických parametrů u ovcí.....	18
2. 8. Předpověď plemenných hodnot u ovcí v ČR.....	23
3. Vědecká hypotéza .....	26
4. Cíle práce.....	27
4. 1. Rámcový přístup k naplnění cílů .....	27
5. Sumární diskuze .....	28
5. 1. Popisná statistika.....	28
5. 2. Věk bahnice .....	29
5. 3. Sdružený efekt stáda-roku-období (CG) .....	30
5. 4. Odhad genetických parametrů pro četnost vrhu jako znaku bahnice.....	31
5. 5. Vliv plemeníka na četnost vrhu .....	32
5. 6. Korelace mezi plodností beranů a bahnic .....	33
5. 7. Výběr vhodného modelu.....	34
5. 8. Porovnání plemenných hodnot.....	35
6. Závěry .....	36
7. Seznam použité literatury .....	40
8. Seznam příloh.....	50
8. 1. Seznam vlastních publikací použitých v práci.....	50
8. 2. Přehled publikační činnosti – Ing. Jitka Schmidová.....	92

## 1. Úvod

Pro rozhodování o podnikatelské činnosti, a to nejen v chovu hospodářských zvířat, jsou důležité kvalitní informace. Při výběru zvířat pro další plemenitbu se využívají zejména výsledky kontroly užitkovosti, čili sledování plodnosti, růstu, případně mléčné užitkovosti. Šlechtitel potažmo chovatel tudíž řeší následující otázky: Které zvíře je nejvhodnější pro plemenitbu? Je to bahnice, jejíž beránek váží ve sto dnech 45 kg, ta, která odchová tři jehňata bez příkrmu, nebo ta, co se nejvíce líbila na celostátní výstavě? Anebo je to ta, která každý rok odchová dvě jehňata o přiměřené hmotnosti a navíc nikdy neměla žádné problémy s paznehty? A jak zajistit, aby její potomstvo bylo, když ne nejlepší, tak alespoň lepší než jsou současná zvířata? Na tyto otázky však neexistuje jednoznačná odpověď, protože ta se odvíjí od přání a představ každého chovatele, jednotlivých organizací, ale i požadavků koncových spotřebitelů. Nejlepší zvíře u jednoho chovatele se navíc vůbec nemusí ukázat jako nejlepší zvíře u chovatele druhého.

Je třeba si uvědomit, že téměř všechny znaky užitkovosti jsou ovlivněny kromě velkého množství genů malého účinku i četnými negenetickými faktory. Ať už je to stáří jedince, pohlaví, místo odchovu, počet sourozenců, se kterými je třeba se dělit o mléko, aktuální zdravotní stav, nebo např. počasí při bahnění, a mnoho dalších. Pro stanovení nejlepšího genotypu je třeba mít dobré znalosti o způsobu chovu, o prostředí i o ekonomických vlivech, které na chov působí, a je třeba si také uvědomovat jejich vzájemné interakce a jejich souhrnný vliv na ziskovost.

Pokud tedy chovatel chce trvale zlepšovat své stádo, vydává se na poměrně složitý a dlouhodobý proces. Na začátku šlechtění stojí sběr dat, pokračuje jejich zpracováním a vyhodnocením, následované výběrem (nej)lepšími jedinci do plemenitby a tvorbou nové generace. O té je třeba opět získávat údaje a na základě jejich vyhodnocení provést selekci.

Ačkoliv je v posledních letech chov ovcí, a to nejen v České Republice, zaměřen na produkci jehněčího masa, jsou znaky reprodukce, včetně velikosti vrhu, rozhodujícími faktory pro efektivitu chovu. Dobrá plodnost je součástí chovného cíle každého plemene ovcí, nezávisle na tom, který ze tří užitkových směrů (maso, mléko, vlna) stojí v popředí.

Po výrazném poklesu počtu chovaných ovcí v ČR, došlo v roce 2001 k mírnému obratu. Pozvolný nárůst početních stavů pokračoval i v roce 2015 a podle ČSÚ se zde chovalo 232 tisíc ovcí (Bucek et al. 2015). Počet bahnic v kontrole užitkovosti v posledních pěti letech

kolísal, nicméně došlo k nárůstu počtu zapojených stád. Zároveň dochází ke změnám v podílech jednotlivých užitkových typů a plemen.

Vzhledem k tomu, že se tedy každá populace vyvíjí a mění se i podmínky chovu, a vzhledem k tomu, že může v průběhu let dojít i ke změnám v metodice kontroly užitkovosti, je vždy po několika letech nutné znovu stanovit genetické parametry a případně upravit modelové rovnice. To by měl být následně pro svazy chovatelů ovcí podklad pro diskusi o metodice předpovědi plemenných hodnot.

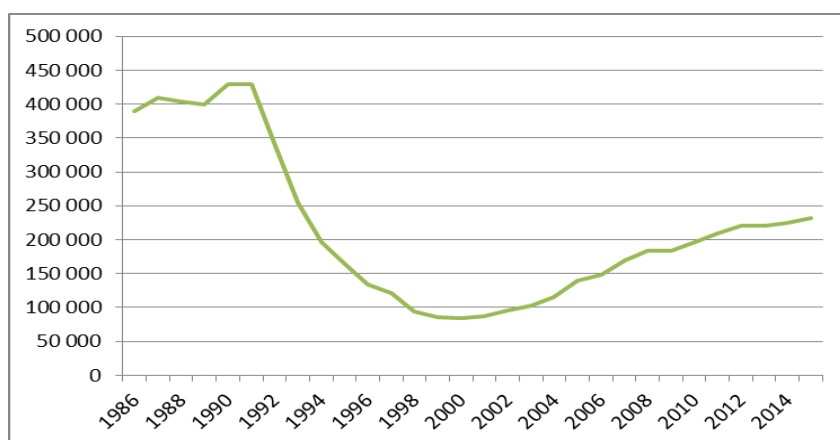
## 2. Literární přehled

### 2. 1. Chov ovcí v ČR

Ovce spolu s kozami patří k nejstarším domestikovaným hospodářským zvířatům. Byly domestikovány v jihozápadní Asii, přibližně v 9. tisíciletí před naším letopočtem (Maijala, 1997). Na našem území je chov ovcí doložen již na konci devátého století, ve 14. století se podílel 3/4 na celkových stavech hospodářských zvířat (Horák et al., 2004). V minulosti procházel dobami rozkvětu i úpadků. Podporovala ho např. Marie Terezie, za jejíž vlády stoupla díky válkám poptávka po vlně na výrobu uniforem. V roce 1837 bylo evidováno 2 228 587 ks ovcí, zatímco o necelých sto let později, v roce 1935, pouze 40 302 ks (Bucek et al., 2011).

K výkyvům docházelo i v průběhu 20. století. Po roce 1990 došlo k výraznému poklesu počtu ovcí chovaných na našem území. Do tohoto roku byla upřednostňována kvantitativní a kvalitativní produkce vlny. Cena vlny byla do té doby dotována státem, zatímco cena jatečných jehňat se držela velmi nízko. Stavy ovcí původních vlnářských plemen byly začátkem devadesátých let dvacátého století zredukovány na minimum (Jakubec et al., 2001). Na snižování stavů se však podílela i celková restrukturalizace zemědělství (Horák et al., 2004). Od roku 2001 dochází k opětovnému navyšování stavů, zjevně v důsledku poptávky po využití trvalých travních porostů v méně příznivých oblastech a také díky mírnému zvýšení poptávky po jehněčím mase a mléčných výrobcích (Graf 1).

**Graf 1 Vývoj celkového stavu ovcí v ČR v letech 1986 až 2015**



Zdroj: ČSÚ, Soupis hospodářských zvířat - k 1.4.2015

V době, kdy se díky nízkým výkupním cenám staly vlna a ovčí kůže obtížně prodejné a pokud pomineme produkci plemenných beránků a jehnic, jsou jatečná jehňata hlavním produktem chovu ovcí (Bucek et al., 2011). V důsledku výše uvedených skutečností došlo ke změně struktury chovaných plemen (Tab. 1).

Dlouhotrvající recese vlnářského průmyslu se na početních stavech ovcí odráží celosvětově. Na druhé straně však roste zájem o maso a ve státech Evropské Unie je ceněna i mimoprodukční funkce chovu ovcí (Horák et al., 2004). Krupová et al. (2013) uvádí, že jsou v posledních letech v západních zemích upřednostňovány jatečné ukazatele. Nicméně existují oblasti, které u daných plemen stále kladou důraz na kvalitu vlny (Ciappesoni et al., 2013; Wuliji et al., 2011; Scobie et al., 2012). Další významnou vlastností ovcí je mléčná užitkovost (Carta et al., 2009, Bauer et al., 2012).

**Tabulka 1. Vývoj struktury plemen ovcí podle užitkového zaměření v období 1990-2014 v ČR (v %)**

Rok	Typ plemene			
	vlnářský	s kombin. užitkovostí	masný	plodný a dojný
1990	62,9	36,4	0,6	0,1
1995	1,9	70,6	25,8	1,7
2000	0	61,2	34,3	4,5
2005	0	54,4	37,1	8,5
2010	0	49,9	40,0	10,1
2012	0	48,3	40,1	11,6
2013	0	48,0	40,0	12,0
2014	0	50,0	35,0	15,0

Zdroj: Svaz chovatelů ovcí a koz v ČR, in Bucek et al., 2015



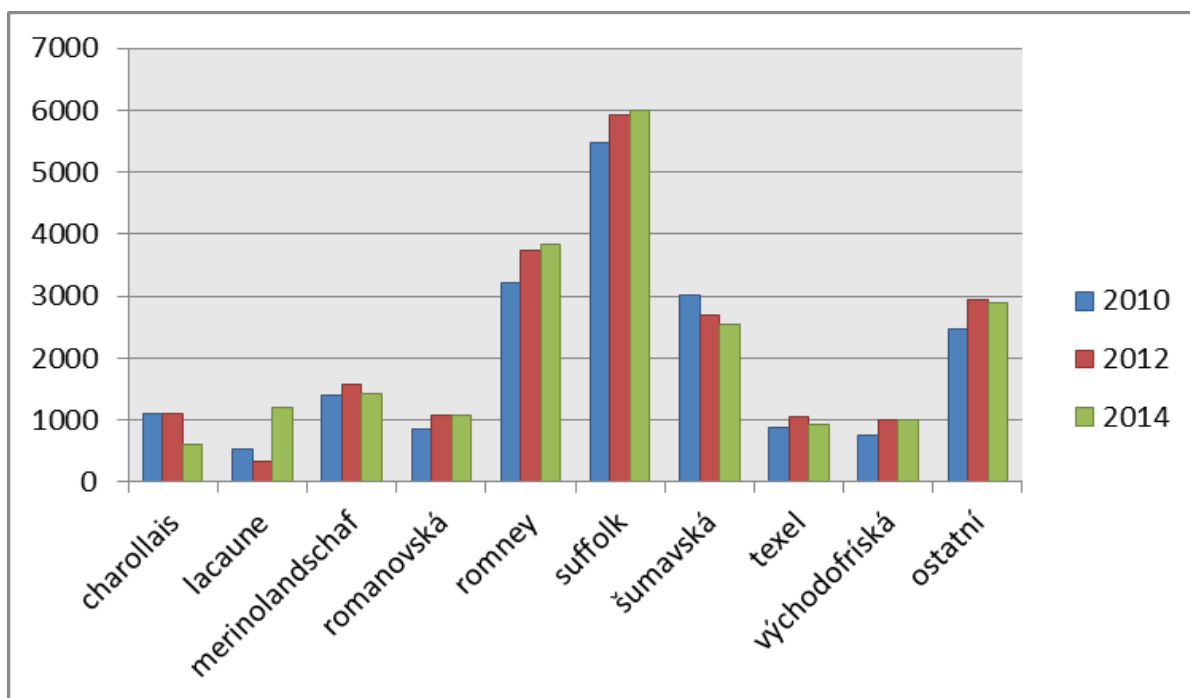
## 2.2. Kontrola užítkovosti

Pod pojmem kontrola užítkovosti rozumíme cílená opatření, která vedou ke zjištění fenotypového projevu vlastností zvířat, a to jak plemenných, tak užítkových (Jakubec et al., 2001). Jednotné postupy jsou nezbytné pro odhady plemenné hodnoty rodičů i potomků. V České Republice se činnost spojená s výkonem kontroly užítkovosti řídí Zákonem č. 154/2000 Sb. o šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat a dalšími souvisejícími zákony v aktuálním znění a pravidly Mezinárodního výboru pro kontrolu užítkovosti ICAR (International committee for animal recording), jehož členskou organizací je Českomoravská společnost chovatelů, a.s. (ČMSCH, 2016). Kontrola užítkovosti je obvykle zaměřena na takové vlastnosti, které jsou dostatečně dědivé a mají ekonomickou hodnotu. V případě, že je hlavní užítková vlastnost obtížně zjistitelná, lze využít i tzv. pomocných vlastností. Tyto však musí být v úzké korelaci k ekonomicky důležité vlastnosti a jejich zjistitelnost musí být z hlediska technické a časové náročnosti a nákladnosti snazší (Jakubec et al., 2010).

Všeobecně se kontrola užítkovosti provádí jako polní test (Wolc et al., 2011; Zishiri et al., 2014) nebo test staniční (Gorjanc et al., 2009; Gamassae et al., 2010). Výhodou polního testu je možnost sledovat velké množství jedinců obvykle přímo u chovatelů. Naopak výhodou staničního testu je standardizace podmínek a tím přesnější odhad genetických parametrů a obvykle také vyšší odhad koeficientu dědivosti. Nevýhodou staničních testů je omezená kapacita a finanční nákladnost. Navíc je zde i možnost projevu interakce genotypu s prostředím, která může nabývat vysokých hodnot, pokud jsou velké rozdíly mezi podmínkami na stanici a v běžných chovech (Jakubec et al., 2001).

Základními ukazateli v kontrole užítkovosti ovcí jsou údaje o reprodukci (oplození, plodnost a intenzita) a růstové schopnosti, kdy se sleduje hmotnost jehňat ve 100 dnech. Dále se u masných plemen ovcí provádí ultrazvukové měření hloubky hřbetních svalů a výšky podkožního tuku. U dojených plemen ovcí se sleduje mléčná užítkovost. V roce 2014 bylo do kontroly užítkovosti zapojeno 23.553 bahnic 32 plemen. Počet stád se v kontrole užítkovosti mezi lety 2010 a 2014 zvýšil ze 462 na 529, s tím, že přibývají zejména malá stáda (do 50 bahnic), zatímco velkých stád mírně ubývá. Ve vývoji stavu bahnic přitom nelze určit jednoznačný trend (Bucek et al., 2015). Nejpočetnějším plemenem je dlouhodobě suffolk (Graf 2).

Graf 2 Stavby bahnic v kontrole užítkovosti podle plemen



Zdroj: Svaz chovatelů ovcí a koz v ČR, in Bucek et al., 2015

### 2. 3. Šlechtění ovcí

Cílem šlechtění je změna genetické hodnoty zvířat v budoucích generacích tak, aby vytvářela žádané produkty efektivněji v porovnání s přítomnou generací za podmínek budoucích (přírodních, ekonomických, sociálních), (Říha et al., 2004). Šlechtitelské programy v chovu ovcí v ČR se zaměřují na komplexní zlepšování genetických vloh zvířat pro poskytování žádané užítkovosti, respektive zlepšení ekonomické efektivity chovu v rámci určitého produkčního systému (Rada plemenných knih ovcí, 2013).

Pro produkci potomstva se obecně vybírají rodiče s dobrým genetickým založením. V takovém případě existuje větší pravděpodobnost, že i potomstvo bude vykazovat dobré genetické založení, jež se běžně označuje jako plemenná hodnota (Jakubec et al., 1999). Změna genetické hodnoty je dosahována selekcí, která je základem nejen každého zušlechťovacího programu ve šlechtění hospodářských zvířat, ale i evoluce. Selekcí jsou myšleny rozdíly v reprodukčních schopnostech v populaci zvyšující relativní počet potomků zvířat s žádanými vlastnostmi a tím i zvyšující četnost jejich genů v populaci (Lush, 1945).

Selekcí je tudíž možno zlepšit genotypovou střední hodnotu vlastností v populaci. K dalšímu rozmnožování se využívají pouze určitá zvířata, přičemž zbytek jedinců v populaci je z další plemenitby vyřazen. Selektovaná zvířata tedy rozhodují o genotypovém složení následné populace (potomků), (Jakubec et al., 2010).

V chovu ovcí probíhá selekce zpravidla ve třech základních stupních (Rada plemenných knih ovcí, 2013):

- Selekcce jehňat po dosažení jatečné hmotnosti (120-160 dní věku) – základní selekční stupeň spojený zejména u beránků s nejvyšší intenzitou selekce – k dalšímu chovu je ponecháno cca 5-15 % beránků narozených v rámci kontrolovaných populací.
- Klasifikace beranů a bonitace jehnic (6-18 měsíců věku) – v tomto stupni selekce probíhá zejména rozdělení plemenných beránků mezi chovy zapojené do šlechtění a užitkové chovy.
- Selekcce ve skupině plemenných zvířat (po celý reprodukční život zvířete) – výběr matek beranů, záměrné sestavování rodičovských párů, brakování apod.

Selekcí v zásadě provádí chovatel ve spolupráci s oprávněnou osobou s využitím údajů z kontroly užitkovosti a odhadů plemenných hodnot zvířat. Při klasifikaci plemenných beránků je selekční rozhodnutí v kompetenci hodnotitele.

Výsledkem odezvy na selekcí je selekční pokrok ( $\Delta G$ ). Představuje změnu střední hodnoty potomstva v porovnání se střední hodnotou rodičovské generace, neboli difference mezi fenotypovou hodnotou potomků a populace jejich rodičů před selekcí. Rozlišuje se přímý a nepřímý selekční pokrok. Přímým selekčním pokrokem je genetický rozdíl  $\Delta G$  pro vlastnost, na kterou jsme selektovali. Pokud však existuje mezi dvěma vlastnostmi genetická závislost, dochází kromě přímého selekčního pokroku u vlastnosti, na kterou selektujeme ( $\Delta G_1$ ), také k nepřímému selekčnímu pokroku ( $\Delta G_{2/1}$ ) i u druhé vlastnosti, která není předmětem přímé selekce, (Jakubec et al., 2010).

#### **2. 4. Odhad genetických parametrů**

Kvantitativní vlastnosti vykazují kontinuální rozdělení fenotypových hodnot v populaci, jež je podmíněno velkým počtem minor genů (genů s malým účinkem), interakcemi mezi těmito geny (epistatickým působením) a prostředovými modifikacemi (Jakubec et al., 2010).

Genetické založení je třeba od efektů prostředí očistit, čehož lze docílit použitím statistických modelů. K tomu se využívají data příbuzných jedinců žijících v různých podmínkách, např. v různých stádech společně s dalšími nepříbuznými zvířaty (vrstevníky) nebo narozených v jiném období. Pokud toho není dosaženo, není možné rozlišit mezi působením prostředí a vlivem genetického založení (Janssens et Vandepitte, 2004).

Genotyp tedy nelze usuzovat přímo, tak jak je tomu u kvalitativních vlastností, ale na základě odhadů populačně-specifických parametrů, jež se nazývají genetickými parametry (Falconer et Mackay, 1996).

Genetickým parametrem jsou označovány genetické charakteristiky populace, které zajímají šlechtitele a které jsou využívány ve šlechtitelských programech. Odhadování genetických parametrů potom znamená odhad komponent pozorovatelné variance (včetně kovariancí) mezi příbuznými jedinci do příčinných komponent, jako je variance způsobená aditivními genetickými efekty, efekty dominance, interakce, a permanentními a dočasnými vlivy prostředí. V tomto kontextu zahrnuje variance nejen varianci sledovanou pro konkrétní vlastnost a konkrétního jedince, ale také kovariance mezi různými vlastnostmi a kovariance mezi jedinci pro stejné nebo různé vlastnosti. Proto je nutné znát stupeň příbuznosti mezi jedinci a z toho vyplývající kovariance mezi nimi (Jakubec et al., 2003).

Fenotypová variance ( $\sigma_P^2$ ), též variance populace, je variancí fenotypových hodnot, genotypová variance ( $\sigma_G^2$ ) genotypových hodnot a prostřed'ová variance ( $\sigma_E^2$ ) je variancí odchylek způsobených prostředím. Genotypovou varianci lze dále rozčlenit na aditivně genetickou varianci ( $\sigma_A^2$ ) a neaditivní varianci, která se skládá z variance dominance ( $\sigma_D^2$ ) a interakce ( $\sigma_I^2$ ), (Mrode, 1996).

Platí tedy následující vzorec:

$$\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2 \quad (1)$$

Relativní podíl aditivně genetické variance na celkové fenotypové varianci je nejdůležitějším populačně genetickým parametrem k odhadu dědičnosti kvantitativních vlastností a je nazýván heritabilitou ( $h^2$ ) neboli koeficientem dědivosti (Falconer et Mackay, 1996):

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} \quad (2)$$

Koeficient dědivosti nabývá hodnot 0-1 a je platný jen pro populaci, ve které byl odhadován. V průběhu generací se může vlivem měnících se poměrů variance v dané populaci měnit.

Měření či pozorování některých znaků může být prováděno opakovaně v čase. Tato opakovaná pozorování obvykle vykazují určitý stupeň podobnosti. Jedná se o opakovatelnost ( $r_{op}$ ,  $w$ ), která je považována za další z genetických parametrů:

$$r_{op} = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_{pe}^2}{\sigma_P^2} \quad (3)$$

kde  $\sigma_A^2$  je aditivně genetická variance  
 $\sigma_{pe}^2$  je variance trvalého prostředí  
 $\sigma_P^2$  je fenotypová variance sledovaného znaku.

Opakovatelnost nabývá hodnot od 0 do 1, udává korelaci mezi jednotlivými pozorováními jedince (Mrode, 1996) a je založena jak na genetických vlivech, tak na opakujících se vlivech prostředí. Ze vzorce vyplývá, že udává maximální hodnotu koeficientu dědivosti.

Dalším genetickým parametrem mohou být genetické korelace ( $r_{axy}$ ):

$$r_{axy} = \frac{\text{COV}(a_x, a_y)}{(\sigma_{AX} * \sigma_{AY})} \quad (4)$$

kde  $\text{cov}(a_x, a_y)$  je aditivně genetická kovariance znaků XY  
 $\sigma_{AX}$  je aditivně genetická variance znaku X  
 $\sigma_{AY}$  je aditivně genetická variance znaku Y.

Genetické korelace udávají míru společného genetického vlivu na dvě vlastnosti. Pohybuje se v rozmezí stejném pro všechny korelace a to  $<-1; 1>$ . Vysvětlením pro takový vztah je vazba genů na jednom chromozomu nebo pleiotropie, čili působení jednoho genu na více vlastností. Genetické korelace mohou usnadnit nebo naopak ztížit šlechtění na více znaků najednou (Jakubec et al., 2001).

Z fenotypových hodnot jsou dále předpovídány plemenné hodnoty. Přímé zjištění plemenné hodnoty není možné, protože fenotypově měřitelné vlastnosti jsou výsledkem nejen genetických efektů aditivních, ale i efektů dominance, interakce a prostředí (Mrode et Thompson, 2005).

Plemenná hodnota jedince se rovná součtu průměrných účinků genů nalézajících se u jedince a lze ji také určit jako genetickou hodnotu daného jedince, posuzovanou průměrnou genotypovou hodnotou jeho potomstva. Někdy bývá označována jako genotyp podmíněn aditivním působením genů (Falconer et Mackay, 1996).

## 2. 5. Statistické modely

Vzhledem ke složitosti celého problému, dochází v praxi k zjednodušování a řešení pomocí statistických modelů, které se snaží skutečnosti co nejvíce přiblížit. Jak bylo řečeno výše, na fenotypové hodnotě se kromě genetického založení podílí i prostředí, proto je třeba fenotypové hodnoty od efektů prostředí očistit, čehož lze docílit právě použitím statistických modelů.

Obecný postup předpovědi plemenných hodnot spočívá v sestavení rovnice, která popisuje genetické (náhodné) a negenetické (náhodné a fixní) efekty ovlivňující užitkovost (Mrode, 1996):

$$Y = Xb + Za + e \quad (5)$$

- kde
- $Y$  je vektor naměřených hodnot
  - $X, Z$  jsou matice plánů pokusu pevných a náhodných efektů
  - $b$  je odhadovaný neznámý vektor pevných efektů
  - $a$  je odhadovaný neznámý vektor náhodných efektů
  - $e$  je neznámý vektor náhodné nekontrolovatelné chyby naměřených hodnot

Na základě výše uvedené modelové rovnice je sestavena soustava normálních rovnic, pomocí které jsou odhadnuty pevné a náhodné efekty:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + H^{-1} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} b \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (6)$$

kde  $H = G \otimes A$  ( $\otimes$  přímé násobení matic)

$G$  je kovarianční matice náhodných efektů (genetická)

$A$  je matice korelací mezi úrovněmi náhodných efektů (matice příbuznosti), pokud nejsou tyto úrovně nezávislé

$R^{-1}$  zbytková kovarianční matice veličin (e).

Přímá inverze matice soustavy mnohdy není možná, proto se používá zobecněná inverze:

$$\begin{bmatrix} C \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + H^{-1} \end{bmatrix}^{-} \quad (7)$$

Z výše uvedeného vyplývá odhad pevných a náhodných efektů:

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (8)$$

Uvedené matice a vektory mohou být rozděleny na jednotlivé bloky pro více efektů a více souběžně hodnocených vlastností (Příbyl et Příbylová, 2008).

### BLUP

Nejrozšířenější metodou pro hodnocení genetického založení hospodářských zvířat se stala metoda BLUP – Best Linear Unbiased Prediction, konkrétně BLUP-Animal Model. Podstatou metody BLUP je současná předpověď plemenných hodnot (náhodných efektů) a efektů prostředí v jednom kroku pomocí lineárních modelů se smíšenými efekty. Při metodě BLUP-AM se využívají příbuzenské vztahy mezi jedinci (Mrode, 1996) a zároveň se využívají veškeré zdroje informací: vlastní užitkovost/výkonnost, užitkovost/výkonnost předků, potomků i ostatních příbuzných (Grosu et al., 2013)

Animal model byl poprvé použit v roce 1989, ale teoreticky byl znám již od roku 1949 (Henderson, 1950). Nicméně dříve nebyl použit vzhledem k nedostatečným možnostem tehdejších počítačů vypořádat se s takovým množstvím rovnic. Se zvýšením jejich rychlosti a paměti začaly být statistické modely realističtější a také komplexnější.

BLUP Animal model je statistická metoda, která využívá jedno nebo více pozorování na zvíře a dále všechny efekty ovlivňující tato pozorování. Tato metoda přímo odhaduje aditivně genetické založení jedince. Tento aditivní genetický efekt je brán jako náhodná proměnná s předpokládanou hodnotou 0 a kovarianční maticí A (aditivní genetická matice příbuznosti). Předpokladem je, že daný znak je ovlivněn neurčitým množstvím genů s malým účinkem (Mrode, 1996).

### REML

Pro předpověď plemenné hodnoty je nejprve třeba stanovit vstupní genetické parametry – komponenty rozptylu, které se dnes všeobecně stanoví metodou REML (Residual/Restricted Maximum Likelihood), (Hartley et Rao, 1967). Při výpočtu dochází k transformaci dat takovým způsobem, že se vyloučí fixní efekty a variance se odhaduje ze zbývajících hodnoty (Mrode et Thompson, 2005).

### GIBBS

Další metodou pro stanovení genetických parametrů je Gibbs sampling využívající principy Bayesovského přístupu. Jedná se o speciální případ metody Monte Carlo Markov Chain (Mrode et Thompson, 2005). U Gibbs samplingu lze pomocí střídavého generování hodnot jednotlivých parametrů z podmíněných rozdělání docílit výběru odpovídajícího požadovanému sdruženému rozdělání všech odhadovaných parametrů (Hebák et al., 2013).

### Multiple trait model

V reálných chovatelských podmínkách je selekce většinou zaměřena na více vlastností. Mezi těmito vlastnostmi mohou existovat fenotypové ale i genetické korelace. Víceznaková analýza neboli multiple trait model využívá těchto vztahů mezi znaky (Mrode, 1996). Při odhadu genetických parametrů pro více znaků najednou dochází ke zvýšení přesnosti odhadu a následně i ke zvýšení přesnosti předpovědi. Zejména u znaků s nízkými dědivostmi je



výhodné použití víceznakových modelů, a dále tam, kde pro některé znaky u některých jedinců nejsou informace dostupné (Grosu et al., 2013).

### Modely pro měření opakovaná v čase

Existuje-li určitá časová posloupnost v pozorování nějakého znaku, např. váha v různém stáří zvířete nebo množství nadojeného mléka v průběhu laktace, hovoří se o tzv. „longitudinal data“ (Grosu et al., 2013). Nicméně místo času může být dané pozorování spojeno např. se stupněm dospělosti nebo s váhou. Takovým znakem může být např. tloušťka vrstvy podkožního tuku, která je závislá na růstu celého těla (Milerski, 2005). Je-li takovýto pozorování více, je pro jejich hodnocení vhodné využít modelů s opakovatelností nebo regresních modelů.

#### Model s opakovatelností

Velmi často je možné se setkat s několika pozorováními na jednom zvířeti, ať už v průběhu nějaké doby, nebo v jednom čase ale na různých místech těla. Pokud stále hovoříme, že se jedná o jeden znak (např. plodnost), používá se k vyhodnocení model s opakovatelností. Jedná se o jednoznakový animal model rozšířený o efekt trvalého prostředí daného zvířete (Grosu et al., 2013). Efekt trvalého prostředí je soubor negenetických vlivů, které ovlivňují užitkovost daného zvířete po celý jeho život. Může být pozitivní či negativní (Jakubec et al., 1999). Tento efekt se využívá pro stanovení koeficientu opakovatelnosti pro danou vlastnost (rovnice 3).

#### Model s náhodnou regresí, test day model

Některá měření, která jsou zaznamenávána opakovaně v čase, však nejsou analyzována pomocí modelu s opakovatelností, nýbrž je na ně nahlíženo jako na korelované vlastnosti (Mrode, 1996). Vhodný model by pak měl zohledňovat změnu v čase či s věkem. Model s náhodnou regresí odhadne pro každé zvíře jeho vlastní křivku pro danou užitkovost (např. produkce mléka za laktaci, hmotnost od narození do dospělosti) a je tedy možné provádět selekci k cílené změně tvaru křivky (Grosu et al., 2013).

### Prahový model

Prahové modely byly navrženy a aplikovány ve šlechtění zvířat na data s diskretními hodnotami (Misztal et al., 1989). Znaky, které jsou subjektivně hodnocené, nebo znaky, které jsou již ze své podstaty nespojité (např. znaky vyjádřené pomocí lineárního popisu nebo četnost vrhu), by neměly být dle Gianola (1982) analyzovány lineárním modelem, nýbrž modelem prahovým. Nicméně i prahové modely usuzují na normální rozdělení a určitou kontinuitu škály sledovaného znaku. Mnohé pozdější studie tedy dávají přednost použití lineárních modelů ignorující fakt, že data nevykazují spojitost ani normální rozdělení. Zejména jedná-li se o znak se čtyřmi a více kategoriemi, je při porovnávání žebříčků plemeníků z obou modelů obvykle dosahováno velmi vysokých korelací (Ramirez-Valverde et al., 2001; Lee et al., 2002). Nicméně tak může dojít ke zkreslení výsledků testů hypotéz. Prahový model obvykle vede k vyšším odhadům heritability (Matos et al., 1997; Veselá et al., 2011). Luo et al. (2001) však upozorňuje na to, že konvergence bývá u prahových modelů problematická a tak mohou být genetické parametry nadhodnoceny.

## **2. 6. Výběr vhodného modelu**

### Výběr efektů

Jednou z nejdůležitějších podmínek klasického lineárního modelu je předpoklad, že závislou proměnnou  $y$  lze vyjádřit jako součet lineární funkce  $j$  vysvětlujících proměnných  $x_1, x_2, x_3, \dots, x_j$  a nepozorovatelné (nepodchytitelné) náhodné složky  $e$  (Hebák et al., 2013). Z hlediska šlechtění zvířat je možné se setkat s tzv. efekty systematickými a n systematickými (Jakubec et al., 1999). Nesystematické efekty působí na jednotlivá zvířata obvykle krátkodobě a nejsou podchytitelné. Nelze u nich tedy určit ani velikost ani směr působení a tudíž je ani nelze eliminovat či vyčíslit (např. krátkodobé onemocnění, počasí v den bahnění, nerovnoměrnost živin v krmivu, atd.). Systematické efekty působí na celou skupinu zvířat a lze je eliminovat buď standardizací podmínek (např. odchov v testačních stanicích) nebo pomocí výpočetních postupů. Systematické efekty se mohou dále dělit na vnější (vlivy stanoviště – země, oblasti, stáda; rok, roční období, systém chovu, výživa, atd.) a vnitřní (věk, pohlaví, četnost vrhu, pořadí laktace, atd.). Z hlediska zařazování efektů, ať již vnitřních či vnějších, do modelové

rovnice je důležité si uvědomovat biologické příčinné souvislosti a ne jen hledat matematické závislosti bez kauzality (Jakubec et al., 2010).

### Hodnocení modelů

Statistický význam zvoleného modelu hodnocení lze posoudit F-testem:

$$F = \frac{SS_R / r(\mathbf{X})}{SS_E / (N - r(\mathbf{X}))} \quad (9)$$

kde  $SS_R$ ,  $SS_E$  jsou součty čtverců pro efekty v modelu a pro náhodné chyby  
 $N$  je celkový počet naměřených hodnot  
 $r(\mathbf{X})$  je hodnota matice ( $\mathbf{X}$ ).

Tento způsob posouzení je vhodný při porovnávání modelů pouze s pevnými efekty. Jsou-li v modelu zahrnuty i efekty náhodné, je použití F-testu pouze přibližné (Příbyl et Příbylová, 2008).

Pro posouzení smíšených modelů s fixními i náhodnými efekty je používáno několik kritérií, např. upravený koeficient determinace, odchylka součtu čtverců, Mallowovo  $C(p)$  nebo informační kritéria AIC, BIC, DIC aj. (Hebák et al., 2013). Možné je i porovnání modelů přímo na základě hodnoty logaritmu věrohodnostní funkce bez jakékoliv korekce, případně na základě hodnoty  $-2\ln(y)$ , (Příbyl et Příbylová, 2008).

Také spolehlivosti odhadu plemenné hodnoty lze použít k posouzení vhodnosti modelu. Ta vyplývá z údajů v řešené soustavě rovnic (Příbyl et Příbylová, 2008):

$$r_i^2 = a_{ii} - \frac{c_{ii}}{h_{ii}} \quad (10)$$

kde  $a_{ii}$  je diagonální prvek matice příbuznosti ( $\mathbf{A}$ )  
 $c_{ii}$  je příslušný diagonální prvek matice ( $\mathbf{C}$ )  
 $h_{ii}$  je diagonální prvek genetické kovarianční matice ( $\mathbf{H}$ ).

Jak Hebák et al. (2013) upozorňují, přes užitečnost mnohých statistických charakteristik, které jsou používány k hodnocení vhodnosti modelu, o samotném výběru modelu a o zařazení jednotlivých proměnných rozhoduje na prvním místě výzkumník a nikoli počítač. Je třeba nalézt vyvážení mezi snahou o co nejvěrnější popis reality a komplexní vystižení dat na jedné

straně a potřebou relativně jednoduchého modelu na straně druhé. Kromě toho se také může stát, že ne pouze jeden model bude ten nejvhodnější. Pak je pouze na lidském uvážení, který z modelů bude upřednostněn.

## 2. 7. Odhad genetických parametrů u ovcí

Přesná předpověď plemenných hodnot, jako genetických odchylek hodnot vlastností konkrétních jedinců od průměru populace, je důležitou součástí šlechtitelského programu, protože genetický zisk po selekci závisí na správném určení jedinců s nejvyšší plemennou hodnotou (Mrode, 1996).

Šlechtitelské cíle v chovu ovcí se stávají stále složitějšími. Zjednodušené cíle zaměřené jen na jednu vlastnost jako např. tělesnou hmotnost, výšku hřbetního svalu nebo hmotnost vlny nejsou již pro mnoho chovatelů dostačující (Safari et al, 2005). Rostoucí ekonomická hodnota masa oproti vlně a zvýšení významu jehněčího a skopového masa a produkce mléka v uplynulých letech znamená, že více vlastností přispívá k celkovému cíli a zisku mnoha chovatelů. Také význam reprodukčních vlastností roste se zvyšující se ekonomickou hodnotou masa (Krupová et al, 2013).

### Masná užitkovost:

Jehněčí a skopové maso tvoří součást lidské diety na celém světě již značnou dobu (Banks, 1997). Masná užitkovost je dle Jakubce et al. (2001) představována vlastnostmi růstu, výkrmností, efektivního zužitkování krmiv, jatečnou hodnotou a kvalitou masa. Růst je dynamický biologický proces s poměrně obtížnou definicí. V chovu ovcí je nejčastěji hodnocen denními přírůstky mladých zvířat, které jsou v úzkém vztahu k tvorbě masa. Hmotnosti a přírůstky do odstavu jsou kombinací mateřských schopností a růstových schopností jehněte.

K posouzení růstových schopností lze použít hodnocení prováděná na živých zvířatech (Mandal et al. 2012; Zishiri et al., 2014) nebo hodnocení jatečně upravených těl (Mortimer et al., 2014). Koeficienty dědivosti odhadované pro vlastnosti po porážce jsou obecně vyšší než pro vlastnosti měřené na živých zvířatech (Safari et al., 2005). Krom běžného vážení a měření mohou být využívány také moderní technologie jako ultrazvuk a počítačová tomografie (CT)

(Maxa et al., 2007; Maximini et al., 2012) nebo technika “Video Image Analysis” (Rius-Vilarrasa et al., 2009).

Komponenty rozptylu z vážení ovcí mohou být odhadnuty pomocí jednoznakových nebo víceznakových modelů (Gorjanc et al., 2009; Mandal et al., 2012). Je-li k dispozici více po sobě jdoucích měřeních, je vhodné použít modely s náhodnou regresí (Kariuki et al., 2010; Wolc et al., 2011). Wolc et al. (2011) udává, že vliv přímého genetického efektu na sledovanou vlastnost má tendenci se zvyšovat s věkem jedince, zatímco maternální vliv se s věkem snižuje. Vliv trvalého prostředí zůstává s časem relativně neměnný. Koeficienty dědivosti pro růstové schopnosti nabývají hodnot od 0,15 – 0,41 (Safari et al., 2005). Safari et al. (2005) dále uvádějí, že koeficienty dědivosti pro hmotnost zvířete mají tendenci být vyšší u plemen ovcí vlnářských než u kombinovaných a masných plemen. Hloubka hřbetních svalů (*longissimus dorsi*) a tloušťka podkožní vrstvy tuku se obvykle sleduje jen u masných plemen ovcí (Maxa et al., 2007; Maximini et al., 2012) a jsou středně dědivé (Safari et al., 2004). Rovněž znaky kvality masa jako je barva, křehkost, obsah minerálů a intramuskulární tuk jsou obecně středně dědivé (Mortimer et al. 2014).

#### Mléčná užitkovost:

V České republice hraje produkce ovčího mléka při porovnání s masnou užitkovostí druhořadou úlohu. Nicméně poptávka po výrobcích z něj a s tím i počet dojených ovcí u nás v posledních letech stále stoupá (Bucek et al., 2015). Ovčí mléko je nejčastěji zpracováváno na specifické vysoce kvalitní sýry s vysokým obsahem tuku. Proto se vedle množství nadojeného mléka obvykle sleduje i množství a/nebo podíl tuku a bílkovin (Barillet, 1997).

Plemenné hodnoty pro znaky mléčné užitkovosti jsou nejčastěji odhadovány pomocí test-day modelu (Bauer et al., 2012; Komprej et al., 2012; Komprej et al., 2013), protože očišťuje vlivy prostředí v průběhu laktace přesněji než dříve používaný laktační model (Bauer et al., 2012). Zjišťována může být i celoživotní produkce (Gorjanc et al., 2009).

Do rovnice bývají zahrnuty efekty: počet dní laktace, den kontroly (obvykle v interakci s efektem stáda), pořadí laktace, věk při bahnění, četnost vrhu a počet jehňat při odstavu, efekt jedince a trvalého prostředí (Bauer et al., 2012). Dalšími zdroji variability mohou být měsíc bahnění a mezidobí (Carta et al., 2009). Efekt počtu odchovaných jehňat byl průkazný jen u plemen s nízkou úrovní produkce. U vysoko produkčních plemen byl pozorován pozitivní efekt dvojčat pouze při prvním kontrolním dni (Carta et al., 2009).

Dědivosti jsou nízké až střední pro celkové množství mléka, tuku a bílkovin (Komprej et al., 2009; Bauer et al., 2012; Dimov, 2013) a vysoké pro procenta tuku a bílkovin (Pelmus et al., 2014). Podobně jako u skotu jsou i zde pozorovány negativní korelace mezi množstvím nadojeného mléka a procentickým zastoupením složek (Barillet, 1997).

#### Vlna:

Vlna je tradiční surovina s řadou specifických vlastností, pro které si zachovává nezastupitelné místo v textilním průmyslu (Horák et al., 2004). Vlna není homogenním produktem, lze pozorovat značnou variabilitu mezi plemeny a to ve všech charakteristikách a tím i v jejím konečném využití. Můžeme se setkat s vlnou velmi jemnou, s tenkým vlasem, vhodnou ke spřádání. Na druhou stranu jsou plemena hrubovlnná, jejichž vlna je používána na výrobu koberců, případně izolací (Atkins, 1997).

Hmotnost potní a čisté vlny, jemnost, délka nebo pevnost vlasu při první nebo následných střížích se hodnotí zejména u ovcí merinových plemen (Ciappesoni et al., 2013; Di et al., 2014) a romney (Wuliji et al., 2011; Scobie et al., 2012). Tyto znaky jsou středně až vysoce dědivé. Vzhledem k tržním cenám vlny má její produkce v posledních letech velmi nízký ekonomický význam (Krupova et al., 2009) a v České Republice se pro ni plemenná hodnota nepředpovídá.

#### Reprodukce:

Plodnost patří k nejdůležitějším užitkovým vlastnostem všech hospodářských zvířat. Dobrá reprodukční schopnost je základním předpokladem efektivní produkce nejen jehněčího masa, je důležitá i v chovu ovcí dojných i vlnářských. Zároveň můžeme tvrdit, že plodnost je ze všech vlastností asi nejvíce ovlivňována přírodní selekcí. Je to vlastně komplexní znak, který se dle Jakubce a kol. (2001) v podstatě skládá z následujících složek:

- aktivace fyziologických funkcí reprodukčních orgánů (nastoupení pohlavní zralosti)
- schopnost samičího jedince zabřeznout, březost udržet a úspěšně ji ukončit porodem životaschopného potomka
- schopnost samčího jedince připuštění samice a oplození vajíčka
- schopnost odchovat potomky
- obnovení reprodukčních schopností po porodu

K tomu je vhodné ještě připočíst schopnost samotného plodu se vyvíjet a růst.

Ze všech znaků reprodukce bývá četnost vrhu (počet všech jehňat narozených ve vrhu) nejčastěji využívaným selekčním kritériem (Rao et Notter, 2000). Dalšími znaky sledovanými v rámci reprodukce mohou být počet ovulovaných vajíček, počet jehňat živě narozených, počet odchovaných jehňat, váha celého vrhu, mateřské vlastnosti bahnice, přežitelnost jehňat. Četnost vrhu má velký vliv na celkovou váhu všech odchovaných jehňat na bahnici. Podle řady studií má zlepšení reprodukčních znaků vyšší ekonomický význam než zvýšení denního přírůstku (Wang et Dickerson, 1991; Wolfová et al., 2011a; Wolfová et al., 2011b).

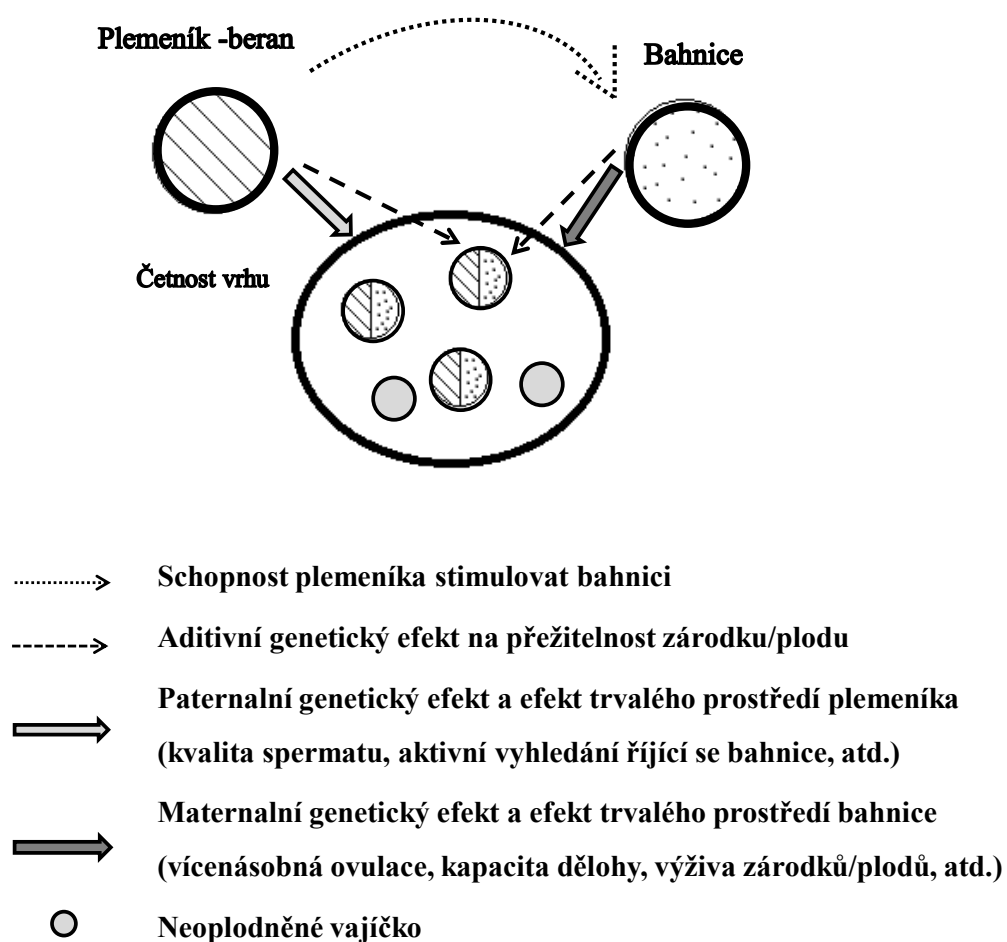
Přímá selekce na jednotlivé reprodukční znaky je limitována nízkou dědivostí, částečně díky diskrétnímu rozdělení hodnot, kterých četnost vrhu nabývá (Hill, 1985) a díky tomu je nízký genetický zisk. Fogarty (1995) a Safari et al. (2005) shodně uvádějí, že průměrná dědivost odhadována pro četnost vrhu je 0,1, ale vysoký variační koeficient naznačuje potenciál pro genetické zlepšování. Selektce na četnost vrhu je zahrnuta v mnoha selekčních programech po celém světě (Hulet et al., 1984; Hanford et al., 2002; Maxa et al. 2007), v některých případech dokonce jako hlavní šlechtitelský cíl (Matos et al., 1997; Boujenane et al., 2013). Vzhledem k nízké dědivosti četnosti vrhu je vhodné pro odhad plemenných hodnot pro tento znak využít co největšího počtu informací o užitkovosti vlastní i příbuzných jedinců pomocí metody BLUP Animal Model. Genetické parametry se obvykle odhadují pomocí modelů s opakovatelností (Safari et al., 2005) a to buď lineárních (Mohammadi et al., 2012; Boujenane et al., 2013; Schmidová et al., 2014) nebo prahových (Mohammadi et al., 2012). Nejčastějšími pevnými efekty jsou věk bahnice, stádo, rok a období bahnění. Věk může být kombinován s pořadím bahnění (Škorput et al., 2011), tyto dva efekty jsou však u některých plemen vysoce korelovány (Schmidová et al., 2014). Dědivosti pro četnost vrhu se pohybuje v rozmezí od 0,04 do 0,14 (Maxa et al., 2007; Rashidi et al., 2011; Mohammadi et al., 2012;) s tím, že se liší mezi plemeny (Schmidová et al., 2014). Pro ostatní reprodukční znaky jsou koeficienty dědivosti odhadovány v podobném rozmezí (Mohammadi et al., 2012; Boujenane et al., 2013).

### Reprodukce – samčí podíl

Četnost vrhu případně počet odchovaných jehňat se tradičně posuzuje jako znak bahnice. Nicméně, jak je zmíněno výše, plodnost je komplexní znak, a tudíž je předpoklad, že má na četnost vrhu vliv i plemeník – beran (obr. 1).

Plemeník může ovlivnit oplození vajíček a následně i přežitelnost embryí/plodů. Toto může být způsobeno chováním před a při páření (Perkins et al. 1992), sociálními vztahy mezi zvířaty (Rosa et Bryant, 2002), dále kvalitou spermatu a počtem a kvalitou spermií (motilita, schopnost kapacity) a nakonec i samotným genetickým příspěvkem k životaschopnosti potomků (van der Lende et al., 1999). Vážné potíže mohou nastat v případech, kdy plemeník trpí dlouhodobějšími zdravotními problémy, jako například hnilobou paznehtů (Shorten et al., 2013). Plemeník, který je aktivní, s kvalitním spermatem a působí ve stádě s přiměřeným množstvím bahnic, má v porovnání s ostatními berany vyšší šanci oplodnit všechna ovulovaná vajíčka všech samic.

**Obr. 1** Efekt plemeníka a bahnice na četnost vrhu





Přežitelnost jehňat

Ekonomika produkce jehněčího masa je však ovlivněna nejen četností vrhu, ale zejména počtem odchovaných jehňat. V úvahu je třeba také brát přežitelnost jehňat, a to jednak jako znak jedince, tak i jako mateřský znak plodnosti (Vostry et Milerski, 2013). Koeficienty dědivosti pro přežitelnost jsou v rozmezí od 0,01 do 0,13 pro přímý efekt a dědivost pro maternální efekt se pohybuje v rozmezí od 0,01 do 0,07 (Maxa et al., 2009; Vatankhah et Talebi, 2009; Hatcher et al., 2010; Vostry et Milerski, 2013).

Genetické korelace mezi přímým a maternálním efektem pro přežitelnost do 24 hodin po narození byly negativní (Maxa et al., 2009; Vostry et Milerski, 2013), což může výrazně omezit možnost využití tohoto znaku ve šlechtitelském programu.

**2. 8. Předpověď plemenných hodnot u ovcí v ČR**

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). U dojených ovcí je hlavní sledovanou vlastností mléčná užitkovost (Bauer et al., 2012).

V ČR je u ovcí součástí hodnocení plemenných zvířat předpověď plemenných hodnot od roku 2002. Plemenné hodnoty jsou předpovídány pro následující plemena ovcí: cigája, charollais, merino, merinolandschaf, německá černošedá o., německá dlouhovlnná o., olkuská o., oxford down, romanovská o., romney, šumavská o., suffolk, texel, valašská o., východofříská o., zušlechtěná valaška a zwartbles (Rada plemenných knih ovcí, 2007), v poslední době i pro clun forest, vřesovou ovcí a berrichone du Cher (Milerski, 1. 9. 2016, pers. comm.).

Plemenné hodnoty jsou předpovídány metodou BLUP Animal Model (Milerski, 2005) pro vlastnosti:

- četnost vrhu (vyjádření v % plodnosti na obahněnou ovcí)
- hmotnost jehněte ve 100 dnech (kg) – přímý genetický vliv, maternální genetický vliv

U masných plemen a u kombinovaného plemene romney ještě navíc:

- hloubka hřbetních svalů měřená ultrazvukem (mm)
- tloušťka vrstvy podkožního tuku a kůže (mm)

V roce 2011 byla u dojných plemen zahrnuta do genetického hodnocení zvířat i předpověď plemenných hodnot pro ukazatele mléčné užitkovosti: produkci mléka v kg, obsahy tuku a bílkovin v mléce v % a produkci mléčného tuku a bílkovin v kg (Bauer et Milerski, 2012).

Předpověď plemenné hodnoty je prováděn pomocí multibreed BLUP animal modelu, což znamená, že se vyhodnocují vlastnosti souběžně pro všechna plemena.

Vlastní postup při předpovědi plemenných hodnot u ovcí v ČR, použité modelové rovnice:

- Hmotnost = sdružený efekt stáda, roku a období + plemenná skupina + věk matky + četnost vrhu + pohlaví + trvalé prostředí matky + matka + genetický aditivní vliv + reziduum (10)
- Plodnost = sdružený efekt stáda, roku a období + plemenná skupina + věk bahnice + trvalé prostředí bahnice + genetický aditivní vliv + reziduum (11)
- Mléčná užitkovost = rok a měsíc kontroly x chov + pořadí laktace x chov + den laktace x chov + trvalé prostředí + genetický aditivní vliv + reziduum (12)

Plemenné hodnoty pro hloubku hřbetních svalů a tloušťku vrstvy podkožního tuku jsou předpovídány pomocí dvouznakového Animal Modelu. Pro předpověď jsou používány dvě modelové rovnice – s regresí na hmotnost v době měření a bez ní, plemenné hodnoty jsou průměrem plemenných hodnot odhadnutých podle modelů:

- Model1: Ultrazvuková měření = sdružený efekt stáda, roku a období + plemenná skupina + věk matky + číslo vrhu + pohlaví + věk + hmotnost<sup>2</sup> + hmotnost + genetický aditivní vliv + reziduum (13)
- Model2: Ultrazvuková měření = sdružený efekt stáda, roku a období + plemenná skupina + věk matky + číslo vrhu + pohlaví + věk + genetický aditivní vliv + reziduum (14)

V ČR jsou touto metodou plemenné hodnoty pro četnost vrhu u ovcí předpovídány 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. Pro odhad použili jednoznakový model s opakovatelností a to pro každé plemeno zvlášť. Hagger (2002) porovnával ve své studii čtyři švýcarská plemena. Při odhadu komponent rozptylu však rozdělil velikost vrhu na tři znaky, a to dle pořadí vrhu (první, druhé a třetí) a k odhadu komponent rozptylu použil víceznakový model. 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 koeficienti 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).

### **3. Vědecká hypotéza**

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

## 4. Cíle práce

Cílem práce byl u vybraných plemen a sledované užitkové vlastnosti:

- Výběr vhodného modelu pro odhad genetických parametrů a předpověď PH
- Odhad populačně-genetických parametrů pro jednotlivá plemena
- Předpověď plemenné hodnoty

### 4. 1. Rámcový přístup k naplnění cílů

- 1) Rozbor dostupných databází u ovcí - rozbor získaných údajů z kontroly užitkovosti, stanovení základních statistických charakteristik, očištění od dat, která jsou nevěrohodná, vytvoření vhodných skupin pevných efektů
- 2) Vyhodnocení dostupných databází u vybraných plemen ovcí
  - a) návrh a otestování vhodných modelových rovnic - sestavení modelových rovnic na základě dostupné literatury, významnosti jednotlivých efektů a koeficientu determinace, porovnání různých informačních hledisek (AIC, BIC, DIC – podle zvolené metody odhadu)
  - b) odhad genetických parametrů – na základě vybraných modelových rovnic
  - c) předpověď plemenných hodnot – s použitím nově odhadnutých genetických parametrů
  - d) sestavení žebříčku zvířat – stanovení nového pořadí jedinců

## 5. Sumární diskuze

Vzhledem k tomu, jak se rozvinula kontrola užitkovosti ovcí v ČR a vzhledem k tomu, že se každá populace vyvíjí a mění se i podmínky chovu, je nutné opětovně stanovovat genetické parametry a případně aktualizovat nové modelové rovnice. Řešení dílčích částí spočívalo především v navržení, úpravách a vyhodnocení databází kontroly užitkovosti pomocí programů pracujících s metodami a algoritmy kvantitativní genetiky.

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. Pro samotný odhad komponent rozptylu byla rovnice rozšířena o efekt trvalého prostředí bahnice a aditivní genetický efekt. 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. V dalších studiích byly zkoumány vlivy spojené s plemeníky, jako je harém, trvalé prostředí berana a/nebo přímo jejich aditivní genetický efekt.

Vzhledem ke skutečnosti, že četnost vrhu je znak diskretní, by se mohlo zdát, že pro jeho vyhodnocení bude vhodnější použití prahového modelu. Nicméně vzhledem k závěrům v úvodu uvedených studií (problematická konvergence, riziko nadhodnocení genetických parametrů a zejména velmi podobné seřazení jedinců v žebříčku při hodnocení znaku o čtyřech a více stupních), byl proveden odhad genetických parametrů pomocí lineárního modelu.

### 5. 1. Popisná statistika

Analyzovány byly údaje z databází poskytnutých Svazem chovatelů ovcí a koz. V prvotní analýze zaznamenávali 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.

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 bahnícemi nebyla do odhadů komponent rozptylu zařazena (Schmidová et al., 2014, příloha II.). Takto upravená databáze obsahovala údaje o 143 896 bahnění. Za sledované období bylo získáno nejvíce údajů od bahníc plemene suffolk (13202 bahníc, 38442 bahnění). Druhým nejvíce zastoupeným plemenem v kontrole užítkovosti je šumavská ovce (9908 bahníc, 34075 zaznamenaných bahnění), dále plemeno romney (7195 bahníc, 24276 bahnění), merinolandschaf (5679 bahníc, 18048 bahnění), charollais (5129 bahníc, 14372 bahnění), ovce romanovská (2775 bahníc, 7750 bahnění) a texel (2427 bahníc, 6933 bahnění). Byly spočítány průměry, směrodatné odchylky, variační koeficienty a maximální počet jehňat narozených ve vrhu pro jednotlivá plemena. Průměrný počet jehňat ve vrhu se pohybuje v rozmezí od 1,32 u šumavky do 2,49 u ovce romanovské, u které byl také zaznamenán nejvyšší maximální počet jehňat ve vrhu (7). V dalších analýzách zaměřených na vliv plemeníka na četnost vrhu byla databáze rozšířena do roku 2013. Wolfová et al. (2011a) zaznamenali na území ČR u plemen merinolandschaf, romney, šumavská a romanovská podobné průměrné hodnoty četnosti vrhu: 1,41; 1,51; 1,30; 2,48. Odpovídající výsledky jsou prezentovány i v dalších studiích, např.: 2,34 romanovská ovce (Maria et Ascaso, 1999), 1,95 suffolk (Rao et Notter, 2000), 1,48 suffolk a 1,38 texel (Maxa et al., 2007). Variabilita četnosti vrhu znázorněná pomocí směrodatné odchylky (s) byla podle očekávání vyšší u plemen s vyšší průměrnou plodností, variační koeficient (V%) byl u všech plemen velmi podobný a pohyboval se v rozmezí hodnot od 36,6% do 38,8%.

## 5. 2. Věk bahnice

Metodami GLM v programu SAS byl zkoumán vliv efektů věk bahnice, pořadí vrhu, měsíc bahnění, rok bahnění, délka mezidobí, chov, skupina společně se bahnících bahníc (CG). Byla zjištěna silná korelace mezi věkem matky a pořadím vrhu, která se pohybovala od 0,795 u plemene romney do 0,868 u plemene suffolk, což odpovídá převládajícímu systému jednoho

bahnění za rok. Pro odhad genetických parametrů byl vybrán efekt věku bahnice při bahnění jako pevný efekt a CG jako efekt náhodný. Ostatní efekty vykazovaly multikolinearitu nebo vysvětlily jen nepatrnou část variability. Protože byly u většiny plemen shledány průkazné rozdíly mezi velikostí vrhu u ročních bahnic (19-30 měsíců staré) bahnících se poprvé (1,42; 1,36; 1,30; 2,38 jehněte na ročku-prvorodičku u CH; K; ML; R a stejně starých bahnic bahnících se podruhé 1,53; 1,51; 1,35; 2,53), byla tato věková skupina rozdělena na dvě skupiny i pro účel odhadu genetických parametrů. Schopnost multiparních samic produkovat větší vrhy je mimo jiné ovlivněna věkem a předchozími reprodukčními zkušenostmi (Maria a Ascaso, 1999; Kasap et al., 2013).

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 (0,38 v Schmidová et al., 2014, příloha II.). 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. Škorput et al. (2011) dále porovnávali využití dvouznakového modelu, znak četnost vrhu byl rozdělen na četnost vrhu při prvním bahnění a četnost vrhu při následujících bahněních. Korelace mezi takto získanými plemennými hodnotami a plemennými hodnotami předpovězenými jednoznakovým modelem byly vyšší než 0,97. Tudíž lze znak četnost vrhu při prvním nebo následujícími bahněními označit za jeden znak. Hagger (2002) došel k podobným závěrům, když porovnával genetické korelace mezi velikostí vrhu při prvních třech bahněních.

### **5. 3. Sdružený efekt stáda-roku-období (CG)**

V předkládaných studiích byl efekt CG sestaven jako skupina bahnic obahněných v jednom stádě v daném roce v období 40 dnů, kdy je předpoklad, že bahnění i zapuštění bahnic uvnitř CG proběhlo za podobných podmínek. Podobně sestavili CG i Rao et Notter (2000), pouze daný interval byl kratší, a to 30 dní. Hagger (2002) ošetřil CG jako stádo x rok. Aby mohl využít i informací od malých stád, sloučil dva roky dohromady. Henderson (1973) poukazuje na to, že pokud se CG ošetří jako fixní efekt, může dojít ke splynutí genetické variance s variancí způsobenou CG. Ugarte et al. (1992) navrhli ošetření CG jako náhodného



efektu při nenáhodném rozdělení plemenů napříč skupinami. Vzhledem ke struktuře dat a situaci v chovu ovcí byl efekt stáda-roku-období bahnění ošetřen jako náhodný efekt.

#### 5. 4. Odhad genetických parametrů pro četnost vrhu jako znaku bahnice

V současné době se v ČR předpovídají plemenné hodnoty pro četnost vrhu na základě genetických parametrů z roku 2003 pro 19 plemen. Pro vícečetná plemena samostatně, pro méněčetná v rámci skupin plemen spolu s početnějšími plemeny. Nicméně komponenty rozptylu využitě pro odhad plemenných hodnot jsou jednotné pro všechna plemena ( $h^2=0,11$ ), (Milerski, 2005).

Ve studii Schmidová et al. (2014), příloha II., byly publikovány komponenty rozptylu a genetické parametry pro velikost vrhu odhadnuté pomocí modelu s opakovatelností pro každé ze sedmi plemen zvlášť. Odhad fenotypové variance  $\sigma_p^2$  narůstal s průměrným počtem jehnat 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.

Maxa et al. (2007) uvádějí o něco nižší hodnoty pro plemena suffolk ( $h^2=0,04$ ) a texel ( $h^2=0,06$ ). Rao et Notter (2000) odhadli dědivost pro plemena targhee, suffolk a polypay 0,11; 0,09; 0,09. Přibližně stejnou dědivost u romanovské ovce jako v této studii ( $h^2=0,07$ ) odhadl i Maria (1995) a pro plemeno romney ( $h^2=0,07$ ) Davis et al. (1998). Pro merino byly v literatuře nalezeny podstatně vyšší koeficienty dědivosti, a to v rozmezí 0,19 – 0,23 (Olivier et al.; 2001) a  $h^2=0,23$  (Duguma et al.; 2002). Matos et al. (1997) odhadli dědivost pro plemena rambouillet a finská ovce 0,16 a 0,08 a opakovatelnost 0,21 a 0,11. Mohammadi et al. (2012) uvedli dědivost pro velikost vrhu u plemene makoei 0,11 a Rashidi et al. (2011) u plemene moghani 0,11.

Odhad komponenty rozptylu náležící efektu trvalého prostředí ( $\sigma_{pe}^2$ ) je nízký (0,0001 – 0,0262), tudíž se hodnoty opakovatelnosti od dědivosti příliš neliší. K podobnému výsledku došli i Rao et Notter (2000). Vyšší podíl variance trvalého prostředí na fenotypové varianci ( $c^2 = 0,05$ ) a opakovatelnost ( $w^2=0,16$ ) byly odhadnuty u ovcí moghani (Rashidi et al., 2011). Vysokou opakovatelnost ( $w^2=0,19$ ) oproti dědivosti ( $h^2=0,09$ ) uvádějí Boujenane et al. (2013)

u plemene D'man. Safari et al. (2005) uvádějí průměrný podíl trvalého prostředí  $c^2 = 0,04 \pm 0,01$  z porovnávání 15 studií, které využili modelu s opakovatelností. Dále poukazují na to, že efekt trvalého prostředí byl u reprodukčních znaků všeobecně nižší než přímý aditivní efekt s výjimkou embryonální přežitelnost a schopnosti bahnice odchovat jehňata.

Odhad komponent rozptylu ukazuje, že efekt stádo-rok-období (CG) má u většiny plemen (mimo ML a T) 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. Podobně Škorput et al. (2011) využili v modelu náhodný efekt stáda, který vysvětlil 10% variability. Hagger (2002) vysvětlil náhodným efektem stádo-rok 2,3 – 9,6 % variability. Většina ostatních autorů použila efekt stáda jako pevný.

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 RM ( $e^2 = 0,844$ ), nejméně pak u plemene R ( $e^2 = 0,723$ ).

### 5. 5. Vliv plemenika na četnost vrhu

Jak již bylo zmíněno, ve studiích Schmidová et al. (2015), příloha III., a Schmidová et al. (2016a,b), příloha IV., V., bylo cílem zkoumat a pokud možno odhadnout účinky faktorů působících během období připouštění (efekt plemenika - berana a efekt skupiny bahnic přiřazené jednomu plemeníkovi – harém) na následnou četnost vrhu. Byly navrženy modelové rovnice a zkoumány i z pohledu případného využití pro rutinní předpověď plemenných hodnot.

Zařazení efektu plemenného berana do modelové rovnice pro odhad genetických parametrů pro četnost vrhu používá jen několik málo autorů.

Shorten et al. (2013) uvádí, že trvalé prostředí matky a trvalé prostředí otce má přibližně stejný vliv na ztráty plodů v průběhu březosti. Hagger (2002) popisuje malý vliv plemenného berana na četnost vrhu u čtyř plemen, a to v rozmezí od 0,7% do 2,9% fenotypové variance. Další studie, ve které autoři navíc zahrnuli do modelové rovnice i věk plemenika, uvádí jeho podíl z fenotypové variance v rozmezí 0,01-0,02 (Bunter et Brown, 2013). Nicméně efekt plemenika na četnost vrhu byl v této studii neprůkazný. Zato jeho vliv na zabřezávání jehnic byl odhadnut na 0,23. Dále byly nalezeny zmínky o vlivu plemenika na zabřezávání a na

celkovou plodnost vztaženou ke všem bahnicím v reprodukci (Safari et al., 2007) a také na váhu celého vrhu (Mohammadi et al., 2012).

V předkládaných studiích (příloha III. - V.) byly navrženy různé možnosti hodnocení efektu plemeníka, včetně odhadu 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, u ovce romanovské na 0,05 – 0,10. 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).

Také sociální vztahy ve skupině zvířat jednoho druhu mohou ovlivnit reprodukční proces (Rosa et Bryant, 2002). U ovcí je například využívána stimulace bahnic pomocí náhlé přítomnosti berana v jejich blízkosti. To vede k aktivaci endokrinního systému a následné ovulaci. U vnímavých bahnic dochází k ovulaci během 50 hodin od prvního kontaktu s beranem (Martin et al., 1986). Dle Perkinse et al. (1992) berani s vysokým hodnocením pohlavního chování mohou zlepšit celkovou plodnost stáda. Chovatel určuje počet bahnic na jednoho plemeníka (velikost harému) a potažmo možnost včasného vyhledání říjící se bahnice, což může být dalším prvkem ovlivňující četnost vrhu.

## **5. 6. Korelace mezi plodností beranů a bahnic**

Coulter et Foote (1979) a Al-Shorepy et Notter (1996) uvádějí, že existuje určitý vztah mezi plodností krav respective bahnic a velikostí varlat jejich samčích předků. Tato spojitost mezi samčími a samičími znaky předpokládá, že existují určité geny, které ovlivňují rozhodující reprodukční mechanismy u obou pohlaví. Nicméně téměř nulové genetické korelace prezentované ve studii Schmidová et al.(2016a, příloha IV.) tento předpoklad nepotvrdily. Nepotvrdily to ani genetické korelace mezi plodností beranů a bahnic, která byla definována ve studii David et al.(2007) jako úspěšné/neúspěšné zabřeznutí po umělé inseminaci. Také Stellflug et Berardinelli (2002) popisují, že selekce na četnost vrhu nijak neovlivnila sexuální

chování samčích potomků. Ani Bench et al. (2001) nenašli rozdíl mezi počtem ovulovaných vajíček u dcer beranů s nízkým libidem a dcerami beranů s vysokou sexuální aktivitou. Jak uvádí Snowden et al. (2004), odhadované genetické korelace mezi pohlavní aktivitou a počtem narozených jehňat byla středně nízká u plemene columbia sheep ( $0.24 \pm 0.20$ ), ale u dalších tří plemen téměř nulová ( $-0.09$  to  $0.02$ ).

### 5. 7. Výběr vhodného modelu

Ve studii na populaci romanovských ovcí (Schmidová et al., 2016a, příloha IV.) 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,  $e^2=0,720$ ).

Toto však nebylo potvrzeno ve studiích na populaci ovcí šumavských (Schmidová et al., 2015, příloha III.) ani u populace suffolka (Schmidová et al., 2016b, příloha V.). 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.

Zahrnutí efektu berana do rovnice pouze jako náhodný efekt bez vazby na matici příbuznosti snížilo DIC ve studii na romanovských ovcích (Schmidová et al., 2016a, příloha IV.) z 10 775 (Model B) na 10 761 (Model R). Z osmi modelů, které zohledňovaly nějakou formu efektu plemeníka, vykazoval nejnižší 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, nejnižší podíl reziduální variance a ze zkoumaných modelů nejlépe zohledňuje genetické efekty i zdroje variability způsobené prostředím.

Stejný model byl ověřován i na populaci čistokrevného suffolka (Schmidova et al., 2016b, příloha V.), 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.

### **5. 8. 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, příloha IV.). Také David et al. (2007) uvádí vysoké korelace mezi plemennými hodnotami pro plodnost při použití různých modelů, a to od 0,90 do 0,99.

Poněkud překvapujícím se může zdát genetický trend u ovce romanovské (Schmidová et al., 2016a, příloha IV.), 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, příloha V.). 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 plemeníkům, kteří jsou z vícečetných vrhů.

## 6. Závěry

Tradiční šlechtitelské programy bývaly často zaměřeny především na zlepšení samotné užitkovosti. Ale pouhá selekce na produkční znaky může v konečném důsledku vést ke zhoršení znaků zdraví a reprodukce. Dnes jsou tedy mnohé šlechtitelské cíle zaměřeny na současné zlepšování jak znaků produkčních, tak funkčních. 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 meziplenné 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. Do nové generace přispívají polovinou svých genů oba rodiče. Nicméně z pohledu populace mají samci všeobecně mnohem větší vliv na genetickou změnu než samice. To je dáno poměrem pohlaví účastníků se páření. A protože je ve stádech používáno jen několik velmi kvalitních plemenů, je na ně vyvíjen mnohem větší selekční tlak než na bahnice. To ovšem také znamená, že pokud dojde k selhání plemene z hlediska reprodukce, má toto významný dopad na celkovou reprodukční výkonost stáda. Četnost vrhu je obecně považována 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 býti 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.

Při studiu jednotlivých efektů ovlivňujících četnost vrhu i při odhadu genetických parametrů pro tuto vlastnost byly použity přístupy klasické i Bayesovské statistiky. Z výsledků řešení dílčích studií lze stanovit následující závěry:

- a) Ze studia literatury vyplývá, že četnost vrhu neboli počet jehňat narozených na bahnici a jedno bahnění je znak, který je obecně považován za znak bahnice.
- b) Na základě informací z literatury, znalostí biologických zákonitostí reprodukce a pomocí statistických metod byl vybrán základní model zahrnující pevný efekt věku bahnice a dále náhodné efekty stádo-rok-období, trvalé prostředí bahnice a aditivní genetický efekt.

Byla zjištěna silná korelace mezi věkem matky a pořadím vrhu, což odpovídá převládajícímu systému jednoho bahnění za rok. Ostatní efekty vykazovaly multikolinearitu nebo vysvětlily jen nepatrnou část variability.

- c) Databáze, kterou poskytl Svaz chovatelů ovcí a koz, umožnila odhad genetických parametrů pro sedm nejpočetnějších plemen chovaných v České Republice, a tudíž lze potvrdit první hypotézu. Více než 75% ovcí v databázi kontroly užitkovosti se řadí k těmto sedmi plemenům: charollais, merinolandschaf, romanovská ovce, romney, suffolk, šumavská ovce a texel.

Odhad fenotypové variance narůstal s průměrným počtem jehňat ve vrhu. Podíl aditivního genetického efektu bahnice na variabilitě četnosti vrhu byl u jednotlivých plemen rozdílný, což je vhodné vzít do úvahy při genetickém hodnocení zvířat. Podíl vlivu společného prostředí působícího na skupinu zvířat bahnící se v jednom období byl u většiny plemen o něco vyšší než podíl aditivní genetické variance, což poukazuje na vyšší vliv rozdílnosti managementu chovů na proměnlivost četnosti vrhu. Tudíž lze usuzovat, že zlepšením podmínek chovu dojde ke zlepšení sledované užitkovosti. Výrazně nejvyšší podíl variability četnosti vrhu je podmíněn nekontrolovatelnými náhodnými vlivy.

d) Zařazení nových efektů souvisejících se zapouštěním bahnic (efekt plemeníka, trvalé prostředí plemeníka, harém) do modelu pro odhad genetických parametrů pro četnost vrhu je možné. Tyto rozšířené modely přesněji vystihují biologickou podstatu sledované vlastnosti a zpřesňují odhad.

Ve studii na populaci ovce romanovské došlo po zařazení těchto efektů k vysvětlení větší části celkové proměnlivosti a k poklesu DIC, tudíž je možné potvrdit druhou hypotézu.

e) Na základě výsledků analýzy komponent rozptylu byly odhadnuty plemenné hodnoty. Korelace mezi plemennými hodnotami předpovězenými pomocí základního modelu a pomocí modelů různým způsobem zohledňujících vliv plemeníka byly vysoké, zahrnutí efektu plemeníka a harému do modelu nepatrně ovlivnilo pořadí zvířat v žebříčku sestaveném dle maternálních plemenných hodnot.

f) Genetický trend, určený jako průměr plemenných hodnot dle roku narození zvířat, je pozitivní, a to jak u plemenných hodnot maternálních, tak i paternálních.

Pozitivní trend u paternálních plemenných hodnot by mohl být způsoben tím, že chovatelé dávají jednoznačně přednost plemeníkům, kteří jsou z vícečetných vrhů.

Obě hypotézy byly potvrzeny, 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 v 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 cíl práce byl naplněn touto dosud nejhlubší a nejrozsáhlejší analýzou četnosti vrhu u ovcí včetně analýzy vlivu plemenika na daný znak.

## 7. Seznam použité literatury

- Al-Shorepy, S. A., Notter, D. R. 1996. Genetic variation and covariation for ewe reproduction, lamb growth, and lamb scrotal circumference in a fall-lambing sheep flock. *Journal of Animal Science*. 74. 1490-1498.
- Atkins, K. D. 1997. Genetic improvement of wool production. In: Piper et Ruvinski (ed.). *The genetics of sheep*. CAB International, Wallingford, Oxon, UK. ISBN: 0 85199 200 5.
- Banks, R. G. 1997. Genetics of lamb and meat production. In: Piper and Ruvinski (ed.). *The genetics of sheep*. CAB International, Wallingford, Oxon, UK. ISBN: 0 85199 200 5.
- Barillet, F. 1997. Genetics of milk production. In: Piper et Ruvinski (ed.). *The genetics of sheep*. CAB International, Wallingford, Oxon, UK. ISBN: 0851992005.
- Bauer, J., Milerski, M. 2012. Metodika předpovědi plemenné hodnoty denního nádoje ovčího mléka a produkce mléčných složek. Certifikovaná metodika. Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i. Praha Uhřetěves. ISBN: 9788074030932.
- Bauer, J., Milerski, M., Příbyl, J., Vostry, L. 2012. Estimation of genetic parameters and evaluation of test-day milk production in sheep. *Czech Journal of Animal Science*. 57 (11). 522–528.
- Bench, C. J., Price, E. O., Dally, M. R., Borgwardt R. E. 2001. Artificial selection of rams for sexual performance and its effect on the sexual behavior and fecundity of male and female progeny. *Applied Animal Behaviour Science*. 72 (1). 41-50.
- Boujenane, I., Chikhi, A., Sylla, M., Ibnelbachyr, 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
- Bucek, P., Kvapilík, J., Kölbl, M., Milerski, M., Hanuš, O., Pind'ák, A., Mareš, V., Kondrád, R., Rafajová, M., Roubalová, M., Kuchtík, J., Škaryd, V. 2011. *Ročenka chovu ovcí a koz v České Republice za rok 2010*. Českomoravská společnost chovatelů, a.s. Praha. 200 s. ISBN: 9788090413177.
- Bucek, P., Kvapilík, J., Kölbl, M., Milerski, M., Pind'ák, A., Mareš, V., Kondrád, R., Roubalová, M., Škaryd, V., Dianová, M., Krupová, Z., Krupa, E., Michaličková, M. 2015. *Ročenka chovu ovcí a koz v České Republice za rok 2014*. Českomoravská společnost chovatelů, a.s. Praha.

- Bunter, K. L., Brown, D. J. 2013. Yearling and adult expressions of reproduction in maternal sheep breeds are genetically different traits. *Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*. 20. 82-85.
- Carta, A., Sara Casu, Salaris, S. 2009. Invited review: Current state of genetic improvement in dairy sheep. *Journal of Dairy Science*. 92. 5814–5833.
- Ciappesoni, G., Goldberg, V., Gimeno, D. 2013. Estimates of genetic parameters for worm resistance, wool and growth traits in Merino sheep of Uruguay. *Livestock Science*. 157/1. 65-74.
- Coulter, G. H., Foote, R. H. 1979. Bovine testicular measurements as indicators of reproductive-performance and their relationship to productive traits in cattle – Review. *Theriogenology*. 11(4). 297-311.
- 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.
- Davis, G. H., Morris, C. A., Dodds, K. G. 1998. Genetic studies of prolificacy in New Zealand sheep. *Animal Science*. 67. 289-297.
- Di, J., Ainiwaer, L., Xu, X. M., Zhang, Y. H., Yu, L. J., Li, W. C. 2014. Genetic trends for growth and wool traits of Chinese superfine Merino sheep using a multi-trait animal model. *Small Ruminant Research*. 117 (1). 47-51.
- Dimov, G. 2013. Genetic Estimates at Monthly and Short-Cut Control of the Sheep Milk Production. *Agricultural Sciences*. 5 (13). 37-41.
- Duguma, G., Schoeman, S. J., Cloete, S. W. P., Jordaan, G. F. 2002. Genetic and environmental parameters for ewe productivity in Merinos. *South African Journal of Animal Science*. 32. 154-159.
- Falconer, D. S., Mackay, T. F. C. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Pearson Education Limited, Essen, United Kingdom.
- Fogarty, N. M. 1995. Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: A review. *Animal Breeding Abstract*. 63. 101–143.
- Gianola, D. 1982. Theory and analysis of threshold characters. *Journal of Animal Science*. 54. 1079–1096.
- 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. 2002. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia Sheep. *Journal of Animal Science*. 80. 3086–3098.
- 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.
- Hartley, H. O., Rao, J. N. K. 1967. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. *Biometrics*. 54 (1-2). 93-108.
- Hatcher, S., Atkins, K. D., Safari, E. 2010. Lamb survival in Australian Merino Sheep: A genetic analysis. *Journal of Animal Science*. 88-10, 3198-3205.
- Hebák, P., Jarošová, E., Pecáková I., Plašil, M., řezanková H., Vilikus, O., Vlach, P. 2013. *Statistické myšlení a nástroje analýzy dat*. Informatorium, spol. s r.o. Praha. ISBN: 9788073331054.
- Henderson, C.R. 1950. Estimation of genetic parameters. *Annals of mathematical statistics*. 21. 309.
- Henderson, C. R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. In: *Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium*. American Society of Animal Science and American Dairy Science Association, Champaign, 10-41.
- Hill, W. G. 1985. Detection and genetic assessment of physiological criteria of merit within breeds. In: R. B. Land and D. W. Robinson (ed.) *Genetics of Reproduction in Sheep*. Butterworths, London
- Holler, T. L., Dean, M., Taylor, T., Poole, D. H., Thonney, M. L., Thomas, D. L., Pate, J. L., Whitley, N., Dailey, R. A., Inskeep E. K. 2014. Effects of service sire on prenatal mortality and prolificacy in ewes. *Journal of Animal Science*. 92(7). 3108-3115.
- Horák, F., Axmann, R., Červený, Č., Doležal, P., Doskočil, J., Jílek, F., Loučka, R., Mareš, V., Milerski, M., Pindřák, A., Tůma, J., Veselý, P., Zeman, L. 2004. *Ovce a jejich chov*. Brázda. Praha. 304 s. ISBN: 80-209-0328-3.
- Hulet, C. V., Ercanbrack, S. K., Knight, A. D. 1984. Development of The polypay breed of sheep. *Journal of Animal Science*. 58. 15-24.

- Gamasae, V. A., Hafezian, S. H., Ahmadi, A., Baneh, H., Farhadi, A. Mohamadi, A. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight at different ages in Mehraban sheep. *African journal of biotechnology*. 9-32. 5218-5223.
- Gorjanc, G., Drasler, D., Birtic, D., Kompan, D. 2009. Growth performance of station tested rams in Slovenia. *Italian journal of animal science*. 8-3. 74-76.
- Grosu, H., Schaeffer, L., Oltenacu, P. A., Norman, D., Powell, R. L., Kremer, V., Banos, G., Mrode, R.A., Carvalheira, J. Jamrozik, J., Draganescu, C., Lungu, S. 2013. *History of Genetic Evaluation Methods in Dairy Cattle*. Publishing House of the Romanian Academy. ISBN: 9789732723470.
- Jakubec, V., Říha, J., Golda, J., Majzlík, I. 1999. Odhad plemenné hodnoty hospodářských zvířat. *Výzkumný ústav pro chov skotu. Rapotín*. 177 s. Bez ISBN.
- Jakubec, V., Říha, J., Golda, J., Majzlík, I. 2001. Šlechtění ovcí. *Asociace chovatelů masných Plemen. Rapotín*. 152 s. Bez ISBN.
- Jakubec, V., Říha, J., Majzlík, I., Bjelka, M., 2003. *Teorie a praxe selekce hospodářských zvířat. VÚCHS Rapotín*. 154 s. ISBN: 8090314325.
- Jakubec, V., Bezdíček, J., Louda, F. 2010. *Selekce – inbríding – hybridizace. Agrovýzkum. Rapotín*. 382 s. ISBN: 9788087144220.
- Janssens, S., Vandepitte, W. 2004. Genetic parameters for body measurements and linear type traits in Belgian Bleu du Maine, Suffolk and Texel sheep. *Small Ruminant Research*. 54. 13–24.
- 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.
- Kariuki, C. M. Ilatsia, E. D., Wasike, C. B., Kosgey, I. S., Kahi, A. K. 2010. Genetic evaluation of growth of Dorper sheep in semi-arid Kenya using random regression models. *Small Ruminant Research*. 93 ( 2–3). 126-134.
- Kasap, A., Mioč, B., Škorput, D., Pavić, V., Antunović, Z. 2013. Estimation of genetic parameters and genetic trends for reproductive traits in saanen goats. *Acta Veterinaria (Beograd)*. 63. 269-277.
- Komprej, A., Gorjanc, G., Kompan, D., Kovač, M. 2009. Covariance components by a repeatability model in Slovenian dairy sheep using test-day records. *Czech Journal of Animal Science*. 54. 426-434.

- Kompřej, A., Gorjanc, G., Kompan, D., Kovač, M. 2012. Lactation curves for milk yield, fat, and protein content in Slovenian dairy sheep. *Czech Journal of Animal Science*. 57. 231-239.
- Kompřej, A., Malovrh, Š., Gorjanc, G., Kompan, D., Kovač, M. 2013. Genetic and environmental parameters estimation for milk traits in Slovenian dairy sheep using random regression model. *Czech Journal of Animal Science*, 58, 125-135.
- Krupová, Z., Wolfová, M., Wolf, J., Oravcová, M., Margetín, M., Peškovičová, D., Krupa, E., Daňo, J. 2009. Economic Values for Dairy Sheep Breeds in Slovakia. *Asian-Australian Journal of Animal Science*. 22. 1693-1702.
- Krupová, Z., Krupa, E., Wolfová, M. 2013. Impact of economic parameters on economic values in dairy sheep. *Czech Journal of Animal Science*. 58 (1). 21–30.
- Lee, D., Misztal, I., Bertrand, J. K., Rekaya, R. 2002. National evaluation for calving ease, gestation length and birth weight by linear and threshold model methodologies. *Journal of Applied Genetics*. 43. 209-216.
- Luo, M. F., Boettcher, P. J., Schaeffer, L. R., Dekkers, J. C. M. 2001. Bayesian inference for categorical traits with application to variance components estimation. *Journal of Dairy Science*. 84. 694-704.
- Lush, J. L. 1945. *Animal Breeding Plants*. Iowa State University Press, Ames, Iowa, 443 s.
- Maijala, K. 1997. Genetic aspects of domestication, common breeds and their origin. In: Piper and Ruvinski (ed.). *The genetics of sheep*. CAB International, Wallingford, Oxon, UK. ISBN: 0851992005.
- Mandal, A., Dass, G., Rout, P. K. 2012. Model comparisons for estimation of genetic parameters of pre-weaning daily weight gains in Muzaffarnagari sheep. *Small Ruminant Research*. 106 (2–3). 118-124.
- Maria, G. A. 1995. Estimates of variances due to direct and maternal effects for reproductive traits of romanov sheep. *Small Ruminant Research*. 18. 69-73.
- Maria, G. A., Ascaso, M. S. 1999. Litter size, lambing interval and lamb mortality of Salz, Rasa Aragonesa, Romanov and F<sub>1</sub> ewes on accelerated lambing management. *Small Ruminant Research*. 32. 167–172.
- Martin, G. M., Oldham, C. M., Cognie, Y., Pearce, D. T. 1986. The physiological responses of anovulatory ewes to the introduction of rams — a review. *Livestock Production Science*. 15. 219–247.

- Matos, C. A., Thomas, D. L., Gianola, D., Tempelman, R. J., Young, L. D. 1997. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. *Journal of Animal Science*. 75. 76-87.
- Maxa, J., Norberg, E., Berg, P., Pedersen, J. 2007. Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. *Small Ruminant Research*. 68. 312–317.
- Maxa, J., Sharifi, A. R., Pedersen, J., Gauly, M., Simianer, H., Norberg, E. 2009. Genetic parameters and factors influencing survival to twenty-four hours after birth in Danish meat sheep breeds. *Journal of Animal Science*. 87-6. 1888-1895.
- Maximini, L., Brown, D. J., Baumung, R., Fuerst-Waltl, B. 2012. Genetic parameters of ultrasound and computer tomography scan traits in Austrian meat sheep. *Livestock Science*. 146 (2-3). 168-174.
- Milerski, M. 2005. Metodika odhadu plemenných hodnot u ovcí. Metodika pro praxi. Výzkumný ústav živočišné výroby, Praha Uhřetěves, 21 s. Bez ISBN.
- Misztal, I., Gianola, D., Foulley, J. L. 1989. Computing aspects for a nonlinear method of sire evaluation for categorical traits. *Journal of Dairy Science*. 72. 1557-1568.
- 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.
- Mohammadi, H., Shahrabak, M. M., Shahrabak, H. M., Vatankhah, M. 2012. Estimation of genetic parameters of reproductive traits in Zandi sheep using linear and threshold models. *Czech Journal of Animal Science*. 57(7). 382–388.
- Mortimer, S. I., Van der Werf, J. H. J., Jacob, R. H., Hopkins, D. L., Pannier, L., Pearce, K. L., Gardner, G. E., Warner, R. D., Geesink, G. H., Edwards, J. E. H., Ponnampalam, E. N., Ball, A. J., Gilmour, A. R., Pethick, D. W. 2014. Genetic parameters for meat quality traits of Australian lamb meat. *Meat Science*. 96-2. 1016-1024.
- Mrode, R. A. 1996. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. CAB International. Wallingford. 187 s. ISBN: 0851989969.
- Mrode, R. A., Thompson, R. 2005. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. Second edition. CAB International. Wallingford. 344 s. ISBN: 0851990002.
- Notter, D. R. 2000. Effects of ewe age and season of lambing on prolificacy in US Targhee, Suffolk, and Polypay sheep. *Small Ruminant Research*. 38. 1-7.

- Olivier, W. J., Snyman, M. A., Olivier, J. J., Van Wyk, J. B., Erasmus, G. J., 2001. Direct and correlated responses to selection for total weight of lamb weaned in Merino sheep. *South African Journal of Animal Science*. 31. 115-121.
- Pelms, R. S., Pistol, G. C., Lazar, C., Gras, M. A., Ghita, E. 2014. Estimation of genetic parameters for milk traits in Romanian local sheep breed. *Revista MVZ Cordoba*. 19 (1). 4033-4040.
- Perkins, A., Fitzgerald, J. A., Price, E. O. 1992. Sexual performance of rams in serving capacity tests predicts success in pen breeding. *Journal of Animal Science*. 70 (9). 2722-2725.
- Příbyl, J., Příbylová, J. 2008. Výběr vhodného modelu odhadu plemenné hodnoty. Letní škola biometriky. Lednice na Moravě 2. - 6. 9. 2008.
- Ramirez-Valverde, R., Misztal, I., Bertrand, J. K. 2001. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. *Journal of Animal Science*. 79. 333-338.
- Rao, S., Notter, D. R., 2000. Genetic analysis of litter size in Targhee, Suffolk, and Polypay sheep. *Journal of Animal Science*. 78. 2113-2120.
- Rashidi, A., Mokhtari, M. S., Esmailzadeh, A. K., Asadi Foz, M. 2011. Genetic analysis of ewe productivity traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Research*. 96. 11–15.
- Rius-Vilarrasa, E., Bünger, L., Maltin, C., Matthews, K. R., Roehe, R. 2009. Evaluation of Video Image Analysis (VIA) technology to predict meat yield of sheep carcasses on-line under UK abattoir conditions. *Meat Science*. 82. 94–100.
- Rosa, H. J. D., Bryant, M. J. 2002. The 'ram effect' as a way of modifying the reproductive activity in the ewe. *Small Ruminant Research*. 45. 1–16.
- Říha, J., Jakubec, V., Jílek, F., Illek, J., Kvapilík, J., Hanuš, O., Čermák, V. 2004. Reprodukce v procesu šlechtění skotu. Asociace chovatelů masných plemen. Rapotín. 148 s. ISBN: 809031435X.
- Safari, E., Fogarty, N. M., Gilmour, A. R. 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*. 92. 271 – 289.
- Safari, E., Fogarty, N. M., Gilmour, A. R., Atkins, K. D., Mortimer, S. I., Swan, A. A., Brien, F. D., Greeff, J. C., van der Werf, J. H. J., 2007. Across population genetic parameters for wool, growth, and reproduction traits in Australian Merino sheep. 2. Estimates of



- heritability and variance components. *Australian Journal of Agricultural Research*. 58 (2). 177-184.
- 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.
- Scobie, D. R., Bray, A. R., Smith, M. C., Woods, J. L., Morris, C. A., Hickey, S. M. 2012. Wool staple tenacity in New Zealand Romney sheep: heritability estimates, correlated traits, and direct response to selection. *Animal Production Science*. 52(6-7). 448-455.
- 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.
- Snowder, G. D., Stellflug, J. N., Van Vleck, L. D. 2004. Genetic correlation of ram sexual performance with ewe reproductive traits of four sheep breeds. *Applied Animal Behaviour Science*. 88. 253–261.
- Stellflug J. N., Berardinelli, J. G. 2002. Ram mating behavior after long-term selection for reproductive rate in Rambouillet ewes. *Journal of Animal Science*. 80 (10). 2588-2593.
- 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.

- Ugarte, E., Alenda, R., Carabano, M. J. 1992. Fixed or random contemporary group in genetic evaluations. *Journal of Dairy Science*. 75. 269-278.
- van der Lende, T., Willemsen, M. H. A., van Arendonk, J. A. M., van Haandel, E. B. P. G. 1999. Genetic analysis of the service sire effect on litter size in swine. *Livestock Production Science*. 58. 91–94.
- Vatankhah, M., Talebi, M. A. 2009. Genetic and Non-genetic Factors Affecting Mortality in Lori-Bakhtiari Lambs. *Asian-Australasian journal of animal sciences*. 22-4. 259-464.
- Veselá, Z., Vostrý, L., Šafus, P. 2011. Linear and linear-threshold model for genetic parameters for SEUROP carcass traits in Czech beef cattle. *Czech Journal of Animal Science*. 56. 414–425.
- Vostry, L., Milerski, M. 2013. Genetic and non-genetic effects influencing lamb survivability in the Czech Republic. *Small Ruminant Research*. 113. 47– 54.
- Wang, C.T., Dickerson, G.E. 1991. Simulated effects of reproductive performance on life-cycle efficiency of lamb and wool production at three lambing intervals. *Journal of Animal Science*. 69. 4338–4347.
- Wolc, A., Barczak, E., Wójtowski, J., Ślósarz, P., Szwaczkowski, T. 2011. Genetic parameters of body weight in sheep estimated via random regression and multi-trait animal models. *Small Ruminant Research*. 100-1. 15-18.
- Wolfova, M., Wolf, M., Milerski M. 2011a. Economic weights of production and functional traits for Merinolandschaf, Romney, Romanov and Sumavska sheep in the Czech Republic. *Small Ruminant Research*. 99 (1). 25-33.
- Wolfova, M., Wolf, M., Milerski M. 2011b. Calculating economic weights for sheep sire breeds used in different breeding systems. *Journal of Animal Science*. 89 (6). 1698-1711.
- Wuliji, T., Dodds, K. G., Andrews, R. N., Turner, P. R. 2011. Selection response to fleece weight, wool characteristics, and heritability estimates in yearling Romney sheep. *Livestock Science*. 135(1). 26-31.
- Zishiri, O. T., Cloete, S. W. P, Olivier, J. J., Dzama, K. 2014. Genetic parameters for live weight traits in South African terminal sire sheep breeds. *Small Ruminant Research*. 116 (2-3). 118-125.

## Elektronické zdroje

ČMSCH. Kontrola užítkovosti [online]. 2013 [citováno 2016-07-13]. Dostupné také z < <http://www.cmsch.cz/kontrola-uzitkovosti/>>.

ČSÚ. Soupis hospodářských zvířat - k 1. 4. 2015. ČSÚ veřejná databáze [online]. 2016 [citováno 2016-07-26]. Dostupné z <https://www.czso.cz/csu/czso/soupis-hospodarskych-zvirat-k-142015>>.

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/slechteni-pk/slechtitelsky-program-v-chovu-ovci>>.

## 8. Seznam příloh

### 8. 1. Seznam vlastních publikací použitých v práci

- Příloha I. 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.
- Příloha II. 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.
- Příloha III. 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.
- Příloha IV. 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.
- Příloha V. Schmidová, J., Milerski, M., Svitáková, A., Novotná, A., Vostrá Vydrová, H., Vostrý, L. 2016b. The influence of ram on litter size in Suffolk sheep. *Acta agriculturae Slovenica, Supplement 5*, 109-112.

Příloha I. Svitáková et al. (2014).

Vývoj ve šlechtění skotu, prasat, ovcí a koní v posledních letech

**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.**

## Recent developments in cattle, pig, sheep and horse breeding - a review

Alena Svitáková<sup>1,2</sup>, Jitka Schmidová<sup>1,2</sup>, Petr Pešek<sup>1</sup>, Alexandra Novotná<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Animal Science, Prague - Uhřetěves, Czech Republic

<sup>2</sup>Czech University of Life Sciences Prague, Prague - Suchbátka, Czech Republic

Received June 30, 2014

Accepted September 17, 2014

### Abstract

The aim of this review was to summarize new genetic approaches and techniques in the breeding of cattle, pigs, sheep and horses. Often production and reproductive traits are treated separately in genetic evaluations, but advantages may accrue to their joint evaluation. A good example is the system in pig breeding. Simplified breeding objectives are generally no longer appropriate and consequently becoming increasingly complex. The goal of selection for improved animal performance is to increase the profit of the production system; therefore, economic selection indices are now used in most livestock breeding programmes. Recent developments in dairy cattle breeding have focused on the incorporation of molecular information into genetic evaluations and on increasing the importance of longevity and health in breeding objectives to maximize the change in profit. For a genetic evaluation of meat yield (beef, pig, sheep), several types of information can be used, including data from performance test stations, records from progeny tests and measurements taken at slaughter. The standard genetic evaluation method of evaluation of growth or milk production has been the multi-trait animal model, but a test-day model with random regression is becoming the new standard, in sheep as well. Reviews of molecular genetics and pedigree analyses for performance traits in horses are described. Genome – wide selection is becoming a world standard for dairy cattle, and for other farm animals it is under development.

*Genetic indices, farm animal, molecular genetics, genomic selection*

Populations of farm animals are undergoing continuous selection in an attempt to improve economic efficiency of animal production. Established procedures are being refined as new techniques are developed and implemented. The aim of this review was to summarize new genetic approaches and techniques in the breeding of cattle, sheep, pigs, and horses.

### Cattle

The most dramatic recent developments in dairy cattle breeding are the incorporation of molecular information into genetic evaluations for individual production traits and the revision of breeding objectives to increased emphasis placed on longevity and health.

Incorporation of genetic markers into genetic evaluation is beneficial especially in evaluations of young animals lacking individual or progeny performance information. Initially, several markers within, or in linkage disequilibrium, with QTLs (quantitative trait loci) identified by haplotype or single marker association mapping were utilized (Grapes et al. 2006; Liu et al. 2008; Boleckova et al. 2012a).

Investigations reporting QTLs for milk production traits include those of Khatkar et al. (2004), who found important QTLs for milk yield on chromosomes 6, 14 and 20, and Boichard et al. (2003) who found genome wide important QTLs affecting milk yield on chromosome 14. These associations were subsequently confirmed by Mai et al. (2010). Matejickova et al. (2013) confirmed the importance of QTLs on chromosome 6 and 14 (including aQTL at position 0 cM on chromosome 14 affecting milk protein percentage) and authors also found addition significant QTLs affecting milk production traits on chromosomes 7, 11, 23. Grisart et al. (2004) identified gene DGAT1 on chromosome 14,

#### Address for correspondence:

Alena Svitakova  
Institute of Animal Science  
Pratelstvi 815, 104 01, Prague, Czech Republic

Phone: +420 267 009 639  
Fax: +420 267 710 779  
E-mail: svitakova.alena@vuzv.cz  
<http://actavet.vfu.cz/>

and Rychtarova et al. (2014) identified genes *BTN1A1*, *ORL1* and *STAT1*, all of which influenced milk production traits while *DGAT1* and *BTN1A1* affected reproductive traits as well. Boleckova et al. (2012b) reported that the *PRL* gene influenced milk production traits, while Signorelli et al. (2009) identified the *GHR* gene on chromosome 20 as a QTL for milk production traits.

The most frequently used SNP (single nucleotide polymorphism) chip for bull genotyping is the Illumina BovineSNP50 v2 BeadChip which includes 54,609 SNPs. The Illumina Bovine3K BeadChip, including 2,900 SNPs, is usable especially for female genotyping. Wiggans et al. (2012) reported that GEBV prediction reliability for bulls genotyped by the 50K chip to be 0.04-0.06 higher than reliabilities for those same bulls genotyped by the 3Kchip. For combination of information from both chips, imputation can be used. Szyda et al. (2013) investigated the possibility of reducing the number of assessed markers on accuracy and found that using only those 3,000 SNPs with the highest relationship to estimated milk production allowed reasonably good prediction of GEBV.

Several methods have been developed to incorporate information from SNP chips into prediction of genomic breeding value (GEBV) (Meuwissen et al. 2001). Methods include multistep procedures LS, BayesA, BayesB, RR-BLUP (Meuwissen et al. 2001), B-LASSO (Park and Casella 2008) and GBLUP (VanRaden 2008), as well as the single-step procedure ssGBLUP (Misztal et al. 2009; Aguilar et al. 2010; Christensen and Lund 2010; Pribyl et al. 2012). The main advantage of incorporation of information from SNP chips into breeding value prediction is to increase reliability of prediction. Hayes et al. (2009) reported reliabilities of young bull GEBV prediction up to 0.67, depending *inter alia* on the heritability of the production trait. VanRaden et al. (2009) stated that reliabilities of GEBV predictions were on average 0.23 higher than reliabilities of pedigree based breeding value predictions. Thus, the use of genomic breeding values in comparison to conventional breeding values is expected to lead to a more rapid response to selection and more profitable breeding programmes (Schaeffer 2006; König et al. 2009; Pryce et al. 2010), thanks to higher reliability of GEBV prediction (Hayes et al. 2009) and shorter generation intervals. A disadvantage of multistep methods is the risk of bias in international evaluation, thanks to strong pre-selection in national breeding programs. Such bias could be transferred into international evaluation. Bias could be avoided in single step breeding value prediction in which genotyped and non-genotyped animals are included (Patry et al. 2013).

The best procedure appears to be ssGBLUP, because this method increases reliability of breeding value prediction for genotyped and non-genotyped animals as well (Christensen and Lund 2010). Dependent variables in ssGBLUP are phenotypic records. Pribyl et al. (2013) used, instead of phenotypic records, deregressed proofs (DRP) of bulls not having performance recorded daughters. They reported an increase of GEBV prediction reliabilities ranging from 0.53 vs. 0.63 for predictions without vs. with the incorporation of DRPs. Incorporation of bull DRPs is beneficial especially in small populations. National GEBV prediction procedures should undergo validation by comparing prediction of young bull GEBVs with EBVs of those same bulls after progeny testing and when DYD yields are used as the dependent variable. Validated reliability reflecting correlation of prediction to DYD in domestic conditions may then be calculated (Mäntysaari et al. 2010). For international evaluation, Sullivan and VanRaden (2009) developed the genomic multiple across country evaluation (GMACE) procedure.

Changes in the breeding objectives in recent years have focused especially on the incorporation of and increasing emphasis on functional traits such as reproductive and health traits, linear type traits, and longevity. These traits have an important impact on profitability of milk production and herd replacement. Wolfova et al. (2007) reported that longevity has a particularly strong economic impact. Zavadilova et al. (2009) reported

heritabilities of 0.05 and 0.04 for actual and functional longevity in the Czech Fleckvieh. Tsuruta et al. (2005) reported heritabilities ranging from 0.08–0.1 in US Holsteins, similar to estimates of 0.08 and 0.11 reported by Meszaros et al. (2013) in the Pinzgau cattle. In the Czech Holsteins, heritability of functional longevity was 0.025 on a log scale and 0.041 on the trait as originally recorded (Pachova et al. 2005). Longevity is often reported to be associated with age at first calving (Ducrocq 2005; M'hamdi et al. 2010; Zavadilova and Stipkova 2013), udder linear traits (especially udder attachment, udder depth, teats) and angularity and body condition score (Sölkner and Petschina 1999; Strapak et al. 2005; Zavadilova et al. 2011a). Zavadilova and Stipkova (2012) reported higher correlations of longevity with functional rather than with actual longevity. It should be noted that linear scoring, especially in case of udder traits, can be influenced by the time of scoring (Kasap et al. 2014).

The most common reasons for cow culling are problems with reproduction and udder diseases. Days open and the interval from parturition to first service are the traits most often used as selection criteria, with heritabilities ranging from 0.02 to 0.1 (Wall et al. 2003; Andersen-Ranberg et al. 2005; Jamrozik et al. 2005; Sun et al. 2009; Zink et al. 2012; Zavadilova and Zink 2013).

Selection to improve udder health can be implemented through indirect selection for somatic cell count (SCC), somatic cell score (SCS) and linear scores for udder size and morphology. These traits have low to intermediate heritabilities (Nemcova et al. 2011). Direct selection on udder health is generally not possible because of the lack of recorded data (Zavadilova et al. 2011b). Nemcova et al. (2007) investigated the importance of linear udder traits and concluded that high SCS scores in cows were associated with deep udders, weak central ligaments and poor fore udder attachment.

For genetic evaluation of meat yield, several information sources can be used, including data from performance test stations, records from progeny tests (station or field) and measurements taken at slaughter. The most commonly used analytical method for evaluation is the multi-trait animal model, the traits being net gain (calculated as carcass weight divided by age), "SEUROP" carcass conformation score (grades S to P according to muscularity), fatness classes (1 - lean, 5 - very fat) and meat percentage (Schild et al. 2003).

Nesetrilova (2005) described the growth curve for the Czech Fleckvieh cattle up to 1,400 days of age using a multiphase growth model. Vesela et al. (2011) estimated the genetic indices of beef cattle production traits in the SEUROP system. Vostry et al. (2012a, 2014) described growth evaluation of beef bulls in performance testing stations. Svitakova et al. (2014) examined alternative measures of growth potential of bulls in testing stations, whether genetic index estimates of such traits changed over time and whether existing methods for performance testing were appropriate.

Bogdanovic et al. (2002) evaluated performance tests for Simmental bulls and found that selection based on an individual performance test was appropriate for traits of medium (e. g. growth) to higher heritability. In their study, daily gain during different time periods (before the test, during the test and over the lifetime) and weight (at the beginning of the test, monthly during the test and at the end of the test) was evaluated.

Duchacek et al. (2011) reported that the average breeding value of an Angus cattle population changed over the course of time, presumably reflecting a genetic change resulting from a cumulative response to selection.

The thoroughly researched multi-trait method of genetic analysis is common practice for evaluation of growth. The random regression test-day model (RR-TDM) method, however, has been more narrowly analysed (Albuquerque and Meyer 2001; Nobre et al. 2003a, b; Meyer 2005). Krejcova et al. (2007) compared these two models using data from performance test stations on breeding bulls and concluded that the more appropriate



method of evaluation was RR-TDM. For using this method of calculation it is necessary to weigh bulls at regular and relatively frequent intervals (Pribyl et al. 2008). Genetic indices for beef production are often estimated only for beef cattle (Arango et al. 2002; Baldi et al. 2012).

## Pigs

In genetic evaluation of pigs, production and reproductive traits are generally conducted separately. There are some arguments for simultaneous analysis of both groups of traits. Through additional information from genetic correlations between production and reproductive traits, the accuracy of genetic evaluation could be increased, even though heritabilities of reproductive traits are generally low. Furthermore, no single trait value, but the whole animal is selected and then joint evaluation of traits is natural way. Furthermore, breeding values for all traits would be predicted for all animals. The linear combination of these traits with economic weights would result in aggregate genotypic values that could be directly used for selection (Krupa and Wolf 2013). On the other hand, (Hermesch et al. 2000; Chen et al. 2003; Holm et al. 2004) have reported low (and antagonistic) genetic correlations between production and reproductive traits. This is in agreement with Arango et al. (2005) and Kapell et al. (2009), who reported relatively high antagonistic correlations. A general problem in comparing studies of growth traits of pigs is the substantial diversity in definition of growth traits. Estany et al. (2002a, b) reported that reproductive, production, and quality traits in pigs are probably not genetically independent.

The effect of service sire was analysed in some studies of reproductive traits. Wolf and Wolfova (2012a) examined the impact of including a service sire effect on litter size traits for Czech Large White and Czech Landrace sows. Three different animal models were evaluated for each litter size trait (total number of piglets born, born alive and weaned): (i) the service sire effect was included and the complete relationship matrix for all the animals (service sires and sows) was taken into account; (ii) the service sire effect was included as a random effect without inclusion of the relationship matrix; (iii) the service sire effect was omitted from the model. Using the residual variance as a criterion, both models including the service sire effect were slightly better than the model without this effect. Estimates of genetic indices were very similar for the two models including the service sire effect. The proportion of variance for service sire was in the range from 2 to 3% (standard error approx. 0.2%) in the Czech Large White and 2% (standard error approx. 0.3%) in the Czech Landrace for all three litter size traits and all models. In results of other authors, proportion of variance in the number of piglets born attributable to service sires varied from 0.00 to 0.05 for models including the relationship matrix and from 0.00 to 0.03 for models without the relationship matrix (Serenius et al. 2003; Su et al. 2007; Köck et al. 2009).

A different approach to genetic evaluation of reproductive traits of pigs is to analyse alternative traits such as piglet losses. Wolf and Wolfova (2012b) studied the effect of service sire on the number of stillborn piglets and the number of piglets that died till weaning. Animal models with versus without a service sire effect were compared. Estimates of genetic indices were very similar for the two models. The heritability for the number of stillborn piglets was 0.06 for both breeds and both models, and the heritability for the number of piglets that died till weaning was 0.07 in the Czech Large White and 0.05 to 0.06 in the Czech Landrace. The proportion of variance due to the service sire was very low (between 0.8 and 1.6%). Similar low heritabilities have been reported by other authors (Serenius et al. 2003; Su et al. 2007; Kapell et al. 2009; Chen et al. 2010). A general question is whether selection against piglet losses may be effective. Farrowing losses are probably caused mainly by biological factors, and the estimated heritability is very low. Furthermore, the number of stillborn piglets may be connected with the heterogeneity

(within-litter standard deviation or variance) of individual piglet weight at birth. There are indications that a higher heterogeneity may be associated with a higher number of stillborn piglets (Huby et al. 2003; Wolf et al. 2008).

Nagyne-Kiszlinger et al. (2013) analysed the following reproductive traits: number of piglets born alive (NBA), gestation length (GL), farrowing interval (FI) and age at first insemination (AFI) for two purebred and two reciprocal crossbred populations using a two-trait model with repeatability, and with a two-trait model for age at first insemination. The heritabilities were 0.06 for all four populations, 0.06–0.09 and 0.22–0.3 for FI, NBA and GL, respectively. There were large differences between heritabilities of AFI in purebred (0.28, 0.26) and crossbred (0.41, 0.40) populations. Dube et al. (2012) reported a heritability of 0.07 for NBA from a repeatability animal model.

Comparisons of different genetic index estimation methods for litter size are described by Skorput et al. (2014). The objective of that study was to estimate genetic indices for litter size of the Black Slavonian pigs using the repeatability, multiple trait, and random regression models. Estimated heritabilities were in the range from 0.03 to 0.26. Kapell et al. (2011) used a Bayesian analysis for reproductive traits.

Wittenbourg et al. (2011) studied within litter variability of piglet birth weight and its relationship to piglet survival. The within sex sample variance of birth weights per litter was designated as a trait of the sow. Estimates of heritability for the different measures ranged from 11 to 12%. Douglas et al. (2013) confirmed that the effect of low piglet birth weight was associated with poor growth performance in pigs from birth to slaughter.

Dall'Olio et al. (2013) studied the association between single nucleotide polymorphisms in candidate genes and reproductive traits in the Italian Large White sows. Association analyses were performed with the following traits: number of piglets born alive (NBA), number of stillborn piglets (NSB1), total number born (TNB1), NBAI estimated breeding values (EBVs) and NBA random residuals (RRs). SNPs in *BMPR1B*, *FUT1*, *GPX5*, *RBP4*, and *TGFBR1* genes were identified. Mucha et al. (2013) reported associations between mutations in the *EGF*, *AREG* and *LIF* genes and NBA, the number of piglets alive at 21 days of age, the age of sows at first farrowing, and the interval between successive litters.

## Sheep

Growth performance can be recorded under farm conditions (Wolc et al. 2011; Zishiri et al. 2014) or in test stations (Gorjanc et al. 2009a; Gamasae et al. 2010), on live animals (Mandal et al. 2012; Zishiri et al. 2014) or on carcasses (Mortimer et al. 2014). Modern technologies such as ultrasound, computer tomography scanning (Milerski 2001; Junkuszew and Ringdorfer 2005; Maxa et al. 2007; Maximini et al. 2012) and video image analysis (Rius-Vilarrasa et al. 2009) can be used to assess body composition and carcass merit.

Variance components and genetic indices for measurements of body weight or growth can be estimated using single or multi-trait animal models (Gorjanc et al. 2009a; Mandal et al. 2012) or random regression models, if consecutive measurements are available (Kariuki et al. 2010; Wolc et al. 2011). Wolc et al. (2011) reported that direct heritability of growth traits tended to increase with advancing age, whereas the maternal genetic effect was reduced at older ages. The proportion of variance for permanent environmental effects was relatively stable across time. Eye muscle depth (*m. longissimus dorsi*) and back fat depth are recorded primarily in meat sheep (Maxa et al. 2007; Maximini et al. 2012).

Meat quality traits (meat tenderness, meat colour, polyunsaturated fat content, mineral content and muscle oxidative capacity) were found to be generally of moderate heritability by Mortimer et al. (2014). Exceptions were intramuscular fat (0.48), ultimate pH (0.08) and fresh meat colour (0.08–0.10). Jandasek et al. (2014) observed differences in physico-

chemical and sensory characteristics of lamb meat between sire breeds. Several measures of meat quality appear to have the potential for inclusion into breeding objectives for meat breeds of sheep.

Greasy fleece weight, clean fleece weight, staple length, staple strength and fibre diameter at first or later shearing are traits found to be moderately heritable in Merino (Ciappesoni et al. 2013; Di et al. 2014) and Romney (Wuliji et al. 2011; Scobie et al. 2012) sheep. As reported by Krupova et al. (2009), wool production and quality traits currently have very low economic importance in selection programs.

Heritabilities of reproductive traits generally are low. The most frequently recorded traits are the number of lambs born, number of lambs born alive, number of lambs weaned, litter weight, ewe fertility, ovulation rate, ewe rearing ability and lamb survival. Fixed effects for lambing year or season and age of the ewe at lambing (Rashidi et al. 2011; Mohammadi et al. 2012; Boujenane et al. 2013) or age at lambing within parity (Skorput et al. 2011) are usually included in repeatability models, linear models (Mohammadi et al. 2012; Boujenane et al. 2013; Schmidova et al. 2014) and threshold models (Mohammadi et al. 2012).

Heritabilities for litter size (number of lambs born) range from 0.04 to 0.14 (Maxa et al. 2007; Rashidi et al. 2011; Mohammadi et al. 2012), and similar heritabilities have been reported for other reproductive traits (Mohammadi et al. 2012; Boujenane et al. 2013). Schmidova et al. (2014) observed that genetic variance components differed among breeds.

The economics of lamb meat production is profoundly influenced by the number of weaned lambs, which is related to ewe fecundity, but also to lamb survival. Lamb survival can be treated as a trait of the dam or a trait of the individual (Vostry and Milerski 2013). Estimates of direct heritability are in the range from 0.01 to 0.13, while maternal heritability estimates range from 0.01 to 0.07 (Maxa et al. 2009; Vatankhah and Talebi 2009; Hatcher et al. 2010; Vostry and Milerski 2013).

Because a test-day model is more effective in accounting for the environmental variation within a lactation than a whole lactation model (Bauer et al. 2012), breeding values for milk yield of ewes have been predominantly estimated using this procedure (Oravcova et al. 2006; Bauer et al. 2012; Komprej et al. 2012, 2013). Lifetime production can also be analysed (Gorjanc et al. 2009b). In addition to random genetic and environmental effects, the effects of days-in-milk, test day (possibly including the effect of interactions with the flock), parity, age at lambing, litter size and the number of weaned lambs are usually included in models for genetic evaluation of milk production (Bauer et al. 2012). The month of lambing or the interval between lambing and the first test-day are other important sources of variation (Carta et al. 2009). The effect of the number of suckled lambs is evident only in breeds of low production level; whereas in high-producing breeds, a positive effect existed only on first test-day records of twin bearing ewes (Carta et al. 2009).

Heritabilities for dairy traits on a total lactation basis are low to moderate for milk, fat, and protein yields (Komprej et al. 2009; Bauer et al. 2012; Dimov 2013) and high for fat and protein percentages (Pelmus et al. 2014).

Duchemin et al. (2012) showed that utilization of molecular markers can improve current selection methods. For example, accuracies of GEBV for males at birth can be increased by 18 to 25% according to traits.

Attention is also paid to breeding for morphological characteristics of the udders in dairy sheep (Milerski et al. 2006; Rovai et al. 2009; Sadeghi et al. 2014).

Selection to increase the profit of a sheep breeding enterprise requires calculation of economic values (increased profit per unit of selection response) for each trait in the breeding objective. Such values have been calculated under specific economic conditions

in different countries, as reported by Conington et al. (2004); Jones et al. (2004); Fuerst-Waltl and Baumung (2009); Krupova et al. (2009); Wolfova et al. (2009) and Wolfova et al. (2011a,b). Many investigations have shown that economic values of traits can be sensitive to market prices of sheep products and to differences in input costs. The market prices of animal products (milk or meat) are of higher importance in determining marginal economic values than prices for inputs, especially for the marginal economic value of milk and meat production traits (Krupova et al. 2013). The price of lamb is the most important factor influencing marginal economic values in meat sheep (Kosgey et al. 2003; Conington et al. 2004; Lôbo et al. 2011).

### Horses

Horse breeding was focused on sports performance but for smaller populations of local breeds, knowledge of the genetic variability and maintaining a certain degree of diversity is now important. Modern molecular tools such as parentage testing using microsatellite genotyping are powerful in guiding management and conservation of horses (Galov et al. 2005). These authors evaluated nine microsatellite loci (HTG4, HTG7, HTG10, HMS2, HMS3, HMS6, VHL20, ASB2; AHT5) in 53 Posavina, 37 Croatian Coldblood and 33 Lipizzaner in Croatia. Results showed that all tested loci were highly polymorphic. Allelic diversity in the Lipizzaner was 4.78 standard error across loci, while the Posavina and the Croatian Coldblood had higher allelic diversities (approximately 7.0 across loci).

Mahrous et al. (2011) also analysed genetic variation using five microsatellite markers (AHT4, HTG10, ABS2, ABS23, and CA245) in three horse breeds in Egypt (Arabian, Thoroughbred, and Egyptian Native). Three of the microsatellites were highly polymorphic, the highest being HTG10. The lowest mean heterozygosity was 0.754 in the Arabian breed, while the highest was for the Thoroughbred at 0.829. Mitochondrial D-loop sequence variation among the Hucul horses from the Czech Republic was described by Czernekova et al. (2013). A 700-bp fragment of the mtDNA D-loop region (positions 15,430–16,129) was sequenced. From 165 samples representing 15 maternal lines, 14 haplotypes of this D-loop hypervariable region were identified.

Another study involving the Hucul horse was performed by Stachurska et al. (2012) in Poland. The Hucul breed was included in the Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources, which aims at preserving the animal gene pool in an unaltered state. Huculs are bay, black, blue dun, yellow dun, tobiano, and chestnut. Grey and chestnut Huculs have always been undesirable. The aim of the study was to determine the frequency of alleles affecting coat colours in the population. The examined loci were ASIP, MC1R, DUN, KIT, and STX17. The ASIP and MC1R loci, on ECA22 and ECA3, respectively, control the so-called basic colours (Marklund et al. 1996; Rieder et al. 2001). Stachurska et al. (2012) concluded that the genetic structure of the Hucul population was not constant and does not comply strictly with the preservation aim. Breeders prefer bay, non-diluted, and tobiano horses and it may lead to undesired changes in the allele frequency.

Pedigree analyses allow assessment of the extent of inbreeding and family structures within a population (Gutierrez et al. 2005). Pjontek et al. (2012) applied the technique to four endangered horse breeds in Slovakia. The most complete pedigrees were found for the Lipizzan and Shagya Arabian breeds. The mean values of inbreeding ranged from 2.67% for the Slovak Sport Pony to 6.26% for the Hucul. The mean inbreeding coefficients in the Lipizzan and Shagya Arabian were 4.02% and 3.95%, respectively.

In Czech populations of cold-blooded Norik, Silesian Norik and Czech-Moravian Belgian horses, Vostry et al. (2011) found the mean inbreeding values of 1.51, 3.23 and 3.53%, respectively. Vincente et al. (2012) reported a much higher mean inbreeding coefficient, 9.92% for all registered animals, for the Lusitano horse. The effective number

of founders and the number of ancestors contributing to the current genetic pool were 27.5 and 11.7, respectively. Much higher effective numbers of founders and ancestors, 94 and 32, respectively, were reported in the Lipizzan horse by Pjontek et al. (2012).

Galov et al. (2013) examined the genetic structure and admixture between Posavina and Croatian Coldblood in contrast to the Lipizzan horses from Croatia. The Posavina and Croatian Coldblood are Croatian autochthonous horse breeds with interwoven breeding histories. In contrast, the Lipizzan breed has the oldest formalized breeding program in Croatia and no record of recent genetic introgression from other breeds. Results showed that different breeding schemes and histories had a strong and measurable impact on the population's genetic structure within and between the three breeds. The Lipizzan showed genetic differentiation from the other two breeds.

The Old Kladruber horse is an autochthonous breed that is recognized as a genetic resource in the Czech Republic. Vostry et al. (2012b) studied the occurrence of dermal melanoma within the breed and reported that the white colour in greying white horses, one of the basic colour varieties in breed, is a result of progressive greying that is the loss of coat pigmentation with age. Increased susceptibility to dermal melanoma has been associated with greying of white horses by Fleury et al. (2000) and Heizerling et al. (2001).

Further studies of the Old Kladruber horse by Vostry et al. (2012c) were focused on selection for important conformation traits and reduction in the number of recorded characteristics from the present 36 to 24 traits with regard to a high number of described traits and a lower number of individuals. In order to reduce the number of the described traits, they advised omitting traits with less heritability than 0.10 and traits highly genetically correlated with other recorded traits.

### Summary

More appropriate approaches for breeding value prediction for various species have been identified. Selection programs aim to increase the profit for breeders; therefore many authors focused on that topic. Genome-wide selection has become a world standard for dairy cattle breeding. This method takes proper account of information from relatives in assessing the genetic merit of individuals. For some classes of farm animals, molecular genetic approaches include seeking to identify new QTLs and developing genome-wide selection programmes. Primary impediments to further development include the high cost of high-density SNP arrays and difficulty in finding well-structured reference populations to estimate SNP effects for traits that are routinely measured or are costly to record. In the future, research is likely to be expanded to genetic improvement in health status of animals, e.g. mastitis in dairy cows. Longevity, robustness and fertility are also likely to increase in importance in livestock breeding programs.

### Acknowledgements

The review was supported by Ministry of Agriculture of the Czech Republic, Project No. RO0714 and Project No. SV14-67-21360, SGS FAPPZ of Ministry of Education, Youth and Sport of the Czech Republic.

### References

- Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, Legarra A, Tsuruta S, Lawlor TJ 2010: Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J Dairy Sci* **93**: 743-752
- Albuquerque LG, Meyer K 2001: Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J Anim Sci* **79**: 2776-2789
- Andersen-Ranberg IM, Klemetsdal G, Heringstad B, Steine T 2005: Heritabilities, genetic correlations, and genetic change for female fertility protein yield in Norwegian dairy cattle. *J Dairy Sci* **88**: 348-355

- Arango JA, Cundiff LV, Van Vleck LD 2002: Genetic parameters for weight, adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. *J Anim Sci* **80**: 3112-3122
- Arango JA, Misztal I, Tsuruta S, Culbertson M, Herring W 2005: Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. *J Anim Sci* **83**: 499-506
- Baldi F, Albuquerque LG, Cyrillo JNSG, Branco RH, Oliveira Junior BC, Mercandate MEZ 2012: Genetic parameter estimates for live weight and daily live weight gain obtained for Nellore bulls in a test station using different models. *Livest Sci* **144**: 148-156
- Bauer J, Milerski M, Příbyl J, Vostrý L 2012: Estimation of genetic parameters and evaluation of test-day milk production in sheep. *Czech J Anim Sci* **57**: 522-528
- Bogdanovic V, Djurdjevic R, Petrovic M 2002: Changes in components of variance of growth traits in performance testing of simmental bulls. Seventh World Congress on Genetic Applied to Livestock Production, August 19-23, Montpellier
- Boichard D, Grohs C, Bourgeois F, Cerqueira F, Faugeras R, Neau A, Rupp R, Amigues Y, Boscher MY, Leveziel H 2003: Detection of genes influencing economic traits in three French dairy cattle breeds. *Genet Sel Evol* **35**: 77-101
- Boleckova J, Christensen OF, Sørensen P, Sahana G 2012a: Strategies for haplotype-based association mapping in a complex pedigreed population. *Czech J Anim Sci* **57**: 1-9
- Boleckova J, Matejckova J, Stipkova M, Kyselova J, Barton L 2012b: The association of five polymorphisms with milk production traits in Czech Fleckvieh cattle. *Czech J Anim Sci* **57**: 45-53
- 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 Res* **113**: 40-46
- Carta A, Casu S, Salaris S 2009: Invited review: Current state of genetic improvement in dairy sheep. *J Dairy Sci* **92**: 5814-5833
- Chen CY, Misztal I, Tsuruta S, Herring WO, Holl J, Culbertson M 2010: Genetic analyses of stillbirth in relation to litter size using random regression models. *J Anim Sci* **88**: 3800-3808
- Chen P, Baas TJ, Mabry JW, Koehler KJ 2003: Genetic correlations between lean growth and litter traits in US Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *J Anim Sci* **81**: 1700-1705
- Christensen OF, Lund MS 2010: Genomic prediction when some animals are not genotyped. *Genet Sel Evol* **42**: 2
- Ciappesoni G, Goldberg V, Gimeno D 2013: Estimates of genetic parameters for worm resistance, wool and growth traits in Merino sheep of Uruguay. *Livest Sci* **157**: 65-74
- Conington J, Bishop SC, Waterhouse A, Simm G 2004: A bioeconomic approach to derive economic values for pasture-based sheep genetic improvement programs. *J Anim Sci* **8**: 1290-1304
- Czerneková V, Kott T, Majzlík I 2013: Mitochondrial D-loop sequence variation among Hucul horse. *Czech J Anim Sci* **58**: 437-442
- Di J, Ainiwaer L, Xu XM, Zhang YH, Yu LJ, Li WC 2014: Genetic trends for growth and wool traits of Chinese superfine Merino sheep using a multi-trait animal model. *Small Ruminant Res* **117**: 47-51
- Dall'Olio S, Fontanesi L, Buttazzoni L, Biaooco C, Gallo M, Russo V 2013: Association study between single nucleotide polymorphisms in candidate genes and reproduction traits in Italian Large White sows. *Livest Sci* **155**: 172-179
- Dimov G 2013: Genetic estimates at monthly and short-cut control of the sheep milk production. *Agrarni Nauki* **5**: 37-41
- Douglas SL, Edwards SA, Sutcliffe E, Knap PW, Kyriazakis I 2013: Identification of risk factors associated with poor lifetime growth performance in pigs. *J Anim Sci* **91**: 4123-4132
- Dube B, Mulugeta SD, Dzama K 2012: Estimation of genetic and phenotypic parameters for sow productivity traits in South African Large White pigs. *S Afr J Anim Sci* **42**: 389-397
- Duchacek J, Příbyl J, Stadnik L, Vostrý L, Beran J, Stolc L 2011: Stability of Aberdeen Angus breeding values in the Czech Republic from 1997 to 2007. *Czech J Anim Sci* **56**: 509-520
- Duchemin SI, Colombani C, Legarra A, Baloche G, Larroque H, Astruc JM, Barillet F, Robert-Granie C, Manfredi E 2012: Genomic selection in the French Lacaune dairy sheep breed. *J Dairy Sci* **95**: 2723-2733.
- Ducrocq V 2005: An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. *Anim Sci* **80**: 249-256
- Estany J, Villalba D, Tibau J, Soler J, Babot D, Noguera JL 2002a: Correlated response to selection for litter size in pigs: I. Growth, fat deposition, and feeding behaviour traits. *J Anim Sci* **80**: 2556-2565
- Estany J, Villalba D, Tor M, Cubilo D, Noguera JL 2002b: Correlated response to selection for litter size in pigs: II. Carcass, meat, and fat quality traits. *J Anim Sci* **80**: 2566-2573
- Flury C, Berard F, Balme B, Thomas L 2000: The study of cutaneous melanomas in Camarque-type gray skinned horses (1): clinical-pathological characterization. *Pigment Cell Res* **13**: 39-46
- Fuerst-Waltl B, Baumung R 2009: Economic values for performance and functional traits in dairy sheep. *Ital J Anim Sci* **8**: 341-357
- Galov A, Byrne K, Duras-Gomerčić M, Gomerčić T, Nushol Z, Vincek D, Kocijan I, Tadić Z, Benković T, Bašić I, Funk SM 2005: Effectiveness of nine polymorphic microsatellite markers in parentage testing in Posavina, Croatian Coldblood and Lipizzaner horse breeds in Croatia. *Livest Production Sci* **93**: 277-282
- Galov A, Byrne K, Gomerčić T, Duras M, Arbanasić H, Sindičić M, Mihelić D, Kovačić A, Funk SM 2013:

- Genetic structure and admixture between the Posavina and Croatian coldblood in contrast to Lipizzan horse from Croatia. *Czech J Anim Sci* **58**: 71-78
- Gamasae VA, Hafezian SH, Ahmadi A, Baneh H, Farhadi A, Mohamadi A 2010: Estimation of genetic parameters for body weight at different ages in Mehraban sheep. *Afr J Biotechnol* **9**: 5218-5223
- Gorjanc G, Drasler D, Birtic D, Kompan D 2009a: Growth performance of station tested rams in Slovenia. *Italian J Anim Sci* **8**: 74-76
- Gorjanc G, Gantner V, Kompan D 2009b: The lifetime production of Bovec and Improved Bovec sheep breeds. *Mljekarstvo* **59**: 114-124
- Grapes L, Firat MZ, Dekkers JCM, Rothschild MF, Fernando RL 2006: Optimal haplotype structure for linkage disequilibrium-based fine mapping of quantitative trait loci using identity by descent. *Genetics* **172**: 1955-1965
- Grisart B, Farnir F, Karim L, Cambisano N, Kim JJ, Kvasz A, Mni M, Simon P, Frère JM, Coppieters W, Georges M 2004: Genetic and functional confirmation of the causality of the DGAT1 K232A quantitative trait nucleotide in affecting milk yield and composition. *Proc Natl Acad Sci USA* **101**: 2398-2403
- Gutierrez JP, Marmi J, Goyache F, Jordana J 2005: Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J Anim Breed Genet* **122**: 378-386
- Hatcher S, Atkins KD, Safari E 2010: Lamb survival in Australian Merino Sheep: A genetic analysis. *J Anim Sci* **88**: 3198-3205
- Hayes BJ, Bowman PJ, Chamberlain AJ, Goddard ME 2009: Invited review: Genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. *J Dairy Sci* **92**: 433-443
- Heizerling LM, Feige K, Rieder S, Akens MK, Dummer R, Stranzinger G, Moelling K 2001: Tumor regression induced by intratumoral injection of DNA coding for human interleukin 12 into melanoma metastase in grey horses. *J Mol Med* **78**: 692-702
- Hermesch S, Luxford BG, Graser HU 2000: Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs. 3. Genetic parameters for reproduction traits and genetic correlations with production, carcass and meat quality traits. *Livest Production Sci* **65**: 261-270
- Holm B, Bakken M, Klemetsdal G, Vangen O 2004: Genetic correlations between reproduction and production traits in swine. *J Anim Sci* **82**: 3458-3464
- Huby M, Gogue J, Maignel L, Bidanel JP 2003: Genetic correlations between litter size and weights, piglet weight variability and piglet survival from birth to weaning (in French). *Journées Rech Porcine* **35**: 293-300
- Jamrozik J, Fatehi J, Kistemaker GJ, Schaeffer LR 2005: Estimates of genetic parameters for Canadian Holstein female reproduction traits. *J Dairy Sci* **88**: 2199-2208
- Jandasek J, Milerski M, Lichovnikova M 2014: Effect of sire breed on physico-chemical and sensory characteristics of lamb meat. *Meat Sci* **96**: 88-93
- Jones HE, Amer PR, Lewis RM, Emmans GC 2004: Economic values for changes in carcass lean and fat weights at a fixed age for terminal sire breeds of sheep in the UK. *Livest Production Sci* **89**: 1-17
- Junkuszew A, Ringdorfer F 2005: Computer tomography and ultrasound measurement as methods for the prediction of the body composition of lambs. *Small Ruminant Res* **56**: 121-125
- Kapell DNRG, Ashworth CJ, Knap PW, Roehe R 2011: Genetic parameters for piglet survival, litter size and birth weight or its variation within litter in sire and dam lines using Bayesian analysis. *Livest Sci* **135**: 215-224
- Kapell DNRG, Ashworth CJ, Walling GA, Lawrence AB, Edwards SA, Roehe R 2009: Estimation of genetic associations between reproduction and production traits based on a sire and dam line with common ancestry. *Animal* **3**: 1354-1362
- Kariuki CM, Ilatsia ED, Wasike CB, Kosgey IS, Kahi AK 2010: Genetic evaluation of growth of Dorper sheep in semi-arid Kenya using random regression models. *Small Ruminant Res* **93**: 126-134
- Kasap A, Skorput D, Kompan D, Gorjanc G, Mioc B, Potocnik K 2014: The effect of time elapsed from milking to scoring on udder linear scores and estimation of genetic parameters. *Vet Archiv* **84**: 9-18
- Khatkar MS, Thomson PC, Tammen I, Raadsma HW 2004: Quantitative trait loci mapping in dairy cattle: review and meta-analysis. *Genet Sel Evol* **36**: 163-190
- Köck A, Baumung R, Furst-Walzl B 2009: Influence of service sires on litter size and impact of the additional consideration of inbreeding on heritability in Large White and Landrace (in Deutsch). *Zuchtungskunde* **81**: 77-85
- Komprej A, Gorjanc G, Kompan D, Kovač M 2009: Covariance components by a repeatability model in Slovenian dairy sheep using test-day records. *Czech J Anim Sci* **54**: 426-434
- Komprej A, Gorjanc G, Kompan D, Kovač M 2012: Lactation curves for milk yield, fat, and protein content in Slovenian dairy sheep. *Czech J Anim Sci* **57**: 231-239
- Komprej A, Malovrh Š, Gorjanc G, Kompan D, Kovač M 2013: Genetic and environmental parameters estimation for milk traits in Slovenian dairy sheep using random regression model. *Czech J Anim Sci* **58**: 125-135
- König S, Simianer H, Willam A 2009: Economic evaluation of genomic breeding programs. *J Dairy Sci* **92**: 382-391
- Kosgey IS, Van Arendonk JAM, Baker RL 2003: Economic values for traits of meat sheep in medium to high production potential areas of the tropics. *Small Ruminant Res* **50**: 187-202
- Krejčova H, Mielenz N, Pribyl J, Schüller L 2007: Estimation of genetic parameters for daily gains of bulls with multi-trait and random regression models. *Arch Tierzucht* **50**: 37-46

- Krupa E, Wolf J 2013: Simultaneous estimation of genetic parameters for production and litter size traits in Czech Large White and Czech Landrace pigs. *Czech J Anim Sci* **58**: 429-436
- Krupova Z, Krupa E, Wolfova M 2013: Impact of economic parameters on economic values in dairy sheep. *Czech J Anim Sci* **58**: 21-30
- Krupová Z, Wolfová M, Wolf J, Oravcová M, Margetín M, Peškovičová D, Krupa E, Daňo J 2009: Economic values for dairy sheep breeds in Slovakia. *Asian Austral J Anim* **22**: 1693-1702
- Liu N, Zhang K, Zhao H 2008: Haplotype-association analysis. *Adv Genet* **60**: 335-405
- Lôbo RNB, Pereira IDC, Facó O 2011: Economic values for production traits of Morada Nova meat sheep in a pasture based production system in semi-arid Brazil. *Small Ruminant Res* **96**: 93-100
- M'hamdi N, Aloulou R, Brar SK, Bouallegue M, Ben Hamouda M 2010: Study on functional longevity of Tunisian Holstein dairy cattle using a Weibull proportional hazards model. *Livest Sci* **132**: 173-176
- Mahrous KF, Hassanane M, Mordy MA, Shafey HI, Hassan N 2011: Genetic variations in horse using microsatellite markers. *J Genetic Engineering and Biotechnology* **9**: 103-109
- Mai MD, Rychtarova J, Zink V, Lassen J, Gludbrandsten B 2010: Quantitative trait loci for milk production and functional traits in Danish cattle breeds. *J Anim Breed Genet* **127**: 469-473
- Mandal A, Dass G, Rout PK 2012: Model comparisons for estimation of genetic parameters of pre-weaning daily weight gains in Muzaffarnagari sheep. *Small Ruminant Res* **106**: 118-124
- Mäntysaari E, Liu Z, VanRaden P 2010: Interbull validation test for genomic evaluations. *Interbull Bulletin* **41**: 17-22
- Marklund LS, Moller MJ, Sandberg K, Andersson L 1996: A missense mutation in the gene for melanocyte-stimulating hormone receptor (MC1R) is associated with chestnut coat colour in horses. *Mamm Genome* **7**: 895-899
- Matejicková J, Stipková M, Sahana G, Kott T, Kyselova J, Matejcek A, Kottova B, Sefrova J, Krejcová M, Melcova S 2013: QTL mapping for production traits in Czech Fleckvieh cattle. *Czech J Anim Sci* **58**: 396-403
- Maxa J, Norberg E, Berg P, Pedersen J 2007: Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. *Small Ruminant Res* **68**: 312-317
- Maxa J, Sharifi AR, Pedersen J, Gauly M, Simianer H, Norberg E 2009: Genetic parameters and factors influencing survival to twenty-four hours after birth in Danish meat sheep breeds. *J Anim Sci* **87**: 1888-1895
- Maximini L, Brown DJ, Baumung R, Fuerst-Waltl B 2012: Genetic parameters of ultrasound and computer tomography scan traits in Austrian meat sheep. *Livest Sci* **146**: 168-174
- Meszaros G, Kadlecik O, Kasarda R, Sölkner J 2013: Analysis of longevity in the Slovak Pinzgau population-extension to the animal model. *Czech J Anim Sci* **58**: 289-295
- Meuwissen THE, Hayes BJ, Goddard ME 2001: Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* **157**: 1819-1829
- Meyer K 2005: Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genet Sel Evol* **37**: 473-500
- Milerski M 2001: *In vivo* assessment of meatiness and fattiness of Charolais ram-lambs. *Czech J Anim Sci* **46**: 275-280
- Milerski M, Margetin M, Čapistrák A, Apolen D, Španík J, Oravcová M 2006: Relationships between external and internal udder measurements and the linear scores for udder morphology traits in dairy sheep. *Czech J Anim Sci* **51**: 383-390
- Misztal I, Legarra A, Aguilar I 2009: Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J Dairy Sci* **92**: 4648-4655
- Mohammadi H, Shahrababak MM, Shahrababak HM, Vatankhah M 2012: Estimation of genetic parameters of reproductive traits in Zandi sheep using linear and threshold models. *Czech J Anim Sci* **57**: 382-388
- Mortimer SI, Van der Werf JHJ, Jacob RH, Hopkins DL, Pannier L, Pearce KL, Gardner GE, Warner RD, Geesink GH, Edwards JEH, Ponnampalam EN, Ball AJ, Gilmour AR, Pethick DW 2014: Genetic parameters for meat quality traits of Australian lamb meat. *Meat Sci* **96**: 1016-1024
- Mucha A, Ropka-Molik K, Piorowska K, Tyra M, Oczkiewicz M 2013: Effect of EGF, AREG and LIF genes polymorphisms on reproductive traits in pigs. *Anim Reprod Sci* **137**: 88-92
- Nagyne-Kiszlinger H, Farkas J, Kover G, Nagy I 2013: Selection for reproduction traits in Hungarian pig breeding in a two-way cross. *Anim Sci Pap Rep* **31**: 315-322
- Nemcova E, Stipkova M, Zavadilova L 2011: Genetic parameters for linear type traits in Czech Holstein cattle. *Czech J Anim Sci* **4**: 157-162
- Nemcova E, Stipkova M, Zavadilova L, Bouska J, Vacek M 2007: The relationship between somatic cell count, milk production and six linearly scored type traits in Holstein cows. *Czech J Anim Sci* **12**: 437-446
- Nesetrilova H 2005: Multiphasic growth models for cattle. *Czech J Anim Sci* **50**: 347-354
- Nobre PRC, Misztal I, Tsuruta S, Bertrand JK, Silva LOC, Lopes PS 2003a: Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J Anim Sci* **81**: 918-926
- Nobre PRC, Misztal I, Tsuruta S, Bertrand JK, Silva LOC, Lopes PS 2003b: Genetic evaluation of growth in Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J Anim Sci* **81**: 917-932
- Oravcová M, Margetin M, Peškovičová D, Daňo J, Milerski M, Hetényi L, Polák P 2006: Factors affecting milk yield and ewe's lactation curves estimated with test-day models. *Czech J Anim Sci* **51**: 183-490



- Pachova E, Zavadilova L, Sölkner J 2005: Genetic evaluation of the length of productive life in Holstein cattle in the Czech Republic. *Czech J Anim Sci* **50**: 493-498
- Patry C, Hossein J, Ducrocq V 2013: Effects of a national genomic preselection on the international genetic evaluations. *J Dairy Sci* **96**: 3272-3284
- Park T, Casella G 2008: The Bayesian LASSO. *J Am Stat Assoc* **103**: 681-686
- Pjontek J, Kadlečik O, Kasarda R, Horný M 2012: Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. *Czech J Anim Sci* **57**: 54-64
- Pelmus RS, Pistol GC, Lazar C, Gras MA, Ghita E 2014: Estimation of genetic parameters for milk traits in Romanian local sheep breed. *Revista Mvz Cordoba* **19**: 4033-4040
- Pribyl J, Haman J, Kott T, Pribylova J, Simečkova M, Vostry L, Zavadilova L, Cermak V, Ruzicka Z, Splichal J, Verner M, Motycka J, Vondrasek L 2012: Single-step prediction of genomic breeding value in a small dairy cattle population with strong import of foreign genes. *Czech J Anim Sci* **57**: 151-159
- Pribyl J, Madsen P, Bauer J, Pribylova J, Simečkova M, Vostry L, Zavadilova L 2013: Contribution of domestic production records, Interbull estimated breeding values, and single nucleotide polymorphism genetic markers to the single-step genomic evaluation of milk production. *J Dairy Sci* **95**: 1865-1873
- Pribyl J, Pribylova J, Krejčova H, Mielenz N 2008: Comparison of different traits to evaluate the growth of bulls. *Czech J Anim Sci* **53**: 273-283
- Pryce JE, Goddard ME, Raadsma HW, Hayes BJ 2010: Deterministic models of breeding scheme designs that incorporate genomic selection. *J Dairy Sci* **93**: 5455-5466
- Rashidi A, Mokhtari MS, Esmailizadeh AK, Asadi Fozi M 2011: Genetic analysis of ewe productivity traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Res* **96**: 11-15
- Rieder S, Taourit S, Mariat D, Langlois B, Guérin G 2001: Mutations in the agouti (ASIP), the extension (MC1R), and the brown (TYRP1) loci and their association to coat colour phenotypes in horses (*Equus caballus*). *J Mammalian Genome* **12**: 450-455
- Rius-Vilarrasa E, Bünger L, Maltin C, Matthews KR, Roehle R 2009: Evaluation of Video Image Analysis (VIA) technology to predict meat yield of sheep carcasses on-line under UK abattoir conditions. *Meat Sci* **82**: 94-100
- Rovai M, Caja G, Such X 2009: Evaluation of udder cisterns and effects on milk yield of dairy ewes. *J Dairy Sci* **91**: 4622-4629
- Rychtarova J, Sztankoova Z, Kyselova J, Zink V, Stipkova M, Vacek M, Stolc L 2014: Effect of DGAT1, BTNA1A1, ORL1 and STAT1 genes on milk production and reproduction traits in the Czech Fleckvieh breed. *Czech J Anim Sci* **59**: 45-53
- Sadeghi S, Rafat A, Bohloul M 2014: Effect of crossbreeding on linear udder scores and their phenotypic relationships in Iranian fat-tailed ewe's. *Biotechnol Anim Husband* **30**: 61-77
- Schaeffer LR 2006: Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J Anim Breed Genet* **123**: 218-223
- Schild HJ, Niebel E, Gotz KU 2003: Across country genetic evaluation of beef traits in Middle European dual purpose breeds. *Interbull Bulletin* **31**: 158-162
- 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 Res* **119**: 33-38
- Scobie DR, Bray AR, Smith MC, Woods JL, Morris CA, Hickey SM 2012: Wool staple tenacity in New Zealand Romney sheep: heritability estimates, correlated traits, and direct response to selection. *Anim Prod Sci* **52**: 448-455
- Serenius T, Sevón-Aimonen ML, Mantysaari EA 2003: Effect of service sire and validity of repeatability model in litter size and farrowing interval of Finnish Landrace and Large White populations. *Livest Production Sci* **81**: 213-222
- Signorelli F, Orru L, Napolitano F, De Matteis G, Scata M C, Catilo G, Marchitelli C, Moioli, B 2009: Exploring polymorphisms and effects on milk traits on the DGAT1, SCD1 and GHR genes in four cattle breeds. *Livest Sci* **125**: 74-79
- Skorput D, Gorjanc G, Dikic M, Lukovic Z 2014: Genetic parameters for litter size in Black Slavonian pigs. *Span J Agric Res* **12**: 89-97
- Skorput D, Kasap A, Gorjanc G 2011: Estimation of variance components for litter size in the first and later parities in improved Jezersko-Solcava sheep. *Agric Conspec Sci* **76**: 337-340
- Sölkner J, Petschina R 1999: Relationship between type traits and longevity in Australian Simmental cattle. *Interbull Bulletin* **21**: 91-96
- Stachurska A, Brodacki A, Grabowska J 2012: Allele frequency in loci which control coat colours in Hucul horse population. *Czech J Anim Sci* **57**: 178-186
- Strapak P, Candrak J, Amann J 2005: Relationship between longevity and selected production, reproduction and type traits. *Czech J Anim Sci* **50**: 1-6
- Su G, Lund MS, Sorensen D 2007: Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. *J Anim Sci* **85**: 1385-1392
- Sullivan PG, VanRaden PM 2009: Development of genomic GMACE. *Interbull Bulletin* **40**: 157-161
- Sun C, Madsen P, Nielsen US, Zhang Y, Lund MS, Su G 2009: Comparison between a sire model and an

- animal model for genetic evaluation of fertility traits in Danish Holstein population. *J Dairy Sci* **92**: 4063-4071
- Svitakova A, Bauer J, Pribyl J, Vesela Z, Vostry L 2014: Changing of genetic parameters and assessing the suitability of the test method over time. *Czech J Anim Sci* **59**: 19-25
- Szyda J, Zukowski K, Kamiński S, Zarnęcki A 2013: Testing different single nucleotide polymorphisms selection strategies for prediction of genomic breeding values in dairy cattle based on low density panels. *Czech J Anim Sci* **58**: 136-145
- Tsuruta S, Misztal I, Tawlor 2005: Changing definitions of productive life in US Holsteins. Effect on genetic correlations. *J Dairy Sci* **88**: 1156-1165
- VanRaden PM 2008: Efficient methods to compute genomic predictions. *J Dairy Sci* **91**: 4414-4423
- VanRaden PM, Van Tassell CP, Wiggans GR, Sonstegard TS, Schnabel RD, Taylor JF, Schenkel FS 2009: Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *J Dairy Sci* **92**: 16-24
- Vatankhah M, Talebi MA 2009: Genetic and non-genetic factors affecting mortality in Lori-Bakhtiari lambs. *Asian Austral J Anim* **22**: 259-464
- Vesela Z, Vostry L, Safus P 2011: Linear and linear-threshold model for genetic parameters for SEUROP carcass traits in Czech beef cattle. *Czech J Anim Sci* **56**: 414-425
- Vincente AA, Carolino N, Gama LT 2012: Genetic diversity in the Lusitano horse breed assessed by pedigree analysis. *J Livest Sci* **148**: 16-25
- Vostry L, Capkova Z, Pribyl J, Hofmanova B, Vostra-Vydrova H, Mach K 2011: Population structure of Czech cold-blooded breeds of horses. *Arch Tierz* **54**: 1-9
- Vostry L, Hofmanova B, Vostra Vydrova H, Pribyl J, Majzlik I 2012c: Estimation of genetic parameters for melanoma in the Old Kladruher horse. *Czech J Anim Sci* **57**: 75-82
- Vostry L, Milerski M 2013: Genetic and non-genetic effects influencing lamb survivability in the Czech Republic. *Small Ruminant Res* **113**: 47-54
- Vostry L, Pribyl J, Simecek P 2012b: Reduction of traits for genetic evaluation of linear described traits in the Old Kladruher horse. *Czech J Anim Sci* **57**: 160-170
- Vostry L, Vesela Z, Pribyl J 2012a: Genetic parameters for growth of young beef bulls. *Arch Tierz* **55**: 245-254
- Vostry L, Vesela Z, Krupa E 2014: Genetic evaluation of the growth of beef bulls at a performance test station. *J Anim Feed Sci* **23**: 37-44
- Wall E, Brotherstone S, Woolliams JA, Banos G, Coffey MP 2003: Genetic evaluation of fertility using direct and correlated traits. *J Dairy Sci* **86**: 4093-4102
- Wiggans GR, Cooper TA, VanRaden PM, Olson KM, Tooker ME 2012: Use of the Illumina Bovine3K BeadChip in dairy genomic evaluation. *J Dairy Sci* **95**: 1552-1558
- Wittenbourg D, Guiard V, Teuscher F, Reinsch N 2011: Analysis of birth weight variability in pigs with respect to liveborn and total born offspring. *J Anim Breed Genet* **128**: 35-43
- Wolc A, Barczak E, Wojtowski J, Slosarz P, Szwaczkowski T 2011: Genetic parameters of body weight in sheep estimated via random regression and multi-trait animal models. *Small Ruminant Res* **100**: 15-18
- Wolf J, Wolfova M 2012a: Effect of service sire on litter size traits in Czech Large White and Landrace pigs. *Czech J Anim Sci* **57**: 220-230
- Wolf J, Wolfova M 2012b: Genetic parameters including the service sire effect for the sow traits stillbirth and piglet losses in Czech Large White and Landrace. *Czech J Anim Sci* **57**: 402-409
- Wolf J, Zakova E, Groeneveld E 2008: Within-litter variation of birth weight in hyperprolific Czech Large White sows and its relation to litter size traits, stillborn piglets and losses until weaning. *Livest Sci* **115**: 195-205
- Wolfova M, Wolf J, Kvapilik J, Kica J 2007: Selection for profit in cattle: I. Economic weights for purebred dairy cattle in the Czech Republic. *J Dairy Sci* **90**: 2442-2455
- Wolfova M, Wolf J, Milerski M 2009: Calculating economic values for growth and functional traits in non-dairy sheep. *J Anim Breed Genet* **126**: 480-491
- Wolfova M, Wolf J, Milerski M 2011a: Economic weights of production and functional traits for Merinolandschaf, Romney, Romanov and Sumavská sheep in the Czech Republic. *Small Ruminant Res* **99**: 25-33
- Wolfova M, Wolf J, Milerski M 2011b: Calculating economic weights for sheep sire breeds used in different breeding systems. *J Anim Sci* **89**: 1698-1711
- Wuliji T, Dodds KG, Andrews RN, Turner R 2011: Selection response to fleece weight, wool characteristics, and heritability estimates in yearling Romney sheep. *Livest Sci* **135**: 26-31
- Zavadilova L, Nencova E, Stipkova M 2011a: Effect of type traits on functional longevity of Czech Holstein cows estimated from a Cox proportional hazards models. *J Dairy Sci* **94**: 4090-4099
- Zavadilova L, Nencova E, Stipkova M, Bouska J 2009: Relationship between longevity and conformation traits in Czech Fleckvieh cows. *Czech J Anim Sci* **54**: 387-394
- Zavadilova L, Stipkova M 2012: Genetic correlations between longevity and conformation traits in the Czech Holstein population. *Czech J Anim Sci* **57**: 125-136
- Zavadilova L, Stipkova M 2013: Effect of age at first calving on longevity and fertility traits for Holstein cattle. *Czech J Anim Sci* **58**: 47-57
- Zavadilova L, Wolf J, Stipkova M, Nencova E, Jamrozik J 2011b: Genetic parameters for somatic cell score in

- the first three lactations of Czech Holstein and Fleckvieh breeds using a random regression model. *Czech J Anim Sci* **56**: 251-260
- Zavadiłova L, Zink V 2013: Genetic relationship of functional longevity with female fertility and milk production traits in Czech Holsteins. *Czech J Anim Sci* **58**: 554-565
- Zink V, Lassen J, Stipková M 2012: Genetic parameters for female fertility and milk production traits in first-parity Czech Holstein cows. *Czech J Anim Sci* **57**: 108-114
- Zishiri OT, Cloete SWP, Olivier JJ, Dzama K 2014: Genetic parameters for live weight traits in South African terminal sire sheep breeds. *Small Ruminant Res* **116**: 118-125

Příloha II. Schmidová et al. (2014).

Odhad genetických parametrů pro velikost vrhu u vybraných plemen ovčí: charollais, romney, merinolandschaf, romanovská ovce, suffolk, šumavská ovce a texel.

**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.**



Contents lists available at ScienceDirect

## Small Ruminant Research

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/smallrumres](http://www.elsevier.com/locate/smallrumres)

# Estimation of genetic parameters for litter size in Charollais, Romney, Merinolandschaf, Romanov, Suffolk, Šumava and Texel breeds of sheep



Jitka Schmidová<sup>a,b,\*</sup>, Michal Milerski<sup>b</sup>, Alena Svitaková<sup>a,b</sup>, Luboš Vostrý<sup>a,b</sup>,  
Alexandra Novotná<sup>a,b</sup>

<sup>a</sup> Czech University of Life Sciences in Prague, Faculty of Agrobiological Sciences, Kamýcká 129, Prague – 6 Suchbátka 165 21, Czech Republic

<sup>b</sup> Institute of Animal Science, Přátelství 815, Prague-Uhřetěves 104 01, Czech Republic

## ARTICLE INFO

### Article history:

Received 10 December 2013

Received in revised form 12 February 2014

Accepted 16 February 2014

Available online 26 February 2014

### Keywords:

Sheep

Prolificacy

Litter size

Heritability

Repeatability

## ABSTRACT

The objective of this investigation was to estimate genetic parameters for litter size in Charollais, Romney, Merinolandschaf, Romanov, Suffolk, Šumava and Texel breeds of sheep. These breeds account for more than three quarters of the recorded sheep population in the Czech Republic. A total of 143,896 lambing records from 1990 to 2012 were analyzed. Variance components and genetic parameters for litter size were estimated separately for each breed using the animal model with repeatability. The 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. Estimates of phenotype variance ( $\sigma_p^2$ ) 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 (0.0001–0.0262). The variance of common environment of contemporary group ( $\sigma_{CC}^2 = 0.0223$ –0.1309) had bigger influence on the total variability of litter size in almost all breeds than additive genetic variance ( $\sigma_a^2 = 0.0146$ –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 ( $h^2 = 0.1091$ ;  $r_{rep}^2 = 0.1129$ ). We conclude that genetic parameters did differ among the investigated breeds, which should be taken into account in breeding value estimation.

© 2014 Elsevier B.V. All rights reserved.

## 1. Introduction

Good reproductive performance of lambing ewes is a basic prerequisite to efficient production of lamb meat.

Litter size (the number of lambs born per ewe lambing) is the most frequently used selection criterion among all reproductive traits (Rao and Notter, 2000). Litter size has a substantial influence on the total weight of lambs reared per ewe. According to a number of studies, improving reproductive traits has higher economic significance than increasing daily weight gain in sheep (Wang and Dickerson, 1991; Wolfová et al., 2011a,b).

Response to direct selection for litter size is limited by low heritability of the trait, due partly to its discrete phenotypic expression (Hill, 1985). Fogarty (1995) and Safari

\* Corresponding author at: Institute of Animal Science, Přátelství 815, Prague-Uhřetěves 10401, Czech Republic. Tel.: +420 267 009 629.

E-mail addresses: [Schmidova.jitka@vuzv.cz](mailto:Schmidova.jitka@vuzv.cz) (J. Schmidová), [milerski.michal@vuzv.cz](mailto:milerski.michal@vuzv.cz) (M. Milerski), [svitakova.alena@vuzv.cz](mailto:svitakova.alena@vuzv.cz) (A. Svitaková), [vostry@af.czu.cz](mailto:vostry@af.czu.cz) (L. Vostrý), [pejosova.alexandra@vuzv.cz](mailto:pejosova.alexandra@vuzv.cz) (A. Novotná).

et al. (2005) reported that average estimated heritability for litter size is 0.1 but that the substantial coefficient of variation for the trait suggests the potential for genetic improvement. Selection for litter size has been included in many selection programs throughout the world (Hanford et al., 2002; Hulet et al., 1984; Maxa et al., 2007), in some cases even as the primary breeding goal (Boujenane et al., 2013; Matos et al., 1997). Taking into account the low heritability of litter size, it is advisable to employ the maximum amount of information on individual performance and that of relatives using the BLUP Animal Model methodology for the estimation of breeding values for this trait.

Due to nature of observed trait (litter size) a threshold model seems to be useful. Threshold models usually result in higher heritability estimates for discrete traits (Matos et al., 1997; Veselá et al., 2011). A scale with 4 or more levels of thresholds tends to rank animals similarly using linear and threshold models (Ramirez-Valverde et al., 2001; Lee et al., 2002). Luo et al. (2001) also stated that convergence is problematic in threshold models and that convergence can result in overestimations of genetic parameters. The implementation of threshold models often requires complicated computations, requiring substantially more time than when using a linear model (Misztal et al., 1989; Kadarmideen et al., 2000). Thus, threshold models are less suitable for practical application in breeding value prediction.

Since 2003, breeding values for litter size in the Czech Republic have been computed by BLUP Animal Model method, using variance components estimated from analyses of all recorded breeds (Milerski, 2005). However, experience of sheep producers and published information (Hagger, 2002; Janssens et al., 2004; Rao and Notter, 2000) suggest that breeds may differ importantly in phenotypic variance and its distribution among genetic and environmental effects. Safari et al. (2005) compared 19 independent studies dealing with genetic parameter estimates for litter size. Many included genetic parameter estimates for litter size (Boujenane et al., 2013; Maria, 1995; Mohammadi et al., 2012; Rashidi et al., 2011), but only few included more than three breeds within a region or country (Hagger, 2002; Rao and Notter, 2000).

The objective of this investigation was to estimate genetic parameters for litter size in the most numerous sheep breeds in the Czech Republic, Charollais (CH), Merinolandschaf (ML), Romanov sheep (R), Romney (RM), Suffolk (SF), Šumava sheep (S) and Texel (T), and the relevance of that information in breeding value prediction.

## 2. Materials and methods

### 2.1. Data

Performance test data from 1990 to 2012 were provided by the Sheep and Goat Breeders Association of the Czech Republic. The database with records on 273,006 lambings contained information on: animal (lambing ewe), herd, date of lambing, parity, ewe age at lambing, interval between successive lambings, breed and litter size. Sire and dam identification were added from the pedigree database. Four generations of known ancestors were used for the estimation of genetic parameters (Table 1). Litter size was recorded on the day of lambing as total number of lambs born. The following records were deleted from the database prior to analysis: ewes with an unknown date of birth (and therefore unknown age), ewes

lambing at younger than 10 months or older than 140 months of age, lambing ewes which sire had less than 5 daughters with performance. Genetic parameters were estimated for the seven breeds (CH, ML, R, RM, SF and T) that comprise more than three quarters of the purebred sheep population included in performance testing in the Czech Republic.

To create groups of animals lambing under similar conditions, lambing records within each flock were arranged according to date of lambing. Subsequently, the contemporary group (CG) effect was created, with ewes that lambed within successive 40-day intervals in a given herd and year constituting the CG's. Those with fewer than 10 ewes were excluded from variance component estimation analyses. The database adjusted in this way contained data on 143,896 lambings. The quantities of data on each breed are shown in Table 1. Suffolk was the most numerous breed (13,202 ewes, 38,442 lambings, average litter size 1.62 with SD of 0.60), and Šumava was the second (9 908 ewes, 34,075 lambings, average litter size 1.32 with SD of 0.49).

Ewe age at lambing time was categorized into the following groups: 10–18 months, 19–30 months, then groups by successive 12 month periods and a final group from 103 to 140 months of age. Because ewes lambing for the first time were expected to have lower fertility and fecundity, the 19–30 month old ewe group was further divided into ewes lambing for the first time and those having lambed for the first time at 10–18 month. Thus, there were 10 classes divided according to age and parity.

### 2.2. Statistical methods

The model equation for the analysis of variance of litter size was determined based upon preliminary investigation of the effects of ewe age, parity, flock, lambing month, lambing year, CG and interval between subsequent lambings using the GLM and MIXED methods in the SAS program (SAS 9.1.3). Variance components were estimated by the restricted maximum likelihood method using the AIREMLF90 program (Misztal et al., 2002) according to the single-trait repeatability model:

$$LS_{ijk} = A_i + CG_j + adir_k + pe_k + e_{ijk}$$

where  $LS_{ijk}$  is the litter size of animal  $k$ ;  $A_i$  is the age class at lambing;  $CG_j$  is the random effect of contemporary group;  $adir_k$  is the random direct additive genetic effect of animal  $k$ ;  $pe_k$  is the random permanent environmental effect;  $e_{ijk}$  is the random residual.

Heritability ( $h^2$ ) and repeatability ( $r_{rep}^2$ ) coefficients were computed:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_{CG}^2 + \sigma_e^2} \quad (2)$$

$$r_{rep}^2 = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_{CG}^2 + \sigma_e^2} \quad (3)$$

where  $\sigma_a^2$  is the additive genetic variance;  $\sigma_{pe}^2$  is the permanent environmental variance;  $\sigma_{CG}^2$  is the contemporary group variance;  $\sigma_e^2$  is the residual variance.

## 3. Results and discussion

### 3.1. Descriptive statistics

In addition to information on the database structure, Table 1 presents means, standard deviations, coefficients of variation and maximum number of lambs born per litter for each of the investigated breeds. Average number of lambs born per litter ranged from 1.32 in Šumava to 2.49 in Romanov, in which the highest maximum litter size (7) was recorded. Wolfová et al. (2011a) reported similar average values of litter size in the same region for Merinolandschaf, Romney, Šumava and Romanov breeds: 1.41, 1.51, 1.30 and 2.48, respectively.

Other investigations have reported average litter sizes of 2.34 for Romanov (Maria and Ascaso, 1999), 1.95 for Suffolk (Rao and Notter, 2000), 1.48 for Suffolk and 1.38 for Texel (Maxa et al., 2007). As expected, variability of litter size as represented by its standard deviation (SD) was

**Table 1**

Number of records, ewes, sires, animals in pedigree and contemporary groups and mean litter size, standard deviation (SD), coefficient of variation (CV%) and maximum number of lambs in litter for various breeds.

Breed	Records	Ewes	Sires	Animals	CG	Means	SD	CV (%)	Max
Charollais	14,372	5129	994	8195	2061	1.549	0.601	38.80	6
Romney	24,276	7195	341	8447	888	1.549	0.581	37.51	4
Merinolandschaf	18,048	5679	506	8945	1405	1.428	0.548	38.38	6
Romanov	7750	2775	314	3489	1415	2.489	0.911	36.60	7
Šumava	34,075	9908	537	12,620	1667	1.322	0.488	36.91	4
Suffolk	38,442	13,202	1139	18,846	3186	1.623	0.601	37.03	5
Texel	6933	2427	386	3874	909	1.536	0.574	37.37	4

*Explanations:* Records: number of lambings; Ewes: number of ewes with performance; Sires: number of sires with 5 and more ewes in performance control; Animals: number of animals in pedigree; CG: number of contemporary groups with 10 and more ewes in performance control; Means: average means of litter size (all lambs born); SD: standard deviation; CV: coefficient of variation (%); Max: the highest number of lambs in litter.

higher in breeds with higher fecundity; whereas the coefficient of variation (CV) was similar in all breeds, its value ranged from 36.6% to 38.8%. The distribution of litter size is shown in Table 2. The highest ratio for single-born lambs is in Šumava (68.9%), the ratio for twins ranges from 30.2% for Šumava to 50.2% for Suffolk. Triplets and more lambs in a litter are rare except Romanov (35.3% of triplets).

### 3.2. Ewe age

GLM and MIXED procedures in the SAS program were used to examine the effects of ewe age, parity, lambing month, lambing year, interval between lambings, herd and CG (data not shown). There were close correlations between dam age and parity, ranging from 0.795 in Romney to 0.868 in Suffolk, which is consistent with the prevailing management system of one lambing per year. For the estimation of genetic parameters, the effect of ewe age at lambing was modeled as a fixed effect and CG as a random effect. Other effects in the model had low coefficients of determination or multi-collinearity. As in most breeds, there were significant differences (Table 3) in litter size between ewes (19–30 months old) lambing for the first time (1.42, 1.36, 1.30 and 2.38 lambs per ewe in CH, RM, ML, and R, respectively) and ewes in similarly age lambing for the second time (1.53, 1.51, 1.35 and 2.48, respectively), this age group was also divided into two groups for the estimation of genetic parameters. The ability of multiparous females to produce larger litters is influenced, *inter alia*, by age and by preceding reproductive experience (Kasap et al., 2013; Maria and Ascaso, 1999).

One-year ewes of the seven breeds produced from 0.179 to 0.415 fewer lambs per litter than the overall average litter size of the same breed, which corresponds to 73.92 to 86.46% of adult performance. Notter (2000) reported a difference of 0.47 in Suffolk (0.38 in the present

study) and a still larger difference in Targhee and Poly-pay breeds, 0.6–0.7 lambs. The number of lambs born per year increased until 4–6 years of age, varying somewhat among breeds. This is consistent with results of Škorput et al. (2011), who studied litter size in improved Jezerško-Solcava sheep, where Romanov crossed into the breed to improved genetic disposition. Škorput et al. (2011) also compared the use of a two-trait animal model in which the trait of litter size was divided into litter size at first lambing and litter size at subsequent lambings. Correlations between breeding values computed in this way and breeding values predicted by a single-trait model exceeded 0.97, suggesting that litter size at first lambing or at subsequent lambings could be considered as a single trait. Hagger (2002) draw similar conclusions when comparing genetic correlations among litter sizes at the first three lambings.

### 3.3. Contemporary groups

In this study, a CG consisted of a group of ewes in the same flock that were managed under the same conditions and lambed within a 40-day period. Alternatively, Hagger (2002) treated each CG as a flock x year subclass. Also, to enable using information from small flocks, he combined two adjacent years. Henderson (1973) stated that if CG were defined as a fixed effect, genetic evaluations could be expressed as invariant to CG effects. Ugarte et al. (1992) proposed considering CG as a random effect, with sires non-randomly distributed across CGs. Taking into account data structure and situation in the sheep herd, contemporary group was treated as random effect in the current investigation.

### 3.4. Heritability and repeatability

Breeding values for litter size in the Czech Republic are currently predicted using genetic parameters estimated in

**Table 2**

Distribution of the number of lambs in litter.

	1	2	3	4	5	6	7
Charollais	7261	6360	721	29	1		
Romney	11,997	11,258	983	38			
Merinolandschaf	10,773	6864	376	29	5	1	
Romanov	992	3068	2738	823	116	12	1
Šumava	23,467	10,275	329	4			
Suffolk	16,852	19,308	2211	68	3		
Texel	3494	3170	264	5			

**Table 3**  
Number of lambing, average (LSM) and standard error for litter size in different age and parity classes of ewes.

Breed	Age in months	10–18	19–30 primiparous	19–30 multiparous	31–42	43–54	55–66	67–78	79–90	91–102	103–140
Charollais	<i>n</i>	1269	2287	1202	3016	2521	1917	1170	567	280	143
	LSM	1.25 <sup>a</sup>	1.42 <sup>b</sup>	1.53 <sup>c</sup>	1.61 <sup>d</sup>	1.67 <sup>e</sup>	1.69 <sup>ef</sup>	1.64 <sup>gde</sup>	1.63 <sup>hde,efg</sup>	1.63 <sup>i,de,efg,h</sup>	1.57 <sup>c,g,d,h,i</sup>
	SE	0.016	0.012	0.016	0.010	0.011	0.013	0.017	0.024	0.035	0.049
Merinolandschaf	<i>n</i>	769	3063	703	3750	3156	2552	1808	1174	694	380
	LSM	1.16 <sup>a</sup>	1.30 <sup>b</sup>	1.35 <sup>c</sup>	1.43 <sup>d</sup>	1.48 <sup>e</sup>	1.53 <sup>f</sup>	1.50 <sup>gef</sup>	1.53 <sup>h,fg</sup>	1.49 <sup>i,efg,h</sup>	1.46 <sup>d,efg,h,i</sup>
	SE	0.019	0.009	0.020	0.008	0.009	0.010	0.012	0.015	0.020	0.027
Romney	<i>n</i>	1979	3793	1604	4784	4033	3290	2335	1536	639	283
	LSM	1.15 <sup>a</sup>	1.36 <sup>b</sup>	1.51 <sup>c</sup>	1.57 <sup>d</sup>	1.66 <sup>e</sup>	1.68 <sup>f</sup>	1.70 <sup>ef</sup>	1.66 <sup>h,ef</sup>	1.57 <sup>id</sup>	1.50 <sup>c,d,i</sup>
	SE	0.012	0.009	0.013	0.008	0.008	0.009	0.011	0.014	0.022	0.033
Romanov	<i>n</i>	1330	872	992	1556	1090	788	524	285	172	141
	LSM	2.07 <sup>a</sup>	2.38 <sup>b</sup>	2.48 <sup>c</sup>	2.65 <sup>d</sup>	2.74 <sup>e</sup>	2.74 <sup>fe</sup>	2.65 <sup>gde</sup>	2.60 <sup>h,de,g</sup>	2.50 <sup>jb,c</sup>	2.40 <sup>c,b,i</sup>
	SE	0.024	0.029	0.027	0.022	0.026	0.031	0.038	0.052	0.067	0.074
Šumava	<i>n</i>	677	6249	639	6427	5690	4804	3893	2815	1764	1462
	LSM	1.14 <sup>a</sup>	1.25 <sup>b</sup>	1.27 <sup>cb</sup>	1.29 <sup>dc</sup>	1.34 <sup>e</sup>	1.37 <sup>f</sup>	1.38 <sup>ef</sup>	1.38 <sup>h,fg</sup>	1.37 <sup>i,fg,h</sup>	1.34 <sup>ei</sup>
	SE	0.018	0.006	0.019	0.006	0.006	0.006	0.007	0.009	0.011	0.012
Suffolk	<i>n</i>	2310	7823	2040	8422	6527	4850	3286	1918	773	493
	LSM	1.25 <sup>a</sup>	1.53 <sup>b</sup>	1.54 <sup>cb</sup>	1.66 <sup>d</sup>	1.70 <sup>e</sup>	1.72 <sup>fe</sup>	1.71 <sup>gef</sup>	1.68 <sup>h,de,g</sup>	1.64 <sup>i,dh</sup>	1.53 <sup>bc</sup>
	SE	0.012	0.006	0.013	0.006	0.007	0.008	0.010	0.013	0.021	0.026
Texel	<i>n</i>	677	1160	669	1468	1103	755	505	299	179	118
	LSM	1.18 <sup>a</sup>	1.45 <sup>b</sup>	1.43 <sup>cb</sup>	1.60 <sup>d</sup>	1.62 <sup>cd</sup>	1.64 <sup>fe</sup>	1.62 <sup>gde,ef</sup>	1.56 <sup>hd</sup>	1.51 <sup>i,b,d,h</sup>	1.40 <sup>b,c,i</sup>
	SE	0.021	0.016	0.021	0.014	0.016	0.020	0.024	0.032	0.041	0.051

<sup>a–i</sup>Means in the same row with different superscripts differ significantly, means with same superscript is not differ significantly.



**Table 4**

Variance components and genetic parameters for litter size in different sheep breeds for linear model.

Breed	$\sigma_e^2$	$\sigma_a^2$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_{CG}^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$ (SE)	$k$	$r_{rep}^2$ (SE)	$c^2$	$e^2$	$CG^2$
Charollais	0.2583	0.0356	0.0001	0.0402	0.3343	0.11 (0.0159)	7.25	0.11 (0.0167)	0.0004	0.7727	0.1203
Romney	0.2610	0.0194	0.0057	0.0231	0.3091	0.06 (0.0052)	13.48	0.08 (0.0128)	0.0185	0.8443	0.0746
Merinol.	0.2289	0.0309	0.0011	0.0223	0.2832	0.11 (0.0103)	7.41	0.11 (0.0149)	0.0038	0.8083	0.0788
Romanov	0.5635	0.0587	0.0262	0.1309	0.7793	0.08 (0.0145)	9.60	0.11 (0.0227)	0.0336	0.7230	0.1680
Šumava	0.1900	0.0146	0.0048	0.0264	0.2358	0.06 (0.0065)	13.02	0.08 (0.0108)	0.0204	0.8058	0.1119
Suffolk	0.2696	0.0256	0.0040	0.0450	0.3442	0.07 (0.0061)	10.52	0.09 (0.0102)	0.0115	0.7834	0.1307
Texel	0.2464	0.0303	0.0044	0.0279	0.3090	0.10 (0.0096)	8.14	0.11 (0.0240)	0.0141	0.7974	0.0904

Merinol.: Merinolandschaf;  $\sigma_e^2$ : residual variance;  $\sigma_a^2$ : additive genetic variance;  $\sigma_{pe}^2$ : permanent environmental variance;  $\sigma_{CG}^2$ : contemporary group variance;  $\sigma_p^2$ : phenotypic variance;  $h^2 = (\sigma_a^2/\sigma_p^2)$ : heritability; SE ( $h^2$ ): standard error of heritability;  $k = (\sigma_e^2/\sigma_a^2)$ ;  $r_{rep}^2 = ((\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2)/\sigma_p^2)$ : repeatability; SE ( $r_{rep}^2$ ): standard error of repeatability;  $c^2 = (\sigma_{pe}^2/\sigma_p^2)$ : permanent environmental variance as a proportion of phenotypic variance;  $e^2 = (\sigma_e^2/\sigma_p^2)$ : residual variance as a proportion of phenotypic variance;  $CG^2 = (\sigma_{CG}^2/\sigma_p^2)$ : variance of contemporary group as a proportion of phenotypic variance.

2003 from 16 breeds: in the most numerous breeds for each breed separately, in the rest of breeds the multibreed analysis is used (Milerski, 2005). Nevertheless, the same variance components are used for estimation of breeding values for all of the breeds,  $h^2 = 0.11$

Table 4 documents variance component estimates and genetic parameter estimates for litter size for each breed, as computed from a repeatability model. The estimation of phenotype variance ( $\sigma_p^2$ ) increased in accordance with average number of lambs per litter (0.2358 Šumava; 0.7793 Romanov), as also observed by SanCristobal-Gaudy et al. (2001). 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 ( $h^2 = 0.1091$ ;  $r_{rep}^2 = 0.1129$ ).

Maxa et al. (2007) reported somewhat lower values for Suffolk and Texel breeds (0.04 and 0.06, respectively) than in current study. Rao and Notter (2000) estimated heritability for Targhee, Suffolk and Polypay breeds to equal to 0.11, 0.09 and 0.09, respectively. Maria (1995) estimated the heritability of litter size in Romanov sheep to be approximately equal to this study (0.07). Davis et al. (1998) also reported an estimate of 0.07 for the Romney breed. Considerably higher heritability estimates have been reported for the Merino breed:  $h^2 = 0.19$ –0.23 (Olivier et al., 2001) and  $h^2 = 0.23$  (Duguma et al., 2002). Matos et al. (1997) estimated heritability for Rambouillet and Finnsheep breeds using a linear animal model to be 0.16 and 0.08, respectively. Repeatability estimates in those two breeds were 0.21 and 0.11, respectively. Mohammadi et al. (2012) reported heritability of litter size in Makoei sheep to be 0.11, and Rashidi et al. (2011) estimated 0.11 in Moghani sheep.

Variance component estimates (Table 4) for the permanent environmental effect were low in all breeds (0.0001–0.0262). As a consequence, repeatability differed very little from heritabilities (Table 4), as also reported by Rao and Notter (2000). Higher  $c^2 = 0.05$  and repeatability  $r_{rep}^2 = 0.16$  were estimated in Moghani sheep (Rashidi et al., 2011). Boujenane et al. (2013) reported uncommon higher repeatability (0.19) than heritability (0.09) for litter size in D'man sheep. In an investigation comparing 15 experiments in which a repeatability model was used, Safari et al. (2005) reported that permanent environmental variance as a percentage of total phenotypic variance for litter size ( $c^2$ )

equaled  $0.04 \pm 0.01$ . They also stated that the permanent environmental effect was generally lower in reproductive traits than the direct additive genetic effect, with the exception of embryo survival and ewe rearing ability.

Variance component estimations indicate that the herd-year-flock effect (CG) had a somewhat higher influence on the variability of lambs born per ewe ( $CG^2 = 0.075$ –0.131) than additive genetic effects in all breeds except ML and T. Similarly, Škorput et al. (2011) included a random effect for flock in a model that explained 10% of variability. Hagger (2002) explained 2.3–9.6% of variability by means of a random flock-year effect. The majority of other modeled flock as a fixed effect.

A distinctly highest percentage of variability for litter size was associated with uncontrollable random effects. These were highest in RM breed ( $e^2 = 0.844$ ) and lowest in the R breed ( $e^2 = 0.723$ ).

#### 4. Conclusions

The results of this study document that the contribution of additive genetic variance to total phenotypic variance in litter size differs among breeds, which should be taken into account for the genetic evaluation of animals. In most of the examined breeds, the percentage of total variance attributable to contemporary group (CG) was somewhat higher than the percentage of attributable to additive genetic variance. Other significant effects influencing litter size variability are ewe age and parity.

Breed specific genetic parameter estimates reported in this study should be utilized in the prediction of breeding values for litter size of ewes and contribute to more effective selection and better utilization of the genetic potential.

#### Conflict of interest statement

None declared.

#### Acknowledgements

The study was supported by Project No. QJ1310184 of the National Agency for Agricultural Research and by Project No. SV13-74-21360, SGS FAPPZ of Ministry of Education, Youth and Sport of the CR.

## References

- Boujenane, I., Chikhi, A., Sylla, M., Ibnelbachyr, 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.
- Davis, G.H., Morris, C.A., Dodds, K.G., 1998. Genetic studies of prolificacy in New Zealand sheep. *Animal Science* 67, 289–297.
- Duguma, G., Schoeman, S.J., Cloete, S.W.P., Jordaan, G.F., 2002. Genetic and environmental parameters for ewe productivity in Merinos. *South African Journal of Animal Science* 32, 154–159.
- Fogarty, N.M., 1995. Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: a review. *Animal Breeding Abstract* 63, 101–143.
- Hagger, C., 2002. Multitrait and repeatability estimates of random effects on litter size in sheep. *Animal Science* 74, 209–216.
- Hanford, K.J., Van Vleck, L.D., Snowden, G.D., 2002. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia Sheep. *Journal of Animal Science* 80, 3086–3098.
- Henderson, C.R., 1973. Sire evaluation and genetic trends. In: *Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium*. American Society of Animal Science and American Dairy Science Association, Champaign, pp. 10–41.
- Hulet, C.V., Ercanbrack, S.K., Knight, A.D., 1984. Development of The polypay breed of sheep. *Journal of Animal Science* 58, 15–24.
- Hill, W.G., 1985. Detection and genetic assessment of physiological criteria of merit within breeds. In: Land, R.B., Robinson, D.W. (Eds.), *Genetics of Reproduction in Sheep*. Butterworths, London.
- 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.
- Kadarmideen, H.N., Thomson, R., Simm, G., 2000. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. *Animal Science* 71, 411–419.
- Kasap, A., Mioč, B., Škorput, D., Pavić, V., Antunović, Z., 2013. Estimation of genetic parameters and genetic trends for reproductive traits in Saanen goats. *Acta Veterinaria (Beograd)* 63, 269–277.
- Lee, D., Misztal, I., Bertrand, J.K., Rekaya, R., 2002. National evaluation for calving ease, gestation length and birth weight by linear and threshold model methodologies. *Journal of Applied Genetics* 43, 209–216.
- Luo, M.F., Boettcher, P.J., Schaeffer, L.R., Dekkers, J.C.M., 2001. Bayesian inference for categorical traits with application to variance components estimation. *Journal of Dairy Science* 84, 694–704.
- Maria, G.A., 1995. Estimates of variances due to direct and maternal effects for reproductive traits of Romanov sheep. *Small Ruminant Research* 18, 69–73.
- Maria, G.A., Ascaso, M.S., 1999. Litter size, lambing interval and lamb mortality of Salz, Rasa Aragonesa, Romanov and F<sub>1</sub> ewes on accelerated lambing management. *Small Ruminant Research* 32, 167–172.
- Maxa, J., Norberg, E., Berg, P., Pedersen, J., 2007. Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. *Small Ruminant Research* 68, 312–317.
- Matos, C.A., Thomas, D.L., Gianola, D., Tempelman, R.J., Young, L.D., 1997. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. *Journal of Animal Science* 75, 76–87.
- Milerski, M., 2005. *Metodika odhadu plemenných hodnot u ovčí*. Výzkumný ústav živočišné výroby, Praha Uhřetěves (in Czech).
- Misztal, I., Gianola, D., Foulley, J.L., 1989. Computing aspects for a nonlinear method of sire evaluation for categorical traits. *Journal of Dairy Science* 72, 1557–1568.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., Lee, D., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, July 28, 2002 (CD-ROM Communication).
- Mohammadi, H., Shahrbabak, M.M., Shahrbabak, H.M., 2012. Genetic analysis of ewe productivity traits in Makoei sheep. *Small Ruminant Research* 107, 105–110.
- Notter, D.R., 2000. Effects of ewe age and season of lambing on prolificacy in US Targhee, Suffolk, and Polypay sheep. *Small Ruminant Research* 38, 1–7.
- Olivier, W.J., Snyman, M.A., Olivier, J.J., Van Wyk, J.B., Erasmus, G.J., 2001. Direct and correlated responses to selection for total weight of lamb weaned in Merino sheep. *South African Journal of Animal Science* 31, 115–121.
- Ramirez-Valverde, R., Misztal, I., Bertrand, J.K., 2001. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. *Journal of Animal Science* 79, 333–338.
- Rao, S., Notter, D.R., 2000. Genetic analysis of litter size in Targhee, Suffolk, and Polypay sheep. *Journal of Animal Science* 78, 2113–2120.
- Rashidi, A., Mokhtari, M.S., Esmailzadeh, A.K., Asadi Foz, M., 2011. Genetic analysis of ewe productivity traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Research* 96, 11–15.
- Safari, E., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R., 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science* 92, 271–289.
- 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.
- Škorput, D., Kasap, A., Gorjanc, G., 2011. Estimation of variance components for litter size in the first and later parities in improved Jezerko-Solcava sheep. *Agriculturae Conspectus Scientificus* 76, 337–340.
- Ugarte, E., Alenda, R., Carabano, M.J., 1992. Fixed or random contemporary group in genetic evaluations. *Journal of Dairy Science* 75, 269–278.
- Veselá, Z., Vostrý, L., Šafus, P., 2011. Linear and linear-threshold model for genetic parameters for SEUROP carcass traits in Czech beef cattle. *Czech Journal of Animal Science* 56, 414–425.
- Wang, C.T., Dickerson, G.E., 1991. Simulated effects of reproductive performance on life-cycle efficiency of lamb and wool production at three lambing intervals. *Journal of Animal Science* 69, 4338–4347.
- Wolfová, M., Wolf, J., Milerski, M., 2011a. Economic weights of production and functional traits for Merinolandschaf, Romney, Romanov and Sumavská sheep in the Czech Republic. *Small Ruminant Research* 99, 25–33.
- Wolfová, M., Wolf, J., Milerski, M., 2011b. Calculating economic weights for sheep sire breeds used in different breeding systems. *Journal of Animal Science* 89, 1698–1711.

Příloha III. Schmidová et al. (2015).

## Genetický přínos berana na velikost vrhu u šumavské ovce

**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.**

# GENETIC CONTRIBUTION OF RAM ON LITTER SIZE IN ŠUMAVA SHEEP

Schmidova, J.<sup>(1, 2)</sup>, Milerski, M.<sup>(1)</sup>, Svitakova, A.<sup>(1)</sup>, Vostry, L. <sup>(1)</sup>

Original scientific paper

## SUMMARY

*The objective of the present study was to quantify the service sire effect in terms of (co) variance components of born and weaned lambs number and to propose models for the potential inclusion of this effect in the linear equations for breeding value estimation. The database with 21,324 lambings in Šumava sheep from 1992-2013 was used. The basic model equation for the analysis of variance of litter size contained effects of ewe's age at lambing, contemporary group, permanent environmental effect of ewe and direct additive genetic effect of ewe. Two modifications of the basic model were used for estimation of service sire effect. The proportions of variance for the service sire effect for number of born and weaned lambs were 2.1% and 2.0%, when service sire was not included into relationship matrix; while included into the relationship matrix and dividing effect into genetic contribution and permanent environment effect refer that nongenetic effect seems to be bigger than genetic (0.013 vs. 0.009 for number of born and 0.017 vs. 0.004 for number of weaned). Changes in other variance components were relatively low, except of contemporary group. Model including service sire effect as a simple random effect without genetic relationship matrix inclusion is recommended for genetic evaluation of litter size traits.*

**Key-words:** service sire effect, genetic parameters, reproduction

## INTRODUCTION

The contemporary Šumava sheep is the successor of autochthonous landrace of sheep kept in Šumava Mountains in the South Bohemia and plays a crucial role in environmental system of Šumava National Park. Gradual regeneration of this local breed led to rams and ewes selection with similar phenotype to original population (Jandurova et al., 2005). Šumava sheep belongs to breeds of medium body size and general utilization. Single lambs were preferred in the past time, because they needed to walk for long distances at low quality grazing pasture. However, according to increasing economic value of meat relative to wool and the increased importance of lamb and sheep meat and milk production in recent years (Krupova et al., 2013) it mean that improving reproductive traits has high economic significance (Wang and Dickerson, 1991; Wolfova et al., 2011a, 2011b).

Litter size is a complex trait influenced by a paternal, maternal and fetal component (Hamann et al, 2004).

Usually breeding schemes in sheep only include the maternal component of litter size as fertility trait. Service sire can influence both fertilization rate and prenatal survival rate.

Until recently, the service sire effect has not been studied in sheep breeds in the Czech Republic (Schmidova et al., 2014; Vostry and Milerski, 2013), and no information on this effect has been available for Šumava sheep. Therefore, the objective of the present study was to quantify the service sire effect in terms of (co) variance components of litter size and number of weaned lambs and to propose models for the potential inclusion of this effect in the linear equations for breeding value estimation.

(1) Jitka Schmidová, M. Eng. (schmidova.jitka@vuzv.cz), Ph.D. Michal Milerski, Alena Svitáková, M. Eng., Assist. Prof. Luboš Vostrý - Institute of Animal Science, Pratelství 815, 10401 Praha-Uhrineves, Czech Republic, (2) Jitka Schmidová, M. Eng. - Czech University of Life Science Prague, Faculty Agrobiological, Food and Natural Resources, Kamýcká 129, Prague, Czech Republic

## MATERIAL AND METHODS

### Data

Performance test data from 1992-2013 were provided by the Sheep and Goat Breeders Association of the Czech Republic. The database with records of 29,401 lambings in Šumava sheep contained information on: animal (lambing ewe), herd, date of lambing, parity, ewe age at lambing, interval between successive lambings, service sire, number of born and number of weaned lambs. Sire and dam identification were added from the pedigree database. Four generations of the known ancestors were used for the estimation of genetic parameters. Number of born lambs was recorded on the day of lambing as total number of lambs born. Number of weaned lambs was recorded as number lambs weight at 80-120 days. Only ewes, that had lambed, were in the database (at least one lamb independently if it was alive or dead). The following records were deleted from the database prior to analysis: ewes lambing at younger than 10 months or older than 150 months of age, lambing ewes whose sire had less than 4 daughters with performance. Ewe age at lambing time was categorized into 6 classes divided according to age (10-18 months, 19-30, 31-42, 43-78, 79-102 and 103-150 months of age). Contemporary group (CG) effect was created with ewes lambed within successive 40-day intervals in a given herd and year constituting the CG's (Schmidova et al., 2014). Those CG's with fewer than 7 ewes were excluded from variance component estimation analyses. Also herds using only one ram and rams acting only in one herd-year were excluded.

The database adjusted in this way contained data on 21,324 lambings from 5,984 ewes and 396 rams bred in 35 herds.

### Statistical methods

The basic model equation for the analysis of litter size variance was determined based on the single-trait repeatability model (Schmidova et al., 2014):

$$\text{Model 1: } LS_{ijk} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + e_{ijk}$$

where  $LS_{ijk}$  is the litter size of animal  $k$  (number of born or weaned lambs);  $A_i$  is the age class at lambing;  $CG_j$  is the random effect of contemporary group;  $Ew_k$  is the random direct additive genetic effect of ewe  $k$ ;  $Epe_k$  is the random permanent environmental effect of ewe  $k$ ;  $e_{ijk}$  is the random residual.

Two modifications of the Model 1 were used for estimation of service sire effect:

$$\text{Model 2: } LS_{ijkl} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + S_l + e_{ijkl}$$

$$\text{Model 3: } LS_{ijkl} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + SG_l + Spe_l + e_{ijkl}$$

$S_l$  is the random effect of service sire  $l$  (Model 2);  $SG_l$  is the random direct additive genetic effect of service sire  $l$  (Model 3);  $Spe_l$  is the random permanent environmental effect of service sire  $l$  (Model 3).

Variance components were estimated by the Gibbs sampling method using the GIBBS1F90 program (Misztal et al., 2002). After some exploratory analyses one chain of 700,000 samples was used, rejecting the first 80,000 samples and saving every 100 thereafter.

## RESULTS AND DISCUSSION

Distributions of number of lambs, means and standard deviations of lambs born and weaned are presented in the Table 1.

**Table 1. Distribution of the number of lambs in litter, total number of records, mean and standard deviation (SD) of litter size**

	Litter size					Total number of records	Mean	SD
	0	1	2	3	4			
No. at lambing	*	14,867	6,261	193	3	21,324	1.31	0.48
		69.72%	29.36%	0.91%	0.01%			
No. at weaning	1,908	14,400	4917	98	1	21,324	1.15	0.56
	8.95%	67.53%	23.06%	0.46%	0.00%			

\* Only ewes, that had lambed, were in the database (at least one lamb independently if it was alive or dead)

Table 2 documents variance components and genetic parameter estimations for both litter size traits, as computed from repeatability models. The basic model (Model 1) shows low heritability and repeatability estimates. Similar heritability and repeatability for litter size in Šumava sheep was reported in Schmidova et al. (2014), the study also showed these values as the lowest ones in comparison of seven breeds.

**Table 2. Variance components and genetic parameters for number of born and number of weaned lambs in Šumava sheep for different models**

	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_{Ew}^2$	$\sigma_{Ewpe}^2$	$\sigma_{CG}^2$	$\sigma_S^2$	$\sigma_{Spe}^2$
<b>Born</b>							
model1	0.187	0.226	0.014	0.004	0.022		
model2	0.186	0.225	0.013	0.005	0.017	0.005	
model3t	0.186	0.225	0.013	0.005	0.016	0.002	0.003
<b>Weaned</b>							
model1	0.257	0.315	0.014	0.002	0.049		
model2	0.255	0.313	0.013	0.003	0.034	0.006	
model3t	0.255	0.313	0.014	0.003	0.036	0.001	0.005
	$h^2(SE)$	$r_{rep}^2$	$Ew_{pe}^2$	$e^2$	$CG^2$	$S^2(SE)$	$S_{pe}^2$
<b>Born</b>							
model1	0.061(0.007)	0.080	0.019	0.825	0.096		
model2	0.057(0.008)	0.078	0.021	0.827	0.075	0.021(0.007)	
model3t	0.058(0.008)	0.078	0.020	0.826	0.073	0.009(0.005)	0.013
<b>Weaned</b>							
model1	0.045(0.006)	0.053	0.007	0.815	0.133		
model2	0.042(0.007)	0.051	0.008	0.813	0.116	0.020(0.005)	
model3t	0.043(0.005)	0.052	0.008	0.812	0.115	0.004(0.004)	0.017

$\sigma_e^2$  = residual variance;  $\sigma_{Ew}^2$  = additive genetic variance of ewe's (maternal) performance;  $\sigma_{Ewpe}^2$  = ewe's (maternal) permanent environmental variance;  $\sigma_S^2$  = additive genetic variance of sire's (paternal) performance;  $\sigma_{Spe}^2$  = sire's (paternal) permanent environmental variance;  $\sigma_{CG}^2$  = contemporary group variance;  $\sigma_p^2$  = phenotypic variance;  $h^2 = (\sigma_{Ew}^2 / \sigma_p^2)$  = maternal heritability;  $r_{rep}^2 = ((\sigma_{Ew}^2 + \sigma_{Ewpe}^2) / \sigma_p^2)$  = maternal repeatability;  $Ew_{pe}^2 = (\sigma_{Ewpe}^2 / \sigma_p^2)$  = permanent environmental variance as a proportion of phenotypic variance;  $e^2 = (\sigma_e^2 / \sigma_p^2)$  = residual variance as a proportion of phenotypic variance;  $CG^2 = (\sigma_{CG}^2 / \sigma_p^2)$  = variance of contemporary group as a proportion of phenotypic variance;  $S^2 = (\sigma_S^2 / \sigma_p^2)$  = paternal heritability;  $S_{pe}^2 = (\sigma_{Spe}^2 / \sigma_p^2)$  = paternal permanent environmental variance as a proportion of phenotypic variance

The proportions of variance for the service sire effect for number of lambs born and weaned were 2.1% and 2.0%, when service sire was not included into relationship matrix (Model 2). While included into the relationship matrix dividing effect into genetic contribution and permanent environment effect (Model 3) refer that nongenetic effect seems to be bigger than genetic (0.013 vs. 0.009 for number of born and 0.017 vs. 0.004 for number of weaned). Changes in other variance components were relatively low, except of contemporary group. This is probably due to low number of rams in one flock.

Hagger (2002) found out a small influence of service sire effect on litter size in four breeds (0.7%-2.9%). Also the proportion of variance for service sire effect for litter size traits in pigs was in range from 2 to 3% (Wolf and Wolfova, 2012). Mohammadi et al. (2012) found out service sire effects to be important only for litter weight traits.

Nevertheless, it is well known that rams with health problems or deficiencies in sperm production can be the reason for insufficient litter sizes in a flock. Serious reproduction problems can arise if rams show sperm deficiencies or suffer from handicaps in locomotion, e.g. foot rot during time of joining. Also less severe disorders of rams could affect litter size (Hagger, 2002). The social relationships that an animal has with others of the same species can affect many aspects of the reproductive process too (Rosa and Bryant, 2002). Rams with high scores for sexual behaviour can improve flock fertility during breeding (Perkins et al., 1992).

**CONCLUSION**

Litter traits are generally considered as ewe traits. The results show that the service sires in Šumava sheep have a small, but nevertheless a clearly detectable influence on the litter size under the management systems practised. Model including service sire effect as a

simple random effect without inclusion of the genetic relationship matrix is recommended for genetic evaluation of litter size traits.

## ACKNOWLEDGEMENT

The study was supported by Project No. QJ1310184 of the National Agency for Agricultural Research.

## REFERENCES

- 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. doi: [http://dx.doi.org/10.1016/S0301-6226\(03\)00135-0](http://dx.doi.org/10.1016/S0301-6226(03)00135-0)
- Jandurova, O.M., Kott, T., Kottova, B., Czernekova, V., Milerski, M. (2005): Genetic relationships among Sumava, Valachian and Improved Valachian sheep. *Small Ruminant Research*, 57: 157-165. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2004.06.021>
- Krupova, Z., Krupa, E., Wolfova, M. (2013): Impact of economic parameters on economic values in dairy sheep. *Czech Journal of Animal Science*, 58: 21-30.
- 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.
- Mohammadi, H., Shahrababak, M.M., Shahrababak, H.M. (2012): Genetic analysis of ewe productivity traits in Makoei sheep. *Small Ruminant Research*, 107: 105-110. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2012.04.019>
- Perkins, A., Fitzgerald, J.A., Price, E.O. (1992): Sexual performance of rams in serving capacity tests predicts success in pen breeding. *Journal of Animal Science*, 70(9): 2722-2725.
- Rosa, H.J.D., Bryant, M.J. (2002): The 'ram effect' as a way of modifying the reproductive activity in the ewe. *Small Ruminant Research*, 45: 1-16. doi: [http://dx.doi.org/10.1016/S0921-4488\(02\)00107-4](http://dx.doi.org/10.1016/S0921-4488(02)00107-4)
- 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. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.02.004>
- Vostry, L., Milerski, M. (2013): Genetic and non-genetic effects influencing lamb survivability in the Czech Republic. *Small Ruminant Research*, 113: 47-54. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.02.008>
- Wang, C.T., Dickerson, G.E. (1991): Simulated effects of reproductive performance on life-cycle efficiency of lamb and wool production at three lambing intervals. *Journal of Animal Science*, 69: 4338-4347.
- Wolf, J., Wolfova, M. (2012): Effect of service sire on litter size traits in Czech Large White and Landrace pigs. *Czech Journal of Animal Science*, 57(5): 220-230.
- Wolfova, M., Wolf, J., Milerski, M. (2011a): Economic weights of production and functional traits for Merinolandschaf, Romney, Romanov and Sumavska sheep in the Czech Republic. *Small Ruminant Research*, 99: 25-33. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2011.03.054>
- Wolfova, M., Wolf, J., Milerski, M. (2011b): Calculating economic weights for sheep sire breeds used in different breeding systems. *Journal of Animal Science*, 89: 1698-1711. doi: <http://dx.doi.org/10.2527/jas.2010-3237>

(Received on 27 April 2015; accepted on 15 July 2015)

Příloha IV. Schmidová et al. (2016a).

Vliv plemeníka na velikost vrhu u romanovské ovce

**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.**





## Effects of service ram on litter size in Romanov sheep



Jitka Schmidová<sup>a,b,\*</sup>, Michal Milerski<sup>a</sup>, Alena Svitáková<sup>a</sup>, Luboš Vostrý<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Institute of Animal Science, Přátelství 815, Prague-Uhřetěves, 104 01, Czech Republic

<sup>b</sup> Czech University of Life Sciences in Prague, Faculty of Agrobiolgy, Food and Natural Resources, Kamýcká 129, Prague – 6 Suchdol, 165 21, Czech Republic

### ARTICLE INFO

#### Article history:

Received 6 October 2015

Received in revised form 23 May 2016

Accepted 30 May 2016

Available online 21 June 2016

#### Keywords:

Genetic parameters  
Additive genetic effect  
Heritability  
Reproduction  
Fertility  
Mating

### ABSTRACT

The objective of the present study was to examine and quantify the effects of factors acting during the mating period (service ram, mating group) on subsequent litter size in the highly prolific Romanov breed of sheep and to propose models for the potential inclusion of this effect in mixed model equations for breeding value estimation. A dataset of 4412 lambings of purebred Romanov sheep in a performance test program from 1998 to 2013 was used in analyses. The basic model fitted to litter size was a single-trait repeatability animal model with fixed effect of ewe age and random effects of contemporary groups of ewes during lambing, direct additive genetic effect of ewe, permanent environmental effect of ewe and random residual. Eight modifications of the basic model examined various combinations of mating effects, contemporary group of ewes during mating (harem), and additive genetic and permanent environmental effect of service ram. When the service ram effect was analyzed without inclusion of the population relationship matrix in the model, the proportion of variance attributable to service ram was 0.081. When the relationship matrix was included in the analysis, however, service ram heritability estimates varied from 0.046 to 0.10, depending upon whether ram's permanent environmental effect, a harem effect or both were included in model. Models containing the additive genetic effect of service ram had slightly lower proportions of residual variance than models lacking this effect. Including effects of mating (service sire, harem, and/or ram's permanent environmental effect) in the model favourably decreased deviance information criterion. Means of estimated BVs by year of birth increased across the 22 years from about 0.45–0.60 lambs per litter for female fertility and from 0.55 to 0.59 lambs per litter for BV male contribution on litter size, with only small differences among models. Results from present study demonstrate that service rams in Romanov sheep have 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.

© 2016 Elsevier B.V. All rights reserved.

### 1. Introduction

Reproductive traits including litter size are critical factors for efficient sheep production. Selection for litter size is included in the vast number of breeding programs for sheep. However, selection response for this trait usually is not substantial, partially because heritabilities for the trait of approximately 0.10 allow selection response only up to 2%/year from simple mass selection (Notter, 2008). For reliable estimation of breeding values for litter size, it is important to consider all relevant systematic factors influencing the trait. Traditionally, litter size is considered and evaluated as a

trait of ewe. However, prolificacy is a complex trait (Fig. 1) and, as described by Hamann et al. (2004) in pigs and Shorten et al. (2013) in sheep, it can also be influenced by paternal and fetal effects.

presents descriptive statistics of litter size classes and their distribution in numbers of observations and proportions. Number of lambings and average litter size in seven ewe age and parity classes are shown in Table 2

Service sires can influence both fertilization and prenatal survival rate. Such effects can be due to mating behavior (Perkins et al., 1992), social relationships among animals (Rosa and Bryant, 2002), genetically determined variation in fertilizing capacity (sperm quality) and the genetic contribution of the sire to viability of the embryo (van der Lende et al., 1999). Serious fertility problems can arise if rams suffer from handicaps in locomotion or other health problems, e.g. foot rot during the time of mating (Hagger, 2002; Shorten et al., 2013). Appropriate timing of mating in relation to sperm transport and ovulation time is essential for conception and

\* Corresponding author.

E-mail addresses: [Schmidova.jitka@vuzv.cz](mailto:Schmidova.jitka@vuzv.cz) (J. Schmidová), [milerski.michal@vuzv.cz](mailto:milerski.michal@vuzv.cz) (M. Milerski), [svitakova.alena@vuzv.cz](mailto:svitakova.alena@vuzv.cz) (A. Svitáková), [vostry@af.czu.cz](mailto:vostry@af.czu.cz) (L. Vostrý).

### Effect of service ram and ewe on litter size

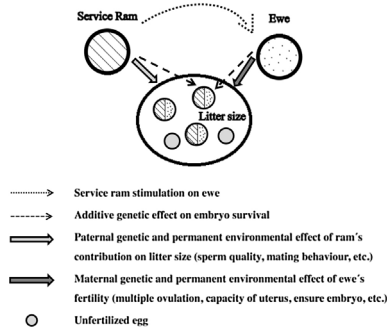


Fig. 1. Effect of service ram and ewe on litter size.

also for litter size in the case of multiple ovulations (Schott and Phillips, 1941). Thus more sexually active rams with good quality semen have a higher chance to fertilize all ovulated ova. Some covariation between male and female fertility components can be expected, and some genetic correlations among male anatomical traits and female reproductive traits have been described. For example, Coulter and Foote (1979) and Hanrahan and Quirke (1988) reported that scrotal size of the sire was correlated with ovulation rate, fecundity, and age at puberty of daughters in both cattle and sheep. Al-Shorepy and Notter (1996) reported that the genetic correlation between scrotal circumference of 90 day old rams and litter size of daughters was 0.36.

Hagger (2002) and Sánchez-Dávila et al. (2015) described genetic evaluations for number of lambs born per ewe using model equations that included a service ram effect. Schmidova et al. (2015) presented preliminary analyses on the evaluation of service ram effect on litter size in sheep incorporating information from the

population genetic relationship matrix showed Schmidova et al. (2015). Another factor that is generally not taken into account in breeding values estimation is mating groups of ewes (the harem). Contemporary group generally is considered that group of ewes lambing in the same flock during the same period of time, which may or may not correspond with the mating group. In addition to the ram effect on conception of ewes for a current mating season, their subsequent prolificacy can be influenced by environmental factors acting on the mating group. In view of the foregoing, the objective of the present study was to examine and quantify the effects of the factors acting during the mating period (service ram, mating group) on subsequent litter size in the highly prolific Romanov breed of sheep and to propose models for the potential inclusion of this effect in mixed model equations for estimation of genetic parameters and breeding values.

## 2. Material and methods

### 2.1. Data

Data from Romanov ewes performance test from 1998 to 2013 were provided by the Sheep and Goat Breeders Association of the Czech Republic. The database contained information on animal (lambing ewe), flock, date of lambing, ewe age at lambing, parity, interval between successive lambings, service ram and litter size. Four generations of known ancestors were added from the pedigree database. Litter size was recorded on the day of lambing as total number of lambs born. Only natural matings were included. Records were deleted from the database prior to analysis for cross-bred ewes, ewes with an unknown age (unknown date of birth), ewes lambing at younger than 10 months or older than 140 months of age, ewes whose sire had fewer than 4 daughters with at least two lambing records each, flocks where only one ram was used, and rams used in only one flock-year subclass. Contemporary groups

Table 1  
Distribution of the number of lambs per litter class and overall descriptive statistics.

Litter size	1	2	3	4	5	6	Total	Mean	SD
N	491	1583	1673	576	79	10	4412	2.59	0.93
%	11.13	35.88	37.92	13.06	1.79	0.23			

Explanations: N: number of lambings with 1–6 lambs in litter; %: percentage of lambings with 1–6 lambs in litter.

Table 2  
Number of lambings (N), average (LSM) and standard error (SE) for litter size in different age and parity classes of ewes.

Age in months	10–18	19–30 (1.parity)	19–30 (2.parity)	31–42	43–78	79–102	103–150
n	666	408	400	1079	1530	272	57
LSM	2.11	2.36	2.48	2.65	2.79	2.64	2.33
SE	0.05	0.04	0.04	0.03	0.02	0.06	0.12

Table 3  
Effects in the models.

	Age	CG	Ewe	Ewpe	S. ram	Spe	Harem
Model B	x	*	*	*			
Model H	x	*	*	*			*
Model R	x	*	*	*	*		
Model SG	x	*	*	*	RM		
Model SP	x	*	*	*	RM	*	
Model SH	x	*	*	*	RM		*
Model SPH	x	*	*	*	RM	*	*
Model SG-C	x	*	*	*	RM-C		
Model SP-C	x	*	*	*	RM-C	*	

Explanations: Age is the age class of ewe at lambing; CG is the effect of contemporary group of ewes lambing during a 40 day interval; Ewe is the direct additive genetic effect of ewe; Ewpe is the permanent environmental effect of ewe; S. ram is the effect of service ram; Spe is the permanent environmental effect of service ram; Harem is the effect of contemporary group of ewes mated with one ram during one year.

x—fixed effect; \*—random effect; RM—joint relationship matrix for additive genetic effect of ewe and service ram effect; RM-C—joint relationship matrix for additive genetic effect of ewe and service ram effect with genetic correlations.

**Table 4**  
Variance component estimates from different models for litter size in Romanov sheep.

	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$ (SD)	$\sigma_{Ew}^2$ (SD)	$\sigma_{Ewpe}^2$ (SD)	$\sigma_{CG}^2$ (SD)	$\sigma_{Ram}^2$ (SD)	$\sigma_{Rpe}^2$ (SD)	$\sigma_{Har}^2$ (SD)	$r_{mp}$	DIC
Model B	0.833	0.596 (0.015)	0.077 (0.015)	0.015 (0.010)	0.145 (0.020)					10775
Model H	0.821	0.588 (0.015)	0.075 (0.015)	0.015 (0.010)	0.100 (0.022)			0.043 (0.015)		10754
Model R	0.827	0.595 (0.015)	0.064 (0.015)	0.016 (0.011)	0.084 (0.018)	0.067 (0.022)				10761
Model SG	0.838	0.594 (0.015)	0.067 (0.014)	0.015 (0.010)	0.077 (0.017)	0.084 (0.025)				10757
Model SP	0.838	0.595 (0.015)	0.068 (0.015)	0.014 (0.010)	0.076 (0.017)	0.055 (0.029)	0.030 (0.022)			10758
Model SH	0.840	0.591 (0.015)	0.069 (0.015)	0.014 (0.010)	0.059 (0.017)	0.084 (0.027)		0.025 (0.011)		10749
Model SPH	0.842	0.591 (0.015)	0.068 (0.014)	0.014 (0.010)	0.057 (0.016)	0.061 (0.029)	0.027 (0.021)	0.024 (0.011)		10751
Model SG-C	0.836	0.595 (0.015)	0.066 (0.015)	0.015 (0.010)	0.079 (0.017)	0.081 (0.025)			-0.03	10759
Model SP-C	0.835	0.595 (0.015)	0.066 (0.015)	0.015 (0.010)	0.078 (0.017)	0.039 (0.029)	0.042 (0.025)		-0.01	10758

Explanations:  $\sigma_p^2$  = phenotypic variance;  $\sigma_e^2$  = residual variance;  $\sigma_{Ew}^2$  = additive genetic variance of eweís (maternal) performance;  $\sigma_{Ewpe}^2$  = eweís (maternal) permanent environmental variance;  $\sigma_{CG}^2$  = contemporary group variance;  $\sigma_{Ram}^2$  = variance of service ramís (paternal) performance (additive genetic variance expect Model R);  $\sigma_{Rpe}^2$  = service ramís (paternal) permanent environmental variance;  $\sigma_{Har}^2$  = harem variance;  $r_{mp}$  = genetic correlation between maternal and paternal additive genetic variance; DIC = Deviance information criterion.

(CG) were created of ewes that lambed within successive 40-day intervals in the same flock and year (Schmidová et al., 2014). Those CG's with fewer than 7 ewes were excluded from analyses. Another contemporary group category identified as the harem was created of all ewes mated to one ram during one mating period.

The edited database contained data on 4412 lambing events from 1682 ewes and 140 rams from 42 breeders. There were 258 contemporary groups, 368 harems, and 2918 animals in the pedigree file.

Ewe age at lambing was categorized into the following groups: 10–18 months, 19–30 months, 31–42 months, 43–78 months, 79–102 months, and a group from 103 to 140 months of age. Because ewes lambing for the first time were expected to have lower fertility and fecundity (Schmidová et al., 2014), the 19–30 month old ewe group was divided into ewes lambing for the first time and ewes lambed for the second time (first lambing at 10–18 month). Thus, there were 7 classes divided according to age and parity.

## 2.2. Statistical methods

The basic model (Model B) fitted to estimate variance components for litter size treating each ewe as the animal was based upon

the single-trait repeatability animal model described by Schmidová et al. (2014):

$$\text{Model B : } LS_{ijk} = \text{Age}_i + CG_j + Ewe_k + Ewpe_k + e_{ijk}$$

where  $LS_{ijk}$  is the litter size of animal  $k$ 's litter;  $\text{Age}_i$  is the eweís age class at lambing;  $CG_j$  is the random effect of contemporary group;  $Ewe_k$  is the random direct additive genetic effect of ewe  $k$ ;  $Ewpe_k$  is the random permanent environmental effect of ewe  $k$ ; and  $e_{ijk}$  is the random residual.

Eight modifications of the Model B were tested for estimation of service ram effects (Table 3). Model H is augments Model B by addition of the random effect of harem (group of ewes mated with one ram during one mating period). Model R is the basic model augmented by service ram as a random effect without inclusion of information from the population relationship matrix. All other models, including model SG, contain the service ram effect plus inclusion of the relationship matrix as a paternal additive genetic effect. Model SP partitions the service ram effect into its genetic and permanent environmental components. Model SH includes both the ram additive genetic effect and the harem effect. Model SPH, the most complete model, combines models SH and SP. Models SG-C and SP-C are variants of Models SG and SP in which genetic

**Table 5**  
Variance component proportions of phenotypic variance and genetic parameter estimates from different models for litter size in Romanov sheep.

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

Explanations:  $e^2 = (\sigma_e^2 / \sigma_p^2)$  = residual variance as a proportion of phenotypic variance;  $h_{ewe}^2 = (\sigma_{Ew}^2 / \sigma_p^2)$  = eweís heritability;  $SE(h_{ewe}^2)$  = standard error of eweís heritability;  $r_{rep}^2 = ((\sigma_{Ew}^2 + \sigma_{Ewpe}^2) / \sigma_p^2)$  = eweís repeatability;  $Ew_{pe}^2 = (\sigma_{Ewpe}^2 / \sigma_p^2)$  = eweís permanent environmental variance as a proportion of phenotypic variance;  $CG^2 = (\sigma_{CG}^2 / \sigma_p^2)$  = variance of contemporary group as a proportion of phenotypic variance;  $h_{ram}^2 = (\sigma_{Ram}^2 / \sigma_p^2)$  = ramís heritability or \*) common random effect of service ram in Model R;  $SE(h_{ram}^2)$  = standard error of ramís heritability;  $Ram_{pe}^2 = (\sigma_{Rpe}^2 / \sigma_p^2)$  = ramís permanent environmental variance as a proportion of phenotypic variance;  $Har^2 = (\sigma_{Har}^2 / \sigma_p^2)$  = variance of harem as a proportion of phenotypic variance.

**Table 6**  
Maternal and paternal breeding values for litter size from selected models.

		Mean	Std Dev	min	max
Maternal	Model B	0.265	0.284	−0.503	1.466
	Model R	0.246	0.255	−0.499	1.309
	Model SP	0.195	0.219	−0.526	1.160
	Model SPH	0.193	0.216	−0.535	1.145
	Model SH	0.195	0.221	−0.507	1.189
Paternal	Model B	–	–	–	–
	Model R	0.007	0.073	−0.684	1.401
	Model SP	0.273	0.225	−0.383	1.164
	Model SPH	0.289	0.236	−0.389	1.240
	Model SH	0.287	0.239	−0.456	1.421

Explanations: Model B: Basic model without service ram effect, no paternal BV, only maternal BV; Model R: Model with effect of service ram but without link to the relationship matrix, no paternal BV, but only estimated sire-effect; Model SP: Model with effect of service ram with inclusion into the relationship matrix and with partitioning to genetic and permanent environment effects; Model SH: Model with effect of harem and service ram effect with inclusion into the relationship matrix; Model SPH: Model with effect of harem and service ram effect with inclusion into the relationship matrix and with partitioning to genetic and permanent environmental effects.

correlations between ewe and ram genetic effects were taken into account.

Genetic parameters: Variance components and genetic correlations were estimated by the Gibbs sampling method using the GIBBS1F90 program (Misztal et al., 2002). Priors for additive genetic effect for ewe, permanent environmental effect of ewe and CG were assigned based on results in Schmidova et al. (2014). Priors for additive genetic effect for ram were  $0.03 \pm 0.01$  and for permanent environmental effect of ram were  $0.01 \pm 0.005$ . These priors were assigned as half of similar effect of ewe. For the harem effect, the priors were the same as for the CG ( $0.13 \pm 0.02$ ). After some exploratory analyses, a chain of 700,000 samples was generated, rejecting the first 80,000 and saving every 100th sample thereafter. Deviance information criterion (DIC), a Bayesian measure of adequacy or fit (Spiegelhalter et al., 2002), was also evaluated.

Heritability ( $h^2$ ) estimates of litter size were computed as follows:

$$h^2_{ewe} = (\sigma^2_{Ew} / \sigma^2_p) = \text{maternal heritability (female fertility);}$$

$$h^2_{ram} = (\sigma^2_{Ram} / \sigma^2_p) = \text{paternal heritability}$$

(male contribution to variance in litter size);

where  $\sigma^2_{Ew}$  = additive genetic variance of ewe (female) fertility;  $\sigma^2_{Ram}$  = variance of service ramís (male) contribution to litter size (additive genetic variance except Model R);  $\sigma^2_p$  = phenotypic variance

and

$$\sigma^2_p = \sigma^2_{CG} + \sigma^2_{Ew} + \sigma^2_{Ewpe} + \sigma^2_e \quad (\text{Model B})$$

$$\sigma^2_p = \sigma^2_{CG} + \sigma^2_{Har} + \sigma^2_{Ew} + \sigma^2_{Ewpe} + \sigma^2_e \quad (\text{Model H})$$

$$\sigma^2_p = \sigma^2_{CG} + \sigma^2_{Ew} + \sigma^2_{Ewpe} + \sigma^2_{Ram} + \sigma^2_e \quad (\text{Model R, SG, SG-C})$$

$$\sigma^2_p = \sigma^2_{CG} + \sigma^2_{Ew} + \sigma^2_{Ewpe} + \sigma^2_{Ram} + \sigma^2_{Rpe} + \sigma^2_e \quad (\text{Model SP, SP-C})$$

$$\sigma^2_p = \sigma^2_{CG} + \sigma^2_{Har} + \sigma^2_{Ew} + \sigma^2_{Ewpe} + \sigma^2_{Ram} + \sigma^2_e \quad (\text{Model SH})$$

$$\sigma^2_p = \sigma^2_{CG} + \sigma^2_{Har} + \sigma^2_{Ew} + \sigma^2_{Ewpe} + \sigma^2_{Ram} + \sigma^2_{Rpe} + \sigma^2_e \quad (\text{Model SPH})$$

where:  $\sigma^2_{CG}$  = contemporary group variance;  $\sigma^2_{Har}$  = harem variance;  $\sigma^2_{Ewpe}$  = eweís (female) permanent environmental variance;  $\sigma^2_{Rpe}$  = service ramís (male) permanent environmental variance;  $\sigma^2_e$  = residual variance.

Breeding values (BV) for litter size as an ewe trait (female fertility) as well a service ram trait (male contribution) were predicted

using BLUPF90 (Misztal et al., 2002), based upon variance components computed for five selected models. These models (Model B, R, SP, SH, SPH) were chosen for estimating BV for validation of stability of breeding values under different points of view for mating effects. Spearmanís and Pearsonís correlations between maternal (female fertility) and paternal (male contribution) BVs from different models were estimated and genetic trends were characterized as mean breeding values by year of birth from 1990 to 2011.

### 3. Results

Table 1. Variance components and genetic parameter estimates for litter size computed from the various repeatability models are shown in Tables 4 and 5. From Model H, the proportion of variance attributed to harem, a combined effect of service sire and environmental effects specific to the time and place of the mating period, was 0.053. The proportion of variance for the service ram effect considered as a random effect was 0.081 (Model R; information from population relationship matrix not taken into consideration). When information from the relationship matrix was included the model, the paternal heritability estimate increased from 0.046 (Model SP-C) to 0.10 (Model SG, Model SH), depending upon whether the permanent environmental ram effect, the harem effect or both were included. Models including the service ram effect had slightly smaller maternal heritabilities than models not including that effect. Genetic correlations between genetic effects on female and male fertility were 0.03 and −0.01 for Model SG-C and Model SP-C, respectively (Table 4).

Partitioning the service ram effect between its genetic and permanent environmental contributions (Model SP) suggested that the genetic contribution was roughly twice the magnitude of the permanent environmental contribution (0.065 vs. 0.036). This tendency is also seen in comparison of Model SPH, which included the harem effect, but not in Model SP-C in which variance from the ram permanent environmental effect was larger than the additive genetic variance for the ram influence. Including the effect of harem in Models H, SH, SPH led to decreased variance attributable to contemporary group. The smallest differences among models were for estimates of ewe permanent environmental variance.

All models that jointly included the service ram effect and the relationship matrix had slightly lower proportions of residual variance than Models B and H, neither of which included service ram, and Model R in which the service ram effect was included but not linked to the relationship matrix. Including the service ram as a random effect without the relationship matrix in the model decreased DIC from 10,775 (Model B) to 10,761 (Model R). Partitioning the service ram effect into a genetic contribution and other components reduced DIC even more, from 10,759 to 10,749 (Model SH).

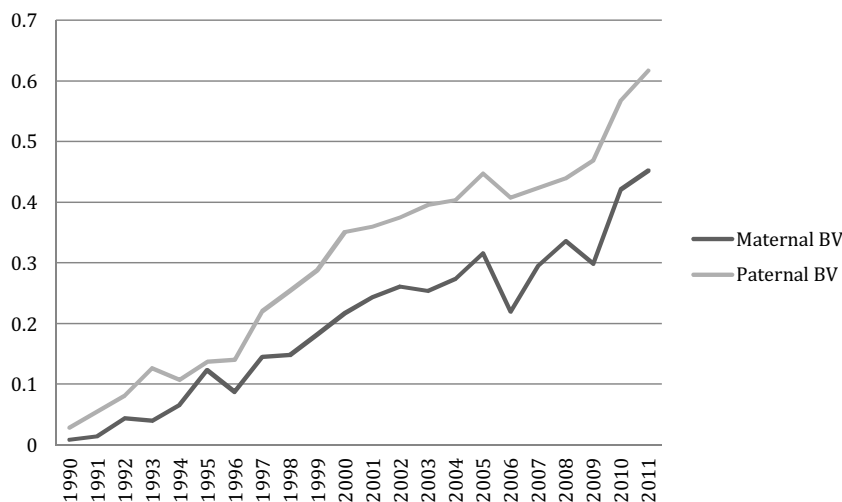


Fig. 2. Genetic trend of litter size from 1990 to 2011 (from Model SPH).

Based upon comparison of genetic parameter estimates and DIC presented for the nine models in Tables 4 and 5, Models B, R, SP, SH and SPH were chosen for maternal BV prediction, and models SP, SH and SPH were chosen for paternal BV prediction (Table 6). Means of estimated BV by year of birth increased across 22 years from approximately 0.45–0.60 lambs per litter for maternal BV and from 0.55 to 0.59 lambs per litter for paternal BV, with only slight differences among models (data not shown). Fig. 2 is a comparison of genetic trends for maternal and paternal BVs estimated using model SPH.

Spearman's correlations are shown in Table 7. Pearson's correlations among maternal breeding values for litter size estimated by these models ranged from 0.964 to 0.999 and among paternal breeding values ranged from 0.993 to 0.999 (data not shown). Pearson's correlations between paternal breeding values and random sire-effect (model R) ranged from 0.261 to 0.290 (data not shown).

#### 4. Discussion

The objective of this study was to estimate (co)variance components for the service ram effect on litter size in sheep and to propose models for the potential inclusion of this effect in mixed model equations for breeding value estimation.

There is limited information in the literature about this effect and its contribution to genetic evaluation of litter size. Sánchez-Dávila et al. (2015) reported that rams differed by from one to two offspring in average litter size of their mates; whereas Holler et al. (2014) observed significant differences among service sires in number of lambs born per mate and also conceptus survival through gestation. Shorten et al. (2013) reported that permanent maternal and permanent paternal environmental effects had similar influence on pregnancy losses. Hagger (2002) found a small influence

(0.7%–2.9% of phenotypic variance) of the service ram effect on litter size in four breeds of sheep; and in Schmidova et al. (2015), variance attributable to service ram in Šumava sheep ranged from 0.9% to 2.1% of phenotypic variance. Similarly, the percentage of variance for the service sire effect for litter size traits in pigs ranged from 2 to 3% (Wolf and Wolfova, 2012). Service sire effects for number of lambs born in Bunter and Brown (2013) accounted for 0.01–0.02% of phenotypic variance, which was not significant. Safari et al. (2007) found significant service sire effects for fertility and lambs born and weaned per ewe joined; Mohammadi et al. (2012) found service sire effects to be important only for litter weight traits but not for litter size in sheep.

In our current study on Romanov sheep, a prolific breed, the proportion of variance attributable to the service sire effect ranged from 0.046 to 0.10. Estimates of traditional heritability of ewe prolificacy in the study ranged from 0.078 to 0.092, calling into question the validity of using the service ram effect not only as an “environmental effect” for predicting breeding value for litter size as maternal trait, but also for predicting breeding values for service sire effects on litter size. As pointed out by David et al. (2007), even if ewe and ram sources of variation seem small, the range of estimated BV between extreme animals can be substantial.

Additive genetic variance for the service ram effect may be attributable to genetic differences in semen quality and quantity, fertilization percentage, embryonic and fetal development, and/or survival at lambing (Hamann et al., 2004). Oh et al. (2010) reported significant associations between litter size in pigs and percentage of capacitated sperm and sperm fertility index assessed by a sperm penetration assay.

An animal's social relationships with others of the same species can also affect aspects of the reproductive process (Rosa and Bryant, 2002). For example, the “ram effect” can increase litter size due to

Table 7  
Spearman's correlations among maternal (above diagonal) and paternal (below diagonal) breeding values for litter size from selected models.

	Model R	Model SP	Model SH	Model SPH
Model B	0.979	0.961	0.958	0.958
Model R	–	0.974	0.967	0.973
Model SP	0.207	–	0.997	0.999
Model SH	0.221	0.992	–	0.997
Model SPH	0.207	0.999	0.993	–

Explanations: Model B: Basic model without service ram effect, no paternal BV, only maternal BV; Model R: Model with effect of service ram but without inclusion into the relationship matrix, no paternal BV, but only estimated sire-effect; Model SP: Model with effect of service ram with inclusion into the relationship matrix and with partitioning to genetic and permanent environment effects; Model SH: Model with effect of harem and service ram effect with inclusion into the relationship matrix; Model SPH: Model with effect of harem and service ram effect with inclusion into the relationship matrix and with partitioning to genetic and permanent environmental effects.

stimulation of estrous activity in ewes following introduction of a ram or rams into the flock. It is characterized by rapid response of the ewes to the unaccustomed presence of the rams. Exposure to rams initiates endocrine events that lead to ovulation, which occurs in most responsive ewes within 50 h of first contact with the rams (Martin et al., 1986). Kilgour (1993) found a positive correlation between number of ram services during flock mating and number of fetuses conceived.

As reported by Coulter and Foote (1979) and Al-Shorepy and Notter (1996), reproductive efficiency of cows and ewes is related to testicular size of their male progenitors. This relationship between male and female traits suggests that certain genes affect critical reproductive mechanisms in both males and females. However, the genetic correlation between ewe and service ram genetic effects in our study ( $-0.03$  and  $-0.01$ ) did not confirm this expectation. Furthermore, the genetic correlation between ram and ewe fertility, which was defined as success or failure to artificial insemination, did not differ significantly from zero in the study of David et al. (2007). Stellflug and Berardinelli (2002) similarly noted that selection for litter size was not likely to affect sexual behavior of male offspring; and Bench et al. (2001) found no difference in ovulation rate between daughters of low sexual performing sires and daughters of high sexual performing sires.

Serenius et al. (2003) estimated genetic correlations between direct genetic and service sire effects for total number of piglets born per litter in two breeds. Estimates were of similar magnitude but opposite sign ( $-0.39$  to  $0.23$ ) and with high standard errors. As reported by Snowden et al. (2004), the estimated genetic correlation between ram sexual performance and number of lambs born was small and positive for the Columbia breed ( $0.24 \pm 0.20$ ), but zero for an across breed estimate ( $0.00 \pm 0.10$ ). We surmise that the near independence between ewe and ram additive genetic effects on litter size and their similar heritability suggests that breeding values estimation procedures for the service ram effect could be developed and evaluated.

Using the proportion of residual variance as the criterion for the comparison of models in our study, all models that included the service ram effect as well as inclusion of the relationship matrix were slightly better than models lacking the service ram effect (Models B and H) and the one model that included service ram but not linked to the population relationship matrix (Model R). Wolf and Wolfova (2012) reported in pigs that residual variance was reduced in models including service sire, irrespective of whether the service sire effect was modeled with or without inclusion of the relationship matrix. Hagger (2002) reported that including the service sire effect reduced final log-likelihood, thus improving the model. Including the service ram as a random effect without linked to the relationship matrix into the model decreased DIC in our study from 10,775 (Model B) to 10,761 (Model R). From the set of models which included ram effects, model SH had the lowest DIC (10,749) and was among models with lower proportions of residual variance. We surmise that this model is appropriate for predicting maternal breeding values for litter size in Romanov sheep with additional information for better selection of ewes. If, however, the goal is to predict both maternal and paternal breeding values, model SPH may be more appropriate for selection of ewes and rams. This model has low DIC, the lowest proportion of residual variation of all models and thoroughly models genetic and environmental sources of variation.

Inclusion of ram and mating period effects into model fractionally affected maternal breeding values estimations. Correlations between ewe breeding values estimated using Model B versus models including ram related effects varied from 0.964 to 0.984. David et al. (2007) also reported high correlations between estimated breeding values for male and female fertility estimated using different models (from 0.90 to 0.99).

It is surprising that genetic trends for maternal BV documented in our results are larger than genetic trends for litter size reported in the literature (Boujenane et al., 2013; Hanford et al., 2006). A contributing factor may be that we studied the Romanov breed, for which a primary breeding objective is high prolificacy. The substantial genetic trend in paternal BV for litter size may be caused by breeder's preference for service rams from twins or triplets.

## 5. Conclusions

Litter size is generally considered as a ewe trait. Results from the present study suggest that service rams in Romanov sheep also have a clearly detectable influence on litter size. Genetic parameter estimates indicate that direct selection on breeding value for the service ram effect could be an additional selection criterion to improve litter size in sheep. The additive genetic service ram (paternal) component was not antagonistic to the additive genetic ewe (maternal) component. As this is the first in depth study in sheep that aims to estimate the service ram effect with and without consideration of the population relationship matrix, further investigation is needed before including the ram genetic effect in the model for prediction of breeding values for litter size.

## Acknowledgements

The study was supported by the Ministry of Agriculture of the Czech Republic (Project No. QJ1510139 and MZERO0714). We thank W. D. Hohenboken (Corvallis, OR) for editing the English of the paper and for helpful comments. We are also thankful to all reviewers whose questions helped to improve the manuscript.

## References

- Al-Shorepy, S.A., Notter, D.R., 1996. Genetic variation and covariation for ewe reproduction, lamb growth, and lamb scrotal circumference in a fall-lambing sheep flock. *J. Anim. Sci.* 74, 1490–1498.
- Bench, C.J., Price, E.O., Dally, M.R., Borgwardt, R.E., 2001. Artificial selection of rams for sexual performance and its effect on the sexual behavior and fecundity of male and female progeny. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 72 (1), 41–50.
- Boujenane, I., Chikhi, A., Sylla, M., Ibbelbachyr, M., 2013. Estimation of genetic parameters and genetic gains for reproductive traits and body weight of D'man ewes. *Small Rumin. Res.* 113, 40–46.
- Bunter, K.L., Brown, D.J., 2013. Yearling and adult expressions of reproduction in maternal sheep breeds are genetically different traits. *Proc. Assoc. Adv. Anim. Breed. Genet.* 20, 82–85.
- Coulter, G.H., Foote, R.H., 1979. Bovine testicular measurements as indicators of reproductive-performance and their relationship to productive traits in cattle—review. *Theriogenology* 11 (4), 297–311.
- 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. *J. Dairy Sci.* 90 (8), 3917–3923.
- Hagger, C., 2002. Multitrait and repeatability estimates of random effects on litter size in sheep. *Anim. Sci.* 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. *Livest. Prod. Sci.* 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. *Livest. Sci.* 102, 72–82.
- Hanrahan, J.P., Quirke, J.F., 1988. Testis size and plasma luteinizing hormone as aids to selection for fecundity in sheep. *Anim. Prod.* 24, 148.
- Holler, T.L., Dean, M., Taylor, T., Poole, D.H., Thonney, M.L., Thomas, D.L., Pate, J.L., Whitley, N., Dailey, R.A., Inskeep, E.K., 2014. Effects of service sire on prenatal mortality and prolificacy in ewes. *J. Anim. Sci.* 92 (7), 3108–3115.
- Kilgour, R.J., 1993. The relationship between ram breeding capacity and flock fertility. *Theriogenology* 40 (2), 277–285.
- Martin, G.M., Oldham, C.M., Cognie, Y., Pearce, D.T., 1986. The physiological responses of anovulatory ewes to the introduction of rams—a review. *Livest. Prod. Sci.* 15, 219–247.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., Lee, D.H., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Montpelier CD-ROM Communication In: Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 28, p. 07.
- Mohammadi, H., Shahrbabak, M.M., Shahrbabak, H.M., 2012. Genetic analysis of ewe productivity traits in Makoei sheep. *Small Rumin. Res.* 107, 105–110.

- Notter, D.R., 2008. Genetic aspects of reproduction in sheep. *Reprod. Domest. Anim.* 43 (Suppl. 2), 122–128.
- Oh, S.A., Park, Y.J., You, Y.A., Mohamed, E.A., Pang, M.G., 2010. Capacitation status of stored boar spermatozoa is related to litter size of sows. *Anim. Reprod. Sci.* 121, 131–138.
- Perkins, A., Fitzgerald, J.A., Price, E.O., 1992. Sexual performance of rams in serving capacity tests predicts success in pen breeding. *J. Anim. Sci.* 70 (9), 2722–2725.
- Rosa, H.J.D., Bryant, M.J., 2002. The 'ram effect' as a way of modifying the reproductive activity in the ewe. *Small Rumin. Res.* 45, 1–16.
- 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. *Trop. Anim. Health Prod.* 47 (5), 825–831.
- Safari, E., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R., Atkins, K.D., Mortimer, S.I., Swan, A.A., Brien, F.D., Greeff, J.C., van der Werf, J.H.J., 2007. Across population genetic parameters for wool, growth, and reproduction traits in Australian Merino sheep. 2. Estimates of heritability and variance components. *Aust. J. Agric. Res.* 58 (2), 177–184.
- Schmidová, 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 Rumin. Res.* 119, 33–38.
- Schmidová, J., Milerski, M., Svitakova, A., Vostry, L., 2015. Genetic contribution of ram on litter size in Šumava sheep. *Poljoprivreda* 21 (1), 159–162.
- Schott, R.G., Phillips, R.W., 1941. Rate of sperm travel and time of ovulation in sheep. *Anat. Rec.* 79 (4), 531–540.
- Serenius, T., Sevoín-Aimonen, M.L., Mäntysaari, E.A., 2003. Effect of service sire and validity of repeatability model in litter size and farrowing interval of Finnish Landrace and large white populations. *Livest. Prod. Sci.* 81, 213–222.
- 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. *J. Anim. Sci.* 91 (10), 4641–4653.
- Snowder, G.D., Stellflug, J.N., Van Vleck, L.D., 2004. Genetic correlation of ram sexual performance with ewe reproductive traits of four sheep breeds. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 88, 253–261.
- 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.
- Stellflug, J.N., Berardinelli, J.G., 2002. Ram mating behavior after long-term selection for reproductive rate in Rambouillet ewes. *J. Anim. Sci.* 80 (10), 2588–2593.
- van der Lende, T., Willemsen, M.H.A., van Arendonk, J.A.M., van Haandel, E.B.P.G., 1999. Genetic analysis of the service sire effect on litter size in swine. *Livest. Prod. Sci.* 58, 91–94.
- 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.

Příloha V. Schmidová et al. (2016b).

Vliv berana na velikost vrhu u ovcí plemene suffolk

**Schmidová, J., Milerski, M., Svitáková, A., Novotná, A., Vostrá Vydrová, H., Vostrý, L.  
2016b. The influence of ram on litter size in Suffolk sheep. Acta agriculturae Slovenica,  
Supplement 5, 109-112.**



# THE INFLUENCE OF RAM ON LITTER SIZE IN SUFFOLK SHEEP

Jitka SCHMIDOVÁ <sup>1,2</sup>, Michal MILERSKI <sup>3</sup>, Alena SVITÁKOVÁ <sup>4</sup>, Alexandra NOVOTNÁ <sup>5</sup>,  
Hana VOSTRÁ-VYDROVÁ <sup>6</sup>, Luboš VOSTRÝ <sup>7</sup>

## ABSTRACT

The proportion of variance for service ram effects was estimated for number lambs born and weaned. The database with 11,311 lambings in purebred Suffolk was used. The basic model equation for the analysis of variance of litter size contained effects of ewe's age at lambing, contemporary group of ewes at lambing, ewe's permanent environmental effect and ewe's direct additive genetic effect. The other models were extended by contemporary group of ewes during mating (harem), and additive genetic and permanent environmental effect of service ram. Variance components were estimated by the Gibbs sampling method. The proportions of variance for the service ram effect for number of lambs born and weaned were 4.1 % and 2.6 %. The annual genetic trends were 0.4 % of lambs born and 0.2 % of lambs weaned for female fertility. Male contribution on litter size was 0.2 % of lambs born and 0.1 % of lambs weaned. The results demonstrated that service rams in Suffolk sheep have low influence on litter size of their mates.

**Key words:** sheep, litter size, prolificacy, variance components, genetic parameters, heritability, breeding values

## 1 INTRODUCTION

In the Czech Republic, there are about 200,000 sheep of which 23,500 ewes and their lambs are included in performance test. Suffolk is the most numerous breed in Czech Republic. In year 2014 it account for about 25.4 % of purebred ewes in performance test (Bucek *et al.*, 2015).

In recent years the importance of lamb and sheep meat and milk production increased relative to wool production. Consequently the economic value of sheep meat and sheep milk increased too (Krupova *et al.*, 2013). As reported by Wang and Dickerson (1991) and Wolfova *et al.* (2011a, 2011b) the improvement of reproductive traits has high economic significance in meat production system.

Traditionally, litter size is considered and evaluated as a trait of female. However, prolificacy is a complex trait (Fig. 1) as described by Schmidova *et al.* (2016) and Shorten *et al.* (2013). It is also influenced by paternal and fetal effects. In studies of Sanchez-Davila *et al.* (2015) and Schmidova *et al.* (2015) genetic evaluations for number of lambs born per ewe were described using model equations that included an effect of service ram.

In view of the foregoing, the objective of the present study was to estimate the proportion of variance for service ram effect and other factors acting during the mating period on subsequent litter size in Suffolk, the meat purpose breed.

1 Institute of Animal Science, Pratelstvi 815, 10401 Praha-Uhrineves, Czech Republic, e-mail: Schmidova.jitka@vuzv.cz

2 Czech University of Life Science Prague, Faculty Agrobiological, Food and Natural Resources, Kamýcka 129, Prague, Czech Republic

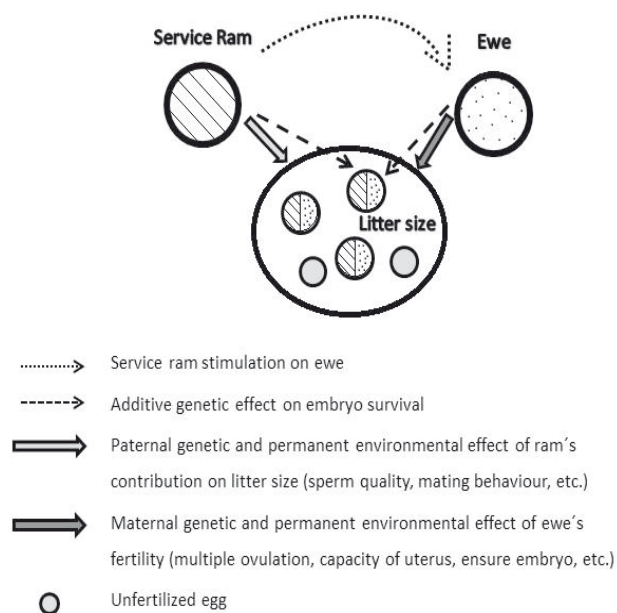
3 Same address as 1, e-mail: Milerski.michal@vuzv.cz

4 Same address as 1, e-mail: Svitakova.alena@vuzv.cz

5 Same address as 1, e-mail: Novotna.alexandra@vuzv.cz

6 Same address as 1, e-mail: Vostravydrova.hana@vuzv.cz

7 Same address as 1, e-mail: Vostry.lubos@vuzv.cz



**Figure 1:** Effect of service ram and ewe on litter size

## 2 MATERIALS AND METHODS

### 2.1 DATA

Database was provided by the Sheep and Goat Breeders Association of the Czech Republic. It contained data from performance test from year 1996 to 2013. The Association collect information of animals as flock, date of lambing, parity, ewe age at lambing, interval between successive lambings, service ram and litter size. Litter size was recorded on the day of lambing as total number of born lambs (alive or dead). Only ewes that had at least one lamb were included in the database. Only natural matings were included. Four generations of known ancestors from the pedigree database were used for the estimation of genetic parameters.

Crossbred ewes, ewes with an unknown date of birth, ewes that were younger than 10 months or older than 140 months of age at lambing, ewes whose sire had less than four daughters with at least two lambing records each were excluded from the database. Flocks where only one ram was used, and rams used in only one flock-year subclass were excluded from the database prior to analysis. Contemporary groups (CG) were created of ewes that lambed within successive 40-day intervals in the same flock and year (Schmidova *et al.*, 2014). Those CG's with less than 7 ewes were excluded from analyses. Another contemporary group category identified as the harem was created of all ewes mated to one ram during one mating period (Schmidova *et al.*, 2015).

The edited database contained data on 11,311 lambing events from 4,032 ewes and 385 rams. There were 460 contemporary groups of ewes at lambing, 1,104 harems, and 7879 animals in the pedigree file.

### 2.2. STATISTICAL METHODS

The basic model equation for the analysis of litter size variance was determined based on the single-trait repeatability model (Schmidova *et al.*, 2014):

$$\text{Model 1: } LS_{ijk} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + e_{ijk}$$

where  $LS_{ijk}$  is the litter size of ewe  $k$  (number of born or weaned lambs);  $A_i$  is the age class of ewe at lambing (fixed);  $CG_j$  is the effect of contemporary group (random);  $Ew_k$  is the direct additive genetic effect of ewe  $k$  (random);  $Epe_k$  is the permanent environmental effect of ewe  $k$  (random);  $e_{ijk}$  is the random residual.

For estimation of service ram effect were used two extensions of the Model 1:

$$\text{Model 2: } LS_{ijkl} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + S_l + e_{ijkl}$$

$$\text{Model 3: } LS_{ijkl} = A_i + CG_j + Ew_k + Epe_k + SG_l + Spe_l + e_{ijkl}$$

$S_l$  is the effect of service ram  $l$  in model 2 (random);  $SG_l$  is the direct additive genetic effect of service ram  $l$  in model 3 (random);  $Spe_l$  is the permanent environmental effect of service ram  $l$  in model 3 (random).

Variance components were estimated by the Gibbs sampling method (GIBBS1F90, Misztal *et al.*, 2002). After some exploratory analyses one chain of 700,000 samples was generated, rejecting the first 80,000 and saving every 100th sample thereafter. Bayesian measure of adequacy – the deviance information criterion (DIC) (Spiegelhalter *et al.*, 2002) was also evaluated.

Breeding values (BV) for number of born lambs and number of weaned lambs as a ewe trait (female fertility) and as a service ram trait (male fertility) were predicted using BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2002). Genetic trends

**Table 1:** Distributions of number of lambs

	Litter size				
	0	1	2	3	4
No. of born lambs per litter	*	4263	6246	784	18
		37.69 %	55.22 %	6.93 %	0.16 %
No. of weaned lambs per litter	844	4583	5397	483	4
	7.46 %	40.52 %	47.71 %	4.27 %	0.04 %

\* Only ewes with at least one born lamb were included in the database

**Table 2:** Variance components for number of born and number of weaned lambs in Suffolk sheep for different models

Litter size		$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_{Ew}^2$	$\sigma_{Ewpe}^2$	$\sigma_{CG}^2$	$\sigma_s^2$	$\sigma_{Spe}^2$	$\sigma_{Har}^2$	DIC
Born	Model 1	0.350	0.273	0.019	0.006	0.052				18399
	SD		0.004	0.004	0.003	0.006				
	Model 2	0.341	0.271	0.017	0.006	0.031	0.016			18378
	SD		0.004	0.004	0.003	0.005	0.004			
	Model 3	0.342	0.271	0.017	0.005	0.028	0.014	0.005	0.002	18371
	SD		0.005	0.004	0.003	0.005	0.005	0.004	0.001	
Weaned	Model 1	0.467	0.360	0.019	0.010	0.078				21495
	SD		0.006	0.005	0.005	0.008				
	Model 2	0.457	0.359	0.019	0.009	0.061	0.009			21505
	SD		0.006	0.005	0.005	0.009	0.004			
	Model 3	0.455	0.358	0.020	0.008	0.051	0.012	0.003	0.003	21507
	SD		0.006	0.005	0.005	0.008	0.005	0.003	0.002	

$\sigma_p^2$  = phenotypic variance;  $\sigma_e^2$  = residual variance;  $\sigma_{Ew}^2$  = additive genetic variance of ewe's (maternal) performance;  $\sigma_{Ewpe}^2$  = ewe's (maternal) permanent environmental variance;  $\sigma_s^2$  = additive genetic variance of sire's (paternal) performance;  $\sigma_{Spe}^2$  = sire's (paternal) permanent environmental variance;  $\sigma_{CG}^2$  = contemporary group variance;  $\sigma_{Har}^2$  = harem variance; DIC = Deviance information criterion

were characterized as mean breeding values by year of birth from 1989 to 2011.

### 3 RESULTS AND DISCUSSION

The average number of born lambs per litter was 1.70 ( $\pm$  0.60) and the average number of weaned lambs was 1.49 ( $\pm$  0.70). The Table 1 presents distributions of both litter size traits.

Variance components and genetic parameter estimations for number of born and weaned lambs are presented in Table 2 and 3. The basic model (Model 1) shows in general low coefficient of heritability and repeatability.

As it was showed earlier by Sanchez-Davila *et al.*

(2015) rams differed by from one to two offspring in average litter size of their mates. Significant differences among service rams in litter size per mate and also conceptus survival through gestation were observed by Holler *et al.* (2014). The service ram effect on litter size was found also by Hagger (2002), where it was from 0.7 % to 2.9 % of phenotypic variance with difference among breeds. In Šumava sheep (Schmidova *et al.*, 2015), the variance attributable to service ram ranged from 0.9 % to 2.1 % of phenotypic variance; whereas in high prolific Romanov sheep (Schmidova *et al.*, 2016) the proportion of variance attributable to the service sire effect ranged from 0.046 to 0.10.

As pointed out by David *et al.* (2007), even if ewe

**Table 3:** Variance component proportions of phenotypic variance for number of born and number of weaned lambs in Suffolk sheep for different models

Litter size		$h^2$	$r_{rep}^2$	$Ew_{pe}^2$	$e^2$	$CG^2$	$S^2$	$S_{pe}^2$	$Har^2$
Born	Model 1	0.054	0.071	0.017	0.781	0.148			
	Model 2	0.049	0.067	0.017	0.797	0.090	0.047		
	Model 3	0.051	0.067	0.016	0.792	0.081	0.041	0.014	0.006
Weaned	Model 1	0.042	0.063	0.022	0.771	0.166			
	Model 2	0.041	0.062	0.021	0.784	0.133	0.020		
	Model 3	0.045	0.062	0.017	0.786	0.112	0.026	0.007	0.006

$h^2 = (\sigma_{Ew}^2 / \sigma_p^2)$  = maternal heritability;  $r_{rep}^2 = ((\sigma_{Ew}^2 + \sigma_{Ewpe}^2) / \sigma_p^2)$  = maternal repeatability;  $Ew_{pe}^2 = (\sigma_{Ewpe}^2 / \sigma_p^2)$  = permanent environmental variance as a proportion of phenotypic variance;  $e^2 = (\sigma_e^2 / \sigma_p^2)$  = residual variance as a proportion of phenotypic variance;  $CG^2 = (\sigma_{CG}^2 / \sigma_p^2)$  = variance of contemporary group as a proportion of phenotypic variance;  $S^2 = (\sigma_s^2 / \sigma_p^2)$  = paternal heritability;  $S_{pe}^2 = (\sigma_{Spe}^2 / \sigma_p^2)$  = paternal permanent environmental variance as a proportion of phenotypic variance

and ram sources of variation seem small, the range of estimated BV between extreme animals can be substantial.

Using the proportion of residual variance as the criterion for the comparison of models in our study, both models that included the service ram effects were slightly better than model 1. Including the service ram effects into the model decreased DIC in our study for estimation of variance components for number of born but not for number of weaned lambs.

Spearman's correlations among maternal breeding values for number of born lambs estimated by these models ranged from 0.991 to 0.998; Pearson's correlations ranged from 0.989 to 0.997. Both types of correlations among maternal breeding values for number of lambs weaned ranged from 0.992 to 0.998. Spearman's correlations between paternal breeding values (model 3) and random sire-effect (model 2) were 0.079 and 0.028 for number of lambs born and weaned, respectively. The annual genetic trends were 0.4 % of lambs born and 0.2 % of lambs weaned for female fertility. There were only slight differences among models (data not shown). In male contribution on litter size it was 0.2 % of lambs born and 0.1 % of lambs weaned (model 3).

#### 4 CONCLUSIONS

Traditionally, litter size is considered and evaluated as a ewe trait. However, prolificacy is a complex trait. Results from the present study indicate that service rams in Suffolk sheep also have a clearly detectable influence on number of born and weaned lambs. No antagonistic dependence between additive genetic service ram (paternal) component and the additive genetic ewe (maternal) component was found. Genetic parameter estimates indicate that selection based on breeding values for the service ram effect could be an additional selection criterion to improve litter size in Suffolk sheep.

#### 5 ACKNOWLEDGEMENT

The study was supported by the Ministry of Agriculture of the Czech Republic (Project No. QJ1510139 and Project No. QJ1310184).

#### 6 REFERENCES

Bucek, P., Kvapilík, J., Kölbl, M., Milerski, M., Pindák, A., Mareš, V., Kondrác, R., Roubalová, M., Škaryd, V., Dianová, M., Krupová, Z., Krupa, E., Michaličková, M. (2015). *Ročenka chovu ovcí a koz v České Republice za rok 2014*. Českomoravská společnost chovatelů, a.s. Praha.

- 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.
- 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.
- Krupova, Z., Krupa, E., & Wolfova, M. (2013). Impact of economic parameters on economic values in dairy sheep. *Czech Journal of Animal Science*, 58, 21–30.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., & Lee, D. H. (2002). BLUPF90 and related programs (BGF90). In: *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France, August 19–23, 2002 [CD-ROM] (communication 28-07). Castanet-Tolosan: INRA.
- 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.
- 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/Agriculture*, 21(1), 159–162.
- Schmidova, J., Milerski, M., Svitakova, A., & Vostry, L. (2016). Effects of service ram on litter size in Romanov sheep. *Small Ruminant Research* (in press). <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.05.018>.
- 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. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 64(4), 583–639.
- Wang, C. T., & Dickerson, G. E. (1991). Simulated effects of reproductive performance on life-cycle efficiency of lamb and wool production at three lambing intervals. *Journal of Animal Science*, 69, 4338–4347.
- Wolfova, M., Wolf, J., & Milerski, M. (2011a). Economic weights of production and functional traits for Merinolandschaf, Romney, Romanov and Sumavska sheep in the Czech Republic. *Small Ruminant Research*, 99, 25–33.
- Wolfova, M., Wolf, J., & Milerski, M. (2011b). Calculating economic weights for sheep sire breeds used in different breeding systems. *Journal of Animal Science*, 89, 1698–1711.

## 8. 2. Přehled publikační činnosti – Ing. Jitka Schmidová

### 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 plemenitby. 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. Živočišná 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 starokladrubskeho 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 39<sup>th</sup> 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, Copenhagen 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  $\alpha$ , 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.