

Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Katedra genetiky a šlechtění



**Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů**

**Odhad genetických a negenetických efektů ovlivňující
mléčnou užitkovost dojených koz
Diplomová práce**

Bc. Martin Blažka

Biotechnologie a šlechtění zvířat

Prof. Ing. Luboš Vostrý, Ph.D.

© 2022 ČZU v Praze

Čestné prohlášení

Prohlašuji, že svou diplomovou práci „Odhad genetických a negenetických efektů ovlivňující mléčnou užitkovost dojených koz“ jsem vypracoval samostatně pod vedením vedoucího diplomové práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce. Jako autor uvedené diplomové práce dále prohlašuji, že jsem v souvislosti s jejím vytvořením neporušil autorská práva třetích osob.

V Praze dne 12.4. 2021

Poděkování

Rád bych touto cestou poděkoval svému vedoucímu práce prof. Ing. Luboši Vostrému, Ph.D. za trpělivé vedení, pravidelné konzultace a vstřícný přístup při zpracování této diplomové práce. Dále děkuji své přítelkyni za trpělivost při zpracování této práce.

Odhad genetických a negenetických efektů ovlivňujících mléčnou užitkovost dojených koz

Souhrn

Tato diplomová práce se zabývá odhadem genetických a prostředových efektů ovlivňujících mléčnou užitkovost kozy bílé krátkosrsté v České republice. Cílem práce bylo odhadnout pomocí softwaru remlf90 genetické parametry mléčné užitkovosti na základě, kterých byl vypočten koeficient heritability pro celkovou produkci mléka za laktaci. V první části byla zpracována literární rešerše, ve které jsou popsána nejčastěji chovaná dojená plemena koz v České republice u těchto plemen byl charakterizován chovný cíl. Dále byly vysvětleny a popsány genetické parametry a efekty ovlivňující užitkové vlastnosti. Následně byla popsána metodika kontroly užitkovosti. K finálnímu odhadu genetických parametrů byla použita data z kontroly užitkovosti od roku 2000 do roku 2017 od kozy bílé krátkosrsté. Bylo hodnoceno působení pořadí laktace, roku narození, chovu a hmotnosti v kontrolní den na celkový nádoj. Poskytnutá data byla upravena v programu SAS a pomocí procedury GLM byly vyhodnoceny jednotlivé fixní efekty a jejich použití v modelech. Po tomto hodnocení byly vybrány 2 modely, dle kterých byly odhadnuty genetické parametry, které byly použity pro výpočet koeficientu dědivosti. Koeficient dědivosti vyšel 0,27124. Z této hodnoty vyplívá, že na mléčnou užitkovost působí z větší části (70 %) vnější podmínky prostředí. Následně byly výsledky porovnány s výsledky jiných studií. Z výsledků této práce a zmíněných studií lze získat informace o efektech působících na mléčnou užitkovost. Pokud chtějí chovatelé dále zlepšovat užitkové vlastnosti a zlepšovat tím i rentabilitu chovu, je nezbytné věnovat pozornost i genetickým parametrům a dalším efektům, které mohou ovlivnit mléčnou užitkovost.

Klíčová slova: odhad, genetické parametry, mléčná užitkovost, kozy

Estimation of genetic and non-genetic effects affecting the milk yield of dairy goats

Summary

This thesis deals with the estimation of genetic and environmental effects influencing the dairy performance of the White Shorthorn goat in the Czech Republic. The aim of the thesis was to estimate genetic parameters of milk yield using remlf90 software, based on which the heritability coefficient for total milk production per lactation was calculated. In the first part, a literature search was carried out in which the most commonly bred dairy goat breeds in the Czech Republic were described and the breeding objective was characterized. Furthermore, genetic parameters and effects affecting performance traits were explained and described. Subsequently, the methodology of performance control was described. The final estimation of the genetic parameters was performed using the performance check data from 2000 to 2017 from the White Shorthorn goat. The effect of order of lactation, year of birth, breeding and weight on control day on total yield was evaluated. The data provided were adjusted in SAS and individual fixed effects and their use in models were evaluated using the GLM procedure. After this evaluation, 2 models were selected according to which genetic parameters were estimated and used to calculate the coefficient of heritability. The coefficient of inheritance was 0.27124. This value indicates that dairy performance is largely (70 %) influenced by external environmental conditions. The results were then compared with those of other studies. From the results of this work and those studies, information on the effects on milk yield can be obtained. If dairy farmers want to further improve performance characteristics and thus improve the profitability of their breeding, it is essential to pay attention to genetic parameters and other effects that they can influence themselves.

Keywords: estimation, genetic parameters, milk yield, goat,

Obsah

1	Úvod.....	8
2	Vědecká hypotéza a cíle práce.....	9
3	Literární rešerše.....	10
3.1	Šlechtitelský program koz	10
3.2	Bílá krátkosrstá koza	10
3.2.1	Užitkovost, chovný cíl	11
3.3	Hnědá krátkosrstá koza.....	11
3.3.1	Užitkovost, chovný cíl	12
3.4	Kontrola užitkovosti.....	12
3.4.1	Kontrola mléčné užitkovosti	13
3.4.1.1	Ukazatele mléčné užitkovosti za normovanou laktaci.....	13
3.5	Šlechtění v chovu koz	13
3.6	Mléčná užitkovost.....	14
3.6.1	Faktory působící na mléčnou užitkovost	14
3.6.1.1	Plemeno	14
3.6.1.2	Pořadí laktace	15
3.6.1.3	Živá hmotnost	15
3.6.1.4	Četnost vrhu	15
3.6.2	Laktační křivka	15
3.7	Genetické parametry	16
3.8	Variance	16
3.9	Heritabilita	17
3.9.1	Heritabilita v širším slova smyslu.....	17
3.9.2	Heritabilita v užším slova smyslu	17
3.10	Korelace	18
3.11	Plemenná hodnota	18
3.11.1	Odhad plemenné hodnoty.....	19
3.11.2	Prostředkové efekty	19
3.11.2.1	Náhodné efekty prostředí.....	19
3.11.2.2	Systematické efekty prostředí	20
3.11.3	Metody odhadu	20
3.11.3.1	Genomická plemenná hodnota	20
3.11.3.2	Statistické modely.....	21
3.11.3.3	Blup.....	22

3.11.3.4	Náhodné regresní modely	23
3.11.3.5	Na základě jedné vlastnosti a jedné informace (single trait model)	23
3.12	Selekce	24
3.12.1	Selekční program	24
3.12.2	Genetický zisk	26
3.13	Odhad genetických parametrů ve světě	27
3.13.1	Francie	27
3.13.2	Německo	30
3.13.3	USA	31
3.13.4	Velká Británie	34
4	Materiál a metody	37
4.1	Popis dat	37
4.2	Úprava vstupních dat	37
4.3	Výběr fixních efektů	38
4.3.1	Rok narození	38
4.3.2	Pořadí laktace	39
4.3.3	Chov	39
4.3.4	Váha	39
4.3.5	Statistické hodnocení fixních efektů	40
4.3.6	Výběr modelu	41
4.3.7	Odhad genetických parametrů	42
5	Výsledky	43
5.1	Hodnocené efekty a výběr modelu	43
5.1.1	Výběr modelu	43
5.1.2	Jednotlivé efekty	44
5.1.3	Stanovení genetických parametrů	46
6	Diskuse	47
6.1	Vstupní data	47
6.1.1	Modelová rovnice	48
6.1.2	Odhad genetických parametrů	49
7	Závěr	51
8	Literatura	52

1 Úvod

Chov koz v České republice sahá až daleko do historie. Od roku 2015 do roku 2019 docházelo k nárůstu počtu chovaných koz. V roce 2020 bylo chováno 28 919 kusů koz všech plemen, což je méně než v roce 2019. Většina koz chovaných u nás jsou chována na mléčnou produkci. V roce 2019 bylo zapojeno do kontroly užítkovosti 5 628 koz, největší část z tohoto počtu tvořila plemena hnědá a bílá krátkosrstá. Obliba kozího mléka meziročně roste, a proto je kladen větší důraz na kvalitu a množství nadojeného mléka. Z těchto důvodů je potřeba vyvinout systém pro zlepšování užítkových vlastností koz. Genetická analýza mléčné užítkovosti a s ním i vyhodnocení hlavních efektů ovlivňujících mléčnou užítkovost, je jedním z důležitých kroků. Na základě odhadu těchto genetických parametrů lze následně odhadovat plemenné hodnoty, které slouží pro výběr rodičů následné generace. Těmito kroky lze zlepšit užítkové vlastnosti koz a tím ovlivnit i rentabilitu chovu. Dalším možným zjednodušením odhadu genetického založení je v poslední době se rozmáhající použití SNP čipů. Odhad genetických parametrů byl v této práci proveden na nejpočetnějším plemeni v České republice a tou je koza bílá krátkosrstá. V roce 2019 bylo v kontrole užítkovosti 2 388 koz tohoto plemene. Bylo dosaženo 788 kg průměrného nádoje. Koza bílá krátkosrstá dosahuje vyššího celkového nádoje než ostatní plemena v kontrole užítkovosti. Z tohoto důvodu bylo k hodnocení vybráno právě toto plemeno.

2 Vědecká hypotéza a cíle práce

Tato práce si kládla za cíl odhad genetických a negenetických faktorů ovlivňujících mléčnou užitkovost koz, konkrétně kozy bílé krátkosrsté v České republice. Bude prozkoumáno více modelů následně po výběru nejvhodnějšího modelu se pomocí remlf90 odhadnout genetické parametry, které se použijí pro výpočet koeficientu dědivosti. Vědecká hypotéza je, že mléčná užitkovost bude vykazovat střední koeficient dědivosti.

3 Literární řešerše

3.1 Šlechtitelský program koz

Šlechtitelský program lze definovat jako soubor systematických a metodických postupů, kterými se Svaz chovatelů ovcí a koz jako oprávněná osoba a plemenářská organizace a chovatelé řídí. Tento konkrétní program je u hnědé a bílé krátkosrsté kozy zaměřen na zlepšování genetického založení pro zlepšení užitkovosti a s tím související zlepšení ekonomiky chovu. Na území České republiky převažují pastevní produkční chovy založené na využití trvalých travních porostů s nízkou náročností práce a vnějších zásahů. Program si klade za cíl získat plemeno s vysokou užitkovostí a s požadovanými vlastnostmi v těchto konkrétních podmínkách. Sledované vlastnosti jsou odolnost, zdraví a pastevní schopnost. Plemeno je v ČR chováno zejména na produkci kvalitního mléka a následné výroby z něho jako jsou kozí sýry. Dále pak se sleduje produkce jatečných mláďat a kvalita kůzlečího masa. Pro tyto užitkové vlastnosti jsou prováděny odhady plemenných hodnot, které se nadále používají do selekčních indexů. Tyto indexy jsou založeny na ekonomice jednotlivých vlastností a reflektují chovné cíle. Sestavení selekčních indexů závisí na užitkovém směru a na způsobu produkčního systému. Šlechtitelská práce je prováděna z důvodu dosažení genetického zlepšování v populaci vyjádřeného převahou mladších zvířat v populaci sledovaného pomocí selekčních indexů. Změny hodnot chovného cíle jsou prováděny podle připomínek chovatelů a po schválení Radou plemenných knih spadající pod Svaz chovatelů ovcí a koz. Tato opatření jsou uváděna v praxi na v celé České republice (SCHOK 2021).

3.2 Bílá krátkosrstá koza

Toto plemeno vzniklo šlechtěním ve 20. století. Plemeno vzniklo převodným křížením sánské kozy a nejednotných českých a slovenských koz (Sambraus 2006). Kontrola užitkovosti je datována už do roku 1928 a to na jižní Moravě. Dále se pak plemeno podílelo na zušlechtění dalších plemen jako bulharská bílá mléčná a rumunská karpatská. Plemeno se vyznačuje dlouhověkostí, vynikající mléčnou užitkovostí, odolností, vysokou plodností a dobrou konverzí krmiva. Plemeno je od roku 1992 zařazeno na seznam genových rezerv. V roce 1995 pak do Národního programu genových zdrojů s nárokem na dotace (Stupka et al. 2016). Zástupci plemene jsou klidného temperamentu. Mají střední až větší tělesný rámec obdélníkového tvaru a pevnou konstituci. Mohou být bezrohé i rohaté. Kozy v dospělosti dosahují kohoutkové výšky 70 až 80 cm a 50 až 60 kg, kozy pak 75 až 85 cm a 80 až 90 kg (SCHOK 2021).

3.2.1 Užítkovost, chovný cíl

Stupka et al. (2016) uvádí normovanou laktaci od 800 až do 1000 kg mléka při tučnosti 3,5 až 3,7 %, bílkoviny 2,7 až 3 % a obsah laktózy 4,4 až 4,6 %. Plodnost pak od 180 až do 200 %. Kůzlata v 70 dnech dosahují hmotnosti 15 kg a průměrný denní přírůstek je 180 až 200 g. Plemeno je vhodné pro individuální, ale i intenzivní stájový chov. Odchov by měl být 180 %. Šlechtění bude cíleno na mléčnou užítkovost, a to konkrétně na množství mléka a obsah mléčných složek, dále pak na plodnost, mateřské schopnosti, zdraví, ranost a dlouhověkost (SCHOK 2021). Hodnoty těchto vlastností jsou uvedeny v tabulkách č. 1 a č. 2, ze kterých lze vyčíst i rozdíl v užítkovosti mezi velkochovy a malochovy.

Tabulka 1 Hodnoty užítkovosti ve velkochovech (nad 31 zvířat) (SCHOK 2021)

Plodnost v %	Odchov kůzlat v %	Produkce mléka v kg	Obsah bílkovin v kg	Věk při zařazení do reprodukce v měsících		Živá hmotnost při zařazení do reprodukce v kg	
				Kozli	kozy	Kozli	Kozy
200	180	700	22	6-7	8-10	45	40

Tabulka 2 Hodnoty užítkovosti v malochovech (do 30 zvířat) (SCHOK 2021)

Plodnost v %	Odchov kůzlat v %	Produkce mléka v kg	Obsah bílkovin v kg	Věk při zařazení do reprodukce v měsících		Živá hmotnost při zařazení do reprodukce v kg	
				Kozli	kozy	Kozli	Kozy
200	180	900	26	6-7	8-10	45	40

3.3 Hnědá krátkosrstá koza

Jedná se o mléčné plemeno koz vzniklé ve 20. století převodným křížením strakatých a hnědých variant koz s kozly harzského plemene dovezeného z Německa do oblasti pohraničí. Jedinci plemene se vyznačují klidným temperamentem, středním obdélníkovým tělesným rámcem a pevnou konstitucí. Plemeno může být bezrohé a rohaté. Dosahují kohoutkové výšky 60 až 70 cm u koz a 70 až 80 cm u kozlů (SCHOK 2021). Hmotnost se pak pohybuje od 50 do 55 kg u samic. Samci jsou pak těžší a mohou dosahovat až 85 kg. Samice jsou vysoce plodné s dobrou konverzí krmiva. Do kontroly užítkovosti bylo plemeno přijato v roce 1963, kdy byla zavedena plemenná kniha. V roce 1992 bylo zařazeno na seznam genových rezerv České republiky (Stupka et al. 2016).

3.3.1 Užitkovost, chovný cíl

Plemeno je možné chovat jak individuálně, tak ve velkém stájovém chovu. Dosahuje vysoké plodnosti, a to až kolem 200 %. Hodnoty odchovu by měly dosahovat minimálně 180 %. Minimální dojivost na 2. a vyšší laktaci může být od 800 až 900 kg mléka. Chovný cíl je pak nastavený v průměru od 600 až do 1000 kg mléka (SCHOK 2021). Průměrná dojivost koz v kontrole užítkovosti byla 1050 kg s tučností 3,55 %. Množství nadojeného mléka v kontrole užítkovosti je až o 100 kg vyšší než u bílé krátkosrsté (Stupka et al. 2021). Mléko dosahuje tučnosti od 3,4 do 3,7 %. Stupka et al. (2016) uvádí 3,6 %. Kůzlata dosahují v 70 dnech věku 15 kg s průměrným denním přírůstkem 170 až 190 g (Stupka et al. 2021). Šlechtění populace hnědé krátkosrsté je vedeno prioritně na ukazatele mléčné užítkovosti, jako množství mléka a obsah složek mléka. Další šlechtěné vlastnosti jsou plodnost, ranost, zdraví, dlouhověkost a mateřské schopnosti (SCHOK 2021).

Tabulka 3 Hodnoty užítkovosti ve velkochovech (nad 31 zvířat) (SCHOK 2021)

Plodnost v %	Odchov kůzlat v %	Produkce mléka v kg	Obsah bílkovin v kg	Věk při zařazení do reprodukce v měsících		Živá hmotnost při zařazení do reprodukce v kg	
				Kozli	kozy	Kozli	Kozy
200	180	700	22	6-7	8-10	45	40

Tabulka 4 Hodnoty užítkovosti v malochovech (do 30 zvířat) (SCHOK 2021)

Plodnost v %	Odchov kůzlat v %	Produkce mléka v kg	Obsah bílkovin v kg	Věk při zařazení do reprodukce v měsících		Živá hmotnost při zařazení do reprodukce v kg	
				Kozli	kozy	Kozli	Kozy
200	180	900	26	6-7	8-10	45	40

3.4 Kontrola užítkovosti

Kontrolu užítkovosti provádí oprávnění pracovníci, kteří jsou definováni v plemenářském zákoně. Tito pracovníci shromažďují údaje a zajišťují veškeré potřebné úlohy na stádech koz. Tito pracovníci nemohou kontrolu užítkovosti provádět na vlastním stádě. Sledované parametry v kontrole užítkovosti dle Svazu chovatelů ovcí a koz jsou reprodukční vlastnosti, růstová schopnost, mléčná užítkovost a exteriér (SCHOK 2021).

3.4.1 Kontrola mléčné užitkovosti

Hlavními sledovanými znaky jsou množství nadojeného mléka a obsah složek (Příbyl et al. 1995). U koz se kontrola provádí podle metodiky vydávané Svazem chovatelů ovcí a koz, který se řídí Zákonem o šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat. Základním zdrojem pro rozvoj a metodiky kontroly užitkovosti u koz jsou pravidla ICAR, což je zkratka pro Mezinárodní výbor kontroly užitkovosti. Výbor určuje vývojové trendy. V roce 2001 došlo ke změně délky normované laktace. Tato hodnota byla stanovena na 280 dnů. V ČR se kontrola provádí během prvních třech laktací. Spolu s celkovou kontrolou užitkovosti se sleduje i v malých chovech chovající do 10 kusů zvířat a chovech nad 10 kusů (Bucek et al. 2011). U koz jsou systémy AC nebo EC. Dále jsou systémy rozděleny podle počtu kusů, kdy u systému AC je to AC1, kde jsou stáda od 1 do 100 kusů a AC 2 kde jsou stáda o 101 a více kusech (SCHOK 2021).

3.4.1.1 Ukazatele mléčné užitkovosti za normovanou laktaci

Dojivost za laktaci je dána součtem množství mléka za období sání a při dojení. U koz se období sání pohybuje kolem 40 dní. Běžné období dojení je 200 dní. Období produkce mléka je tedy 240 dní. Produkce mléka spotřebované kůzletem se vypočítá z množství mléka při prvním měření krát počet dnů od porodu. Produkce mléka z dojení pak součtem množství z jednotlivých dojení mezi kontrolami až do zaprahnutí. U metody AC množství mléka v kg se zjistí pomocí kalibrovaného přístroje s přesností 0,1 kg. U metody EC je pak možno použít kalibrovaný přístroj, odměrné nádoby nebo vážení se stejnou přesností 0,1 kg. První kontrola u AC je uskutečněna u nekojící kozy 10. až 50. den od porodu. U kojících koz pak minimálně 40. den od porodu a maximálně pak 90. den. Mezi dvěma kontrolami by měl být odstup 28 až 34 dní. U metody EC je to pak obdobné, odlišuje se však odstupem mezi dvěma kontrolami, kdy je to 60 až 75 dnů. Zaprahlá koza je koza s nádojem nepřesahujícím 0,2 kg (Bucek 2007).

3.5 Šlechtění v chovu koz

Šlechtění v chovu koz provádíme z důvodu zlepšování ekonomických ukazatelů plynoucích z chovu. Zlepšení ekonomiky můžeme dosáhnout cílevědomým výběrem nejvýkonnějších zvířat z populace a jejich zařazení do reprodukce. Pomocí genetického zisku jsme schopni hodnotit úspěšnost našeho šlechtitelského postupu. Genetický zisk nám ukazuje posun sledovaného znaku z roku na rok. Šlechtění lze definovat jako soubor promyšleného využití konkrétních zvířat v rozmnožování. Postup se volí tak, aby se docílilo co nejnižších nákladů s co nejvyšším genetickým ziskem spojeným s většími zisky. Proto se sledují vlastnosti, které mají vysoký ekonomický význam jako je produkce mléka a plodnost. Pro úspěšné šlechtění je potřeba určitá velikost populace, z tohoto důvodu by mělo probíhat v rámci celé populace plemene. Tím docílíme větší výběrové základny. Šlechtění provádíme v populaci schopné reprodukce, a to zejména ve šlechtitelských chovech.

Na tyto chovy nám navazují chovy produkční, ve kterých využíváme zvířata vyšlechtěná ve šlechtitelských chovech (Brestenský et al. 2015). Můžeme provádět selekci, která probíhá již od narození, a to v několika vlnách. Jedná se o cílené vyzařování zvířat ze stáda, prodej mláďat na jatka dále pak je důležitý výběr zvířat do plemenitby. Tato opatření je třeba uskutečňovat v aktivní populaci, a to na základě plemenné hodnoty. Plemenná hodnota by měla minimálně sloužit k předvýběru před subjektivním hodnocením. Nejintenzivněji selektujeme při výběru kůzlat na jatka, to můžeme považovat za první stupeň. Druhý stupeň či fáze probíhá při výběru zvířat do plemenitby. Dále pak selekce u koz probíhá na základě dat z kontroly užitkovosti či užitkovosti v jednotlivých letech. U plemenných kozlů se pak selekce provádí na základě užitkovosti jejich potomků (Příbyl et al. 1995). Dobrého genetického zisku lze dosáhnout zejména výběrem vhodných kozlů. Ti musí splňovat námi stanovené cíle, ale i použitím vhodných metod. To většinou nebývá problém u malé populace, ale pokud potřebujeme šlechtění provádět u větší populace například u celého plemene je výběr metod složitější. U koz se využívá buď individuální nebo skupinové připouštění, a to zejména z důvodu spolehlivého určení původu. Může se jednat o čistokrevnou plemenitbu nebo můžeme použít křížení. Čistokrevná plemenitba je páření rodičů stejného plemene. Křížení je připarování jedinců různých plemen. Křížením jsme schopni zlepšit nedostatky plemene použitím plemene s lepšími hodnotami dané vlastnosti, jedná se pak o zušlechťovací křížení. Můžeme se také setkat s pozměňovacím nebo převodným křížením, které se provádí ve 4. či další generaci. Cílem těchto křížení je vznik nového výkonnějšího plemene, které bude vykazovat lepší produkční znaky a nahradí nám tak naše původní plemeno, které bylo méně výkonné. Takto vzniklo například naše plemeno koza bílá krátkosrstá (Ochodnický et al. 2003).

3.6 Mléčná užitkovost

3.6.1 Faktory působící na mléčnou užitkovost

Pro zlepšení vlastností spojených s mléčnou produkcí je možno použít větší množství jedinců než u skotu, a to zejména kvůli kratšímu generačnímu intervalu a větší plodnosti (Ciappesoni et al. 2004).

3.6.1.1 Plemeno

Produkční vlastnosti jsou dány genetickými založením daných jedinců, tudíž největší vliv na produkci by mělo mít plemeno (Křížek et al. 1992). K plemenům určeným na mléčnou produkci jsou ve světě řazeny především alpská plemena jako jsou sánská a toggenburská koza. Do této skupiny je řazena i naše koza bílá krátkosrstá, která vznikla křížením původních českých koz s kozou sánskou. Je řazena pak mezi plemena odvozená (Gardiánová 2012). Pro porovnání v roce 2019 bylo v kontrole užitkovosti 2 388 koz, které dosahovali 788 kg mléka za normovanou laktaci při tučnosti 3,14 %, obsahu bílkovin 3 %, obsahu laktózy 4,5 % a dosahovaly plodnosti až 183,9 %. V kontrole užitkovosti pak dále bylo zařazeno 1 102 kusů hnědé krátkosrsté při 774 kg mléka za laktaci s tučností 3,12 %, obsahu bílkovin 3,06 %,

obsahu laktózy 4,5 % s plodností 173,8 %. Čistokrevná koza sánská zastoupená v kontrole užítkovosti 709 kusy s produkcí 1 108 kg mléka za normovanou laktaci při obsahu tuku 2,61 %, obsahu bílkovin 3,42 %, obsahu laktózy 4,6 % s plodností 180,8 % (Bucek et al. 2020). Z těchto hodnot lze vyčíslit vliv plemene na produkci mléka.

3.6.1.2 Pořadí laktace

V tomto faktoru se snoubí vliv věku s živou hmotností. Z více měření u plemene bílé krátkosrsté kozy vyplývá, že k nejintenzivnějšímu nárůstu množství mléka dochází při přechodu z první laktace na laktaci druhou. Tento nárůst tvoří asi 15 % z celkového nádoje na normovanou laktaci. Další nárůst je pak při přechodu z druhé laktace na 3, zde je pozorován nárůst 11 %. Při přechodu mezi dalšími laktacemi je nárůst v průměru kolem 4 % až do deváté laktace, kdy začíná docházet k poklesu o 3 %. V těchto výsledcích musíme zohlednit postupné zužování testované základny, a to z důvodu brakace. Tyto důvody jsou nejčastěji reprodukční problémy, nemoci či záněty mléčné žlázy (Fantová et al. 2010). Obsah bílkovin pak klesá od první laktace až do šesté laktace a to o 0,15 %. Dále pak klesá i obsah tuku a to z 4,14 % až do 3,49 %. Naopak obsah laktózy se zvyšuje o 0,13 % (Večeřová 1994).

3.6.1.3 Živá hmotnost

Kozy při využívání v intenzivním chovu na produkci mléka by měli mít od 30 do 80 kg. Platí že zvířata s vyšší tělesnou hmotností a větším tělesným rámcem dosahují vyšší užítkovosti. Je pozorována pozitivní korelace mezi živou hmotností a mléčnou produkcí. Důležitým aspektem je také procento protučnění zvířat při začátku další laktace. Je důležitý určitý stupeň protučnění z důvodu mobilizace zásob, pro produkci. Je však důležité nemít až moc tučná zvířata z důvodu vzniku ketóz (Mareš 2016).

3.6.1.4 Četnost vrhu

Dojivost koz je ovlivněna i množstvím mláďat. U koz sledovaných v 1. až 5. týdnu laktace byla vyšší mléčná užítkovost u koz s dvěma kůzlaty než s jedním kůzlem. V pozdější fázi laktace (6.-30. týden) byla naopak dojivost podobná. Lze tedy usuzovat, že fyziologické rozdíly ve vývoji mléčné žlázy mají větší vliv, než počet mláďat. Dále pak kozy s dvojčaty či trojčaty vykazovaly o 32 kg vyšší užítkovost než kozy s jedním mládětem (Goetsch et al. 2011).

3.6.2 Laktační křivka

Laktační křivka je definována jako graf dojivosti v závislosti na době od porodu. Cílem modelování laktační křivky je předpověď produkce mléka nejlépe na každý den produkčního života s co největší přesností, a to abychom mohli lépe sledovat vlivy působící na užítkovost. Mléčná produkce u koz nejčastěji dosahuje vrcholu ve 4. či 8. týdnu od porodu a následně klesá. Pro sestavení a vysvětlení laktační křivky lze využít více modelů. Lze použít data o užítkovosti z jednoho dne nebo pak z několika testovacích dnů.

Je to důležitá znalost pro předpověď celkové mléčné užitkovosti (Waheed et al. 2013). Tvar laktační křivky je u jednotlivých zvířat rozdílný. Tvar laktační křivky je závislý na genetice zvířete, výživě, zdraví a v neposlední řadě věku. Některé kozy vykazují vysokou užitkovost již na počátku laktace, která pak rychle klesá, což způsobí strmou laktační křivku. Další varianta je plochá laktační křivka, kdy zvíře vykazuje průměrnou užitkovost po celou dobu. Mezi těmito typy existují různorodé varianty kombinující oba typy. Momentálně je snaha vyšlechtit jedince s dlouhodobou vysokou denní užitkovostí a vysokou perzistencí. Tato vlastnost definována jako vyrovnanost laktace je vyjadřována v procentech vztažené k produkci mléka během prvních 100 dnů laktace (Křížek et al. 1992).

3.7 Genetické parametry

3.8 Variance

Variance se používá jako jedno z nejběžnějších měřítek variability (Jakubec et al. 2010). Používání průměrné odchylky od průměru není moc vhodné. S velkou pravděpodobností totiž nastane vyrušení kladných a záporných odchylek a výsledná hodnota bude rovna nule. Tomuto jevu lze předejít umocněním všech odchylek, tímto vytvoříme ze všech odchylek odchylky kladné. Pokud vytvoříme průměrnou hodnotu z takto upravených odchylek dostaneme již použitelné měřítko variance. Tato variance se označuje x a kolísá od našeho průměru (Barlow 1999). Pomocí variance jsme schopni určit relativní vliv genetických či enviromentálních variací v předpovědi fenotypu (Browne et al. 2001). Variance průměru nám modeluje tvar křivky distribuce hodnot. Tato hodnota je pak označována V , s^2 či σ^2 se pak nazývá variance, rozptyl nebo proměnlivost (Tamarin 2001). Varianci dělíme na celkovou varianci fenotypovou, která se pak skládá z dílčích variací, a to genetické či enviromentální. Genetická variance se pak dále skládá z variance epistáze, dominance a aditivity. Enviromentální pak ještě můžeme rozložit na varianci systematických či trvalých efektů anebo nesystematických dočasných efektů (Jakubec et al. 2010).

3.9 Heritabilita

3.9.1 Heritabilita v širším slova smyslu

Koeficient dědivosti udává, jaká část z celkové fenotypové variance je dána genetickou variancí v námi dané populaci. Této definici se také říká koeficient heritability v širším slova smyslu. Označuje se h^2 . Pomocí Fischerových komponentů variance lze zapsat takto:

$$h^2 = V_g/V_T \text{ nebo také v podrobnějším zápisu } h^2 = V_g/(V_g+V_e).$$

Kde:

- V_g označuje varianci způsobenou genetikou
- V_T označuje celkovou varianci znaku či také celkovou fenotypovou varianci
- V_e označuje varianci způsobenou vlivy prostředí

Exponent v označení má připomenout, že je tato statistická veličina vypočítána pomocí variance, u které je známo, že její jednotky jsou na druhou. Ze vzorce lze vyčíst že tento koeficient může nabývat hodnot pouze od 0 do 1. V tomto případě, kdy se koeficient heritability přibližuje 0 můžeme říct, že celková variance je pouze z minimální části ovlivněna genetickými rozdíly mezi jedinci. Pokud se naopak koeficient přibližuje hodnotě jedna je většina variability dána genetickými rozdíly. Heritabilita je relativní vyjádření vlivu genetických a environmentálních vlivů na pozorovanou variabilitu populace. Vypočtený koeficient je však platný pouze pro konkrétní populaci, ve které je počítán. V různých populacích se tak koeficient heritability může lišit i pokud sledujeme stejnou vlastnost či znak. Proto nelze pokládat koeficient heritability z jedné populace za platný v jiné populaci. Variance genetická, která koeficient heritability ovlivňuje zahrnuje veškeré faktory, které způsobují rozdílnost genotypů. Mezi tyto faktory můžeme zařadit účinky alel, interakce mezi alelami jako jsou dominance či epistáze mezi různými geny (Snustad et al. 2017).

3.9.2 Heritabilita v užším slova smyslu

Při odhadu kvantitativních znaků záleží na velikosti působení jednotlivých alel. Genetická variabilita způsobená epistází a dominancí má malý vliv na předpověď. Pro co nejpřesnější předpověď proto lze použít aditivitu jednotlivých alel. U kvantitativních znaků proto rozlišujeme varianci způsobenou dominancí a aditivitou.

Komponenty celkové genetické variance proto označujeme takto:

V_d označení pro varianci způsobenou dominancí,

V_a označení pro varianci způsobenou aditivitou,

V_i označení pro varianci způsobenou epistází.

Pomocí těchto 3 komponent pak můžeme definovat celkovou fenotypovou varianci jako:

$$V_T = V_d + V_a + V_i + V_e$$

Z těchto 4 komponent celkové fenotypové variability je pro předpověď fenotypu potomků z fenotypu rodičů vhodná pouze variance způsobená aditivitou. Podíl této variance na celkové varianci se pak nazývá heritabilita v užším slova smyslu označující se h^2 . Tento případ pak lze vyjádřit vztahem:

$$h^2 = V_a / V_T.$$

Znovu heritabilita v užším slova smyslu leží v intervalu od 0 do 1. Čím více je hodnota přiblížena k 1 tím se aditivní variance více podílí na celkové fenotypové varianci. A naopak čím více se hodnota tohoto koeficientu přibližuje k 0, tím více se na fenotypové varianci podílí variance prostředí (Snustad et al. 2017).

3.10 Korelace

Jde o zjišťování vazby mezi dvěma veličinami (Litavcová et al. 2012). Pomocí korelace jsme schopni určit, jak spolu dvě proměnné souvisí. Pomocí koeficientu korelace, který se pohybuje v intervalu od -1 do 1 můžeme vyjádřit vztah mezi dvěma proměnnými (Tamarin 2001). Koeficient korelace se označuje ρ . Je definován pomocí vztahu:

$$\rho = \frac{\text{cov}(x, y)}{\sigma_x \sigma_y}$$

$\text{cov}(x, y)$ je označována kovariance mezi x a y ,

σ je označována směrodatná odchylka x a y (Barlow 1999).

Máme více typů korelací podle toho, na jaké úrovni vztah sledujeme. Můžeme rozlišit genetickou korelaci, u které sledujeme vztah a aditivitu u konkrétních genů. V tomto případě můžeme pozorovat působení genů na vlastnost stejným směrem v tom případě je korelace kladná, nebo antagonistickou u které je korelace záporná. Genetická korelace může být způsobena pleiotropním vlivem genů, kdy jeden gen současně ovlivňuje projev dvou či více znaků. Dále můžeme pozorovat vazbu genů, kdy jsou geny na chromozomu blízko u sebe a jsou ve vazbové skupině. U vazby genů se uplatňuje přímá úměra, kdy s růstem síly vazby roste i koeficient korelace. Dále pak máme korelaci fenotypovou, kterou sledujeme vztah mezi dvěma znaky či vlastnostmi. V poslední řadě můžeme sledovat korelaci enviromentální, kterou sledujeme vztah mezi prostředím a sledovaným znakem (Falconer 1995).

3.11 Plemenná hodnota

Jedná se o základní genetický parametr jedince. Jakubec et al. (2010) jí definuje jako dvojnásobek průměrné odchylky vlastnosti jedince od průměru populace jeho potomstva při náhodném připařování. Do plemenitby vybíráme jedince s dobrým genetickým založením. Tak můžeme docílit kvalitních potomků a dobré úrovně užitkových vlastností. Genetické založení jedince vyjadřujeme pomocí plemenné hodnoty. Přesněji ho vyjadřujeme obecnou plemennou hodnotou. Dále pak máme plemennou hodnotu speciální, kterou získáme ze stanovení genetického základu jedince při konkrétním páření jednoho jedince s druhým. Ve speciálních případech můžeme plemennou hodnotu pro konkrétního jedince zjistit přímo pouze u vlastnosti s koeficientem dědivosti jedna nebo pro vlastnost, kdy plemennou hodnotu

získáme díky hodnotám získaných od nekonečného počtu potomků našeho jedince. Běžně plemennou hodnotu zjišťujeme pomocí hodnot závislých na plemenné hodnotě. Hodnoty, které jsou ve vztahu s plemennou hodnotou jsou údaje o fenotypu získaných z údajů o vlastní užitkovosti, užitkovosti příbuzných nebo skupin příbuzných jedinců. Skupiny mohou být tvořeny potomky, sourozenci, polosourozenci, rodiči, prarodiči nejlépe však jejich kombinací. Plemenná hodnota se odhaduje pro konkrétní populaci v konkrétním čase tudíž platí pouze pro ni a v další populaci je potřeba nový odhad (Zahrádková et al. 2009). Plemenná hodnota slouží jako objektivní parametr pro selekci. Selekcí jako takovou provádíme na základě dědičného založení. Toto založení je vyjádřeno plemennou hodnotou. Plemenná hodnota je vyjádření aditivního působení genů. Přímé zjištění PH není možné, a to z důvodu, že na projevu znaku se dále podílejí kromě aditivity i interakce, dominance a v neposlední řadě prostředí. Toto můžeme vyjádřit vztahem:

$$P=D+A+I+E$$

P je označení pro fenotyp,

D je označení pro dominanci,

A je označení pro aditivitu,

I je označení pro interakci,

E je označení pro prostředí. (Jakubec et al. 1999)

3.11.1 Odhad plemenné hodnoty

Plemenné hodnoty jsou odhadovány na základě fenotypových hodnot. Na populaci zvířat působí efekty prostředí, které můžeme rozdělit na systematické a nesystematické. Nesystematické efekty jsou nezjistitelné, nekvantifikovatelné a většinou ve velkém počtu zastoupené efekty, které působí na jedince neznámým způsobem a neznámou silou. Dále pak jsou přítomny systematické efekty, které působí na větší skupinu zvířat (stádo, rodina, linie) ve stejném směru a stejné intenzitě (Jakubec et al. 1999).

3.11.2 Prostřed'ové efekty

3.11.2.1 Náhodné efekty prostředí

Pokud hodnotíme zvířata chovaná na jednom místě, a tudíž ve stejných podmínkách prostředí pak tyto efekty působí na fenotypový projev. Na jedince vždy působí velký počet malých a nezjistitelných efektů, tato skutečnost způsobuje neovladatelné proměnlivosti v užitkových znacích (Jakubec et al. 2010). Tyto efekty se označují jako náhodné a nesystematické efekty prostředí. Tyto efekty působí na jedince neznámou měrou a v neznámém směru, velmi často působí krátkodobě, a proto je nemůžeme pozorovat ani hodnotit (Jakubec et al. 1999). Hodnotu sledované vlastnosti nejsme schopni od těchto vlivů očistit. Každá vlastnost je ovlivněna velkým množstvím těchto náhodných efektů, a to jak v pozitivním nebo negativním směru. Mezi tyto efekty můžeme zařadit, říjí, nemoc, kvalitu výživy, špatnou techniku krmení nebo technologii chovu (Jakubec et al. 2003).

3.11.2.2 Systematické efekty prostředí

Efekty prostředí tvoří důležitou část kovariance mezi jedinci například uvnitř rodiny chované na stejném místě, zde se uplatňují místní efekty prostředí anebo pak mezi záznamy jedinců, zde se pak uplatňují trvalé efekty (Mrode et al. 2005). Systematické efekty působí na celou skupinu jedinců bez ohledu na příbuznost (Jakubec et al. 2010.) Velmi často jsou systematické efekty současně efekty prostředí. Pokud použijeme lineární modely s fixními efekty, označujeme systematické efekty jako efekty fixní. Následně pak jsme schopni tyto fixní efekty eliminovat (Jakubec et al. 2003). Tyto efekty můžeme rozdělit na efekty vnější a vnitřní (Jakubec et al. 1999). Pomocí korekčních činitelů můžeme očistit data pro dohad genetických parametrů (Jakubec et al. 2010).

3.11.2.2.1 Fixní vnitřní prostředkové efekty

Mezi vnitřní efekty prostředí řadíme věk zvířete, věk matky, pořadí laktace, pohlaví a další (Jakubec et al. 2003). I přesto že pohlaví je determinováno geneticky a u savců není ovlivněno prostředím řadíme ho do těchto efektů také, a to z důvodu, protože geny zodpovědné za pohlaví jsou umístěny na gonozomech a nepůsobí přímo na užitkovost (Jakubec et al. 2010).

3.11.2.2.2 Fixní vnější prostředkové efekty

Mezi vnější efekty patří místo, a to jak oblast, země, podnik, hala či stáj. Dále pak rok, roční období, ošetřovatelé a výživa. Jako jeden z hlavních efektů je považován čas, který sice působí nepřímo ale skrze faktory, které čas ovlivňuje jako je kvalita a složení krmiva (Jakubec et al. 2003). Rozdíly způsobené časem se odhadují grupováním dat podle roků nebo období v roce. Dále je potřeba brát v úvahu věk jedince, a to zejména pokud sledujeme vlastnost opakovaně. Věk je potřeba sledovat zejména u mladých nebo rostoucích zvířat. (Jakubec et al. 1999). Nelze chovat všechna zvířata, pro které odhadujeme plemennou hodnotu, na jednom místě. Z tohoto důvodu se sledují rozdíly mezi oblastmi, zemědělstvími a stájemi (Jakubec et al. 2010). Je důležité říct, že i přes standardizaci efektů prostředí nám na produkční vlastnosti působí vnější systematické efekty (Jakubec et al. 1999).

3.11.3 Metody odhadu

3.11.3.1 Genomická plemenná hodnota

Genomická selekce se stala velice rozšířenou hlavně v chovech dojného a masného skotu. Stalo se tak díky komunikaci mezi zeměmi a výměnou genotypů, dále pak velkou referenční populací, která se skládá z tisíce býků s vysoce spolehlivou plemennou hodnotou. Takto lze odhadnout genomické plemenné hodnoty u mladých zvířat, od kterých ještě nemáme data s přijatelnou přesností. U dojených plemen koz nejsou tyto technologie tak rozvinuté jako u skotu. Rutinní odhad plemenných hodnot se provádí pouze v několika zemích. Mezi tyto země se řadí Kanada, USA, Norsko a Francie (Montaldo et al. 2002). Po zavedení čipu Illumina Caprine 50 K BeadChip (Tosser-Klopp et al. 2012), se odhad genomické hodnoty koz stal dostupnější.

Nyní se genomická selekce běžně používá pouze ve Francii (Carillier et al. 2013). Bylo takto o genotypováno 2 810 sánnských a alpských koz. Ve Velké Británii je počet genotypovaných zvířat malý. Tato skutečnost způsobuje komplikace odhadu genomických plemenných hodnot. Metody používající pouze fenotypové hodnoty genotypovaných zvířat, jako jsou genomický BLUP nebo BLUB-SNP, a nepoužívají hodnoty negenotypovaných zvířat mají omezenou přesnost, hlavním důvodem je malá referenční populace. Z těchto důvodů byl navržen postup, který spojuje všechny dostupné fenotypové, genomické a rodokmenové údaje (Legarra et al. 2009; Misztal et al. 2009; Christensen et al. 2010). Tento alternativní postup je výpočetně náročný, při velkých počtech dat. U mléčných koz však nemáme k dispozici tolik genotypovaných zvířat jako je tomu u skotu, proto můžeme tento postup aplikovat. Postup umožňuje hodnotit zvířata jak ogenotypovaná, tak bez znalosti genotypu.

3.11.3.2 Statistické modely

Pomocí statistických postupů je snaha zjednodušit řešení, které povede k co nejpřesnějšímu odhadu. Na fenotypu se kromě genetiky dále podílí i vlivy prostředí, z těchto důvodů se data od efektů prostředí očišťují, a to právě díky statistickým modelům. Abychom mohli použít tyto modely, je potřeba mít data od příbuzných jedinců chovaných v různých stádech dohromady s dalšími nepříbuznými jedinci nebo s jinak starými jedinci. Bez splnění těchto podmínek nejsme schopni rozpoznat působení prostředí a genetického založení (Janssens et al. 2004). Pro rozdělení proměnlivosti na její složky lze využít ANOVA neboli analýza rozptylu. V ní je zahrnut statistický model, který může být využit pro vyjádření tří hlavních složek, a to náhodných efektů, fixních efektů a testování variance (Jakubec et al. 1999).

Vyhodnocení souboru dat a odhad plemenné hodnoty se nejčastěji provádí použitím lineárních modelů se smíšenými efekty (Příbyl et al. 2002). Modelová rovnice k tomuto lineárnímu modelu lze zapsat takto:

$$Y = Xb + Zu + e$$

Y je vektor užitekostí,

X, Z jsou matice fixních a náhodných efektů,

b je odhadovaný vektor fixních efektů,

u je odhadovaný vektor náhodných efektů

e je vektor nekontrolovatelné chyby našeho souboru dat.

Matice a vektory je možné rozdělit na jednotlivé části pro více efektů a dalších simultánně hodnocených vlastností (Příbyl et al. 2002). Velmi často používanou metodou odhadu složek variance je Residual či Restricted Maximum Likelihood označovanou jako REML, lze přeložit jako restringovaná maximální věrohodnost. Dochází k setřídění dat a vyloučení fixních efektů a rozptyl se odhaduje ze zbývajících hodnot (Janssens et al. 2004).

Metoda je použitelná u vlastností vykazujících Gaussovo normální rozdělení četností (Jakubec et al. 1999).

3.11.3.3 Blup

Pokud použijeme metodu BLUP u rozdílných vlastností, dědivostí a důležitostí ekonomických ukazatelů, máme velké množství možností pro maximální využití ekonomické hodnoty a genetického zlepšování (Xie a kol. 1997). Při odhadu plemenných hodnot je obtížné vzít v úvahu veškeré vlivy prostředí. Pro tyto odhady jsou z tohoto důvodu vytvářeny specifické matematické metody. Metody odhadu plemenných hodnot se velice rychle vyvíjejí, a to ve vztahu s vývojem počítačové technologie. V dnešní době se hojně využívá metoda BLUP a její varianta animal model či individuální model jedince. Pomocí těchto postupů jsme schopni řešit velké množství soustav rovnic důležitých pro odhad plemenné hodnoty. Soustavy rovnic nám slouží k zohlednění prostředí chovu a zároveň i příbuznosti mezi jedinci. Díky těmto postupům lze odhadnout plemennou hodnotu velkého množství zvířat, a to bez ohledu na stáří s využitím pouze vlastní užitkovosti, užitkovosti příbuzných zvířat nebo u mladých zvířat pouze s využitím příbuzenských vztahů. Tyto metodické postupy velkou měrou zpřesňují odhad, díky čemuž jsme schopni velice efektivně upravit postupy ve šlechtění. V dnešní době už zvířata, která nemají plemennou hodnotu stanovenou tímto způsobem jsou neprodejná (Příbyl 1997). Animal model není jediná varianta výpočty, používají se i různé varianty jako single trait model, multi trait model nebo repeatability model. Tyto postupy nám umožní zároveň odhadnout plemenné hodnoty všech jedinců v populaci, a to jak rodičů, sourozenců, polosourozenců, potomků či budoucích potomků (Říha et al. 2004).

U jednotlivých druhů fungují mezinárodní organizace, které si kladou za cíl sjednotit metody používané při kontrole užitkovosti, a i odhadu plemenných hodnot pro všechny členské státy a to tak, aby bylo odhady použitelné k porovnání mezi nimi. V chovu koz se uplatňuje organizace ICAR (Bucek et al. 2020). Pro sestavení modelové rovnice označíme vliv prostředí F a genetické založení jedince a , a tak rovnici sestavíme do této podoby:

$$y = F + a + e$$

Kde:

y je užitkovost jedince z kontroly užitkovosti,
 a jsou odhadované neznáme efekty a plemenné hodnoty,
 e jsou pak nekorigovatelné jevy prostředí.

Z modelové rovnice lze vyčíst, že užitková vlastnost je součtem působení efektu chovatele, plemenných hodnot a nekorigovatelných vlivů prostředí. Díky této modelové rovnici jsou pomocí výpočetní techniky sestaveny soustavy rovnic, které se následně vypočítávají pro odhad plemenných hodnot. V rovnicích odhadujeme neznáme členy pro plemenné hodnoty a úroveň efektů prostředí v chovu, kam můžeme zařadit stádo, období, rok. Tímto způsobem tak můžeme odhadnout jak plemenné hodnoty, tak i rozdíly mezi jednotlivými stády, obdobími a dalšími efekty použitých do soustavy rovnic. Modelová rovnice, a i soustavy rovnic z ní vycházející se mění v závislosti na zohledňovaných efektech. Zahrnutí efektů se liší podle technologie chovu a chovatelských podmínek dané země, dále pak záleží na druhu zvířete a plemeni. Proto má výpočet pomocí BLUP v každé zemi jinou podobu (Příbyl 1997).

Dle SCHOK 2021 se v České republice pro odhad plemenných hodnot mléčné užitkovosti kozy bílé krátkosrsté používají systematické efekty jako věk jedince, trvalé prostředí jedince, den kontroly v rámci stáda a pořadí laktace. Dále se pak jednotlivé plemenné hodnoty pro plodnost a mléčnou užitkovost kombinují do celkové plemenné hodnoty (SCHOK 2021). Nevýhodou sestavení selekčních indexů je to, že nemůžeme provést předpověď plemenných hodnot nevychýleně, a to z důvodu nevyrovnaných počtů dat o užitkovosti v daných podskupinách jako třeba stádech, kontrolních dnech, nebo ročních obdobích. Při stanovení užitkovostí pomocí průměru z podskupin existuje možnost, že vlivem nízkého počtu zvířat v těchto podskupinách, provedeme eliminaci genetických rozdílů mezi jednotlivými genotypy. Při použití metody BLUP můžeme eliminovat tyto nevýhody. Díky BLUP se předpovídají náhodné efekty spolu s fixními v jednom kroku, pomocí lineárních modelů se smíšenými efekty. Jak BLP, tak BLUP jsou statistické metody, které je ještě potřeba dále rozvíjet. Velké množství problémů v aplikaci teorií kvantitativní genetiky na populace laboratorních a hospodářských zvířat, jsou problémy statistických modelů. Programy šlechtění jsou stavěny na znalostech genetické struktury. Výzkum těchto struktur je závislý na předpovědi variance a kovariance, které jsou založeny genetickými i enviromentálními vlivy (Jakubec et al. 1999).

3.11.3.4 Náhodné regresní modely

Náhodné regresní modely se osvědčily jako vhodné pro odhad genetických parametrů u dojných koz (Zumbach et al. 2008; Menéndez-Buxadera et al. 2010). Použití náhodného regresního modelu umožňuje lepší studium vztahů mezi zkoumanými znaky ve srovnání s jednobodovým odhadem dědivosti z modelů laktační výtěžnosti. Modely náhodného regresního testovacího dne jsou flexibilnější ve srovnání s modely testovacího dne s pevnou laktační křivkou, protože se zdá, že lépe zohledňují tvar laktačních křivek, což umožňuje každému zvířeti mít jiný průběh laktace (Jamrozik et al. 1997). Jedním z problémů při odhadu genetických parametrů u dojných koz je dostupnost dostatečně kvalitních dat. Mnoho studií uvedených v literatuře bylo založeno na relativně malých souborech dat, což mohlo ovlivnit přesnost odhadů parametrů. Navíc předchozí analýzy byly většinou omezeny na 305 DIM, což je založeno na hodnocení mléčného skotu. V případě koz se často vyskytují laktace přesahující 400 dní. Ve Velké Británii však nebyla provedena žádná předchozí studie o odhadu genetických parametrů pro produkci koziho mléka (Mucha et al. 2014).

3.11.3.5 Na základě jedné vlastnosti a jedné informace (single trait model)

Jedná se o jednoduchý model odhadu plemenné hodnoty. Ve šlechtění zvířat se tento postup používá už jen velmi ojediněle. Momentálně už je lepší používat odhad na základě vlastní užitkovosti, užitkovosti příbuzných, skupin příbuzných jedinců, sourozenců či polosourozenců (Jakubec et al 2010).

3.11.3.5.1 Přesnost a spolehlivost odhadu

Koeficient přesnosti odhadu se značí r . Vyjadřuje korelaci mezi plemennou hodnotou a fenotypem odhadnutého přímo či nepřímo. Druhá mocnina přesnosti je pak označován jako spolehlivost. Obě hodnoty náleží do intervalu od 0 do 1, což můžeme interpretovat jako interval od 0 % do 100 %. Obě tyto hodnoty jsou důležitým hodnocením odhadu genetického zisku (Jakubec et al. 2010). Koeficient regrese závisí na spolehlivosti odhadu a příbuznosti jedince, od kterého máme údaj k našemu hodnocenému jedinci. Lze zapsat jako:

$$b = \frac{r^2}{a}$$

V rovnici je pak r^2 spolehlivost odhadu, a je aditivní příbuznost zdroje informace k hodnocenému jedinci. Při odhadu pomocí vlastní užitkovosti je a rovno 1, při použití údajů od rodičů či potomků je pak a rovno 0,5 (Bouška 2006). Výše přesnosti i spolehlivosti závisí na počtu měření, jinak řečeno množství údajů a reprezentativní referenční skupiny s genetickým propojením. Důležitější jsou některé zdroje informací, zejména vlastní užitkovost, genomické údaje, užitkovost potomků a příbuzných jedinců. Dále závisí na počtu vrstevníků, se kterými můžeme hodnocení našeho zvířete porovnat (Bauer et al. 2015).

Mrode et al. (2005) popisují, že přesnost odhadu můžeme vyjádřit pomocí intervalu spolehlivosti při čemž \pm dvě střední chyby náleží intervalu spolehlivosti 95 %. Střední chybu odhadu definujeme jako:

$$sePH = \sigma_A \cdot \sqrt{(1 - r^2)}$$

$sePH$ je střední chyba odhadu plemenné hodnoty,

σ_A je pak genetická směrodatná odchylka.

Rozptyl mezi jednotlivými plemennými hodnotami souvisí se spolehlivostí, a to pomocí vztahu:

$$r^2 = \frac{\sigma^2_{PH}}{\sigma^2_A}$$

σ^2_{PH} je rozptyl plemenných hodnot,

σ^2_A je rozptyl aditivní složky.

V plemenné hodnotě je pak zohledněna tím, že čím je nižší spolehlivost tím plemenná hodnota více odpovídá genetickému průměru referenční populace, z čehož vyplývá že jsou blízké nule (Bauer et al. 2015).

3.12 Selektce

3.12.1 Selekcční program

Pro zlepšování genetických vlastností zvířat na žádoucí úroveň užitkovosti a tím i dosažení optimálních ekonomických výsledků v chovu je potřeba použít postupy šlechtění (Fantová et al. 2012). Zlepšování genetické struktury populace lze dosáhnout výběrem jedinců s nejlepší užitkovostí z populace a jejich použitím jako rodičů následné generace. Výběr jedinců se pak řídí selekcčním programem. Selekcční program je soubor postupů a pravidel, kterým se chovatel řídí při sestavení připařovacích plánů (Van Arendonk et al. 2007).

Během tvorby selekčních programů je nejprve potřeba zvolit výrobní zaměření s přihlédnutím na přírodní a ekonomické podmínky. Po rozboru těchto podmínek zvolíme vhodný produkční systém a plemeno či genotyp, který za našich podmínek jsme schopni nejlépe využít (Příbyl et al. 1996). Po zvolení těchto skutečností dochází k nastavení selekčních cílů (Barwick et al. 1993). Jestli je již podobný selekční program používán je následně porovnán genetický zisk a koeficient inbreedingu. Pokud jsou zjištěny rozdíly, jejich důvod může být nevhodně zvolený model odhadu plemenné hodnoty, nesprávný odhad genetických parametrů vychýleného odhadu plemenné hodnoty, špatné vyhodnocení hodnot genetického zisku či koeficientu příbuznosti (Van Arendonk et al. 2007). Vytvoření dalších variant selekčních programů či adaptace jednotlivých kroků se opírá o rozbor aktuální situace a předpověď vývoje. Prognóza budoucích podmínek je realizována pomocí předpovědi ekonomiky šlechtění, na které se podílejí politické či ekonomické změny, které ovlivní náklady šlechtění. Dále pak je důležité sledovat vývoj a pokrok v oblasti výpočetní techniky a biotechnologií. Jako jsou inseminace, superovulace, embryotransfer, klonování či reprodukční schopnosti druhu (Barwick et al. 1993). Tyto vlivy pak mají vliv na počet jedinců a na kritéria výběru konkrétních jedinců použitých do modelů odhadu plemenné hodnoty. Optimální selekční program zahrnuje i velikost chovů, jejich vzdálenost a to protože, větší chovy mají lepší podmínky a více prostředků pro testování, menší vzdálenost mezi chovy umožňuje jednodušší transport nejlepších samců anebo využití čerstvé inseminační dávky místo mražené. Dále pak je důležité vzít v potaz i systém identifikace a zpracování dat o užitkovosti a rodokmenu. Nezáleží pouze na počtu dat, ale i na jejich přesnosti a nezávislosti (Van Arendonk et al. 2007). Důležitým krokem je testace jednotlivých variant. Tímto získáme údaje o vhodnosti konkrétních variant selekčního programu a jestli je možné dosáhnout cílů šlechtění tímto konkrétním selekčním postupem a je možné tento postup uvést v praxi (Barwick et al. 1993).

Selekční program se hodnotí pomocí tří kritérií, a to odpověď na selekci, genetická diverzita hodnocená koeficientem příbuznosti a finančními náklady. Je zřejmé, že tyto ukazatele jsou uváděny v různých jednotkách a není snadné je spojit do jedné hodnoty. Pro udržení genetické diverzity může být stanovena maximální hodnota koeficientu inbreedingu, poté lze hodnotit jednotlivé selekční postupy pouze na základě genetického zisku při shodném koeficientu příbuznosti (Van Arendonk et al. 2007). Po vyhodnocení je sestaven žebříček podle dosažení selekčních cílů v každém z nich. Žebříček slouží jako podklad pro výběr nevhodnějších kroků včetně návrhu na uvedení do praxe (Barwick et al. 1993). Seleční program má přinést genetické zlepšení, a proto je potřeba realizovat systém pro zjišťování a sběr hodnot dále pak metody odhadu plemenné hodnoty a následná výběr nejlepších jedinců a jejich použití do plemenitby z důvodu genetického zlepšování populace (Van Arendonk et al. 2007). Celý tento proces vytvoření selekčního postupu je závislý na zpětné vazbě. Důležitá je pravidelná kontrola všech kroků tvorby, a to i kontrola dokumentace, souboru dat, a také kontroly příprav a aplikování programu jednotlivými chovateli. Nejlépe se jeví kontrola celého programu jednou ročně. Dobu mezi kontrolami je možné prodloužit na základě časové náročnosti nebo minimálních změn podmínek. Sběr a vyhodnocování dat je důležité provádět neustále (Barwick et al. 1993).

3.12.2 Genetický zisk

Základní ukazatel selekčního programu je výpočet očekávaného genetického zisku (Van Arendonk et al. 2007). Selekční pokrok jinak označen jako genetický zisk (ΔG) je definován jako diference mezi průměrem znaku potomků (μ_1) a průměrem rodičovské populace (μ_0). Pomocí vzorce lze genetický zisk vyjádřit jako:

$$\Delta G = \mu_1 - \mu_0$$

Výše genetického zisku za jednotku času, nejčastěji za rok označeno jako ΔGt je úměrná přesnosti plemenné hodnoty r , intenzitě selekce označované i a genetické odchylce aditivní σ_A a nepřímo úměrné s generačním intervalem L (Jakubec et al. 2010):

$$\Delta Gt = \frac{i\sigma_A r_{AI}}{L}$$

Pro intenzitu selekce je pak definován vzorec jako:

$$i = z/p$$

kde,

z je ordináta výběrové hranice,

p je remontní podíl.

Při tvorbě selekčních programů je nezbytné zohlednit vztah intenzity selekce a velikosti populace a úrovně reprodukce. S nižším počtem jedinců v základní populaci klesá intenzita selekce, a i genetický zisk oproti tomu zvýšením počtu jedinců v populaci je možné intenzitu selekce zvýšit. U zvířat s vyšší úrovní reprodukce můžeme intenzitu zvýšit snížením remontního podílu, který může kolísat podle velikosti populace a koeficientem inbreedingu (Jakubec et al. 2010). Aditivní genetické rozdíly mezi rodiči jsou vyjádřené směrodatnou odchylkou σ_A . Tyto rozdíly jsou důležité pro vznik genetického zisku. Rozptyl způsobený aditivní složkou je mezi konkrétními rodiči menší, než rozptyl v celé populaci, z tohoto důvodu dochází při selekci k poklesu aditivního rozptylu v následné generaci o výši redukčního koeficientu (k). Redukční koeficient je definovaný jako:

$$\sigma_I^{2*} = \sigma_I^2 (1 - k)$$

$$k = i(i - x)$$

Z tohoto vzorce lze vyčíst, že zvýšením intenzity selekce ovlivňuje pokles aditivně genetické variance v následující generaci (Van Arendonk et al. 2007). Generační interval (L) je charakterizován jako průměrný věk rodičů při narození potomků, které následně zařadíme do plemenitby. Je pak počítám zvlášť pro obě pohlaví. Pokud chceme zvýšit genetický zisk na jednotku času, lze toho dosáhnout zkrácením generačního intervalu (Jakubec et al. 2010).

Generační interval se liší druh od druhu, v rámci jednoho druhu největší rozdíl způsobí věk zvířete při zařazení do plemenitby (Van Arendonk et al. 2007). Spolupůsobení intenzity selekce a generačního intervalu, které je viditelné na starších zvířatech, která mají více potomků pro plemenitbu, ale zvyšují generační interval. U hospodářských zvířat jsou do plemenitby zařazovány skupiny zvířat dle pohlaví, z důvodu polygamie či inseminace. Při odhadu plemenné hodnoty se využívá více zdrojů informací.

Odhad genetického zisku je realizován ve dvou oddělených částech podle pohlaví (samice-♀, samec♂):

$$\Delta G_t = \frac{\Delta G_{\sigma} + \Delta G_{\varphi}}{L_{\sigma} + L_{\varphi}}$$

Dále může být realizován ve čtyřech oddělených částech, a to na otce samců, matek samců, matky samic a otce samic, pak rovnice vypadá takto:

$$\Delta G_t = \frac{\Delta G_{\sigma\sigma} + \Delta G_{\sigma\varphi} + \Delta G_{\varphi\sigma} + \Delta G_{\varphi\varphi}}{L_{\sigma\sigma} + L_{\sigma\varphi} + L_{\varphi\sigma} + L_{\varphi\varphi}}$$

(Jakubec et al. 2010; Van Arendonk et al. 2007).

U generací, které se překrývají se může u prvních z nich dojít ke kolísání genetického zisku. V tomto případě se odhad selekčního pokroku realizuje pomocí metody toku genů (Jakubec et al. 2010). Při selekci na konkrétní vlastnost dochází ke změnám i dalších vlastností, a to z důvodu genetické korelace se selektovanou vlastností. Síla nepřímého selekčního pokroku ($\Delta G_{2/1}$) je závislá na poměrech mezi aditivní směrodatnou odchylkou obou korelovaných vlastností $\frac{\sigma_{A2}}{\sigma_{A1}}$ jejich korelaci $r_{A2 \cdot A1}$ a velikosti přímého genetického zisku ΔG_1 (Jakubec et al. 2010):

$$\Delta G_{2/1} = r_{A2 \cdot A1} \frac{\sigma_{A2}}{\sigma_{A1}} \Delta G_1$$

Selekčními pokusy bylo vyzkoušeno, že změna v průměru generací není plynulá, ale vyskytují se zde výkyvy. Kritérium genetického zisku v po sobě jdoucích generacích je sklon regresní přímky, která je proložena průměry generací. Odchytky těchto průměrů jsou zapříčiněny genetickým driftem, a to zejména kvůli malému počtu jedinců v rodičovské populaci, nadále pak výběrovou chybou při předpovědi generačního průměru, rozdíly v selekční diferenci a dalšími efekty prostředí. Při selektování na víc směrů byla zjištěna nerovnoměrnost genetického zisku (Falconer 1995).

3.13 Odhad genetických parametrů ve světě

3.13.1 Francie

Ve Francii se selekce koz od roku 1985 orientuje zejména na zvýšení obsahu bílkovin, to je důležité zejména pro výrobu sýrů. Nízký obsah bílkovin byl limitující u alpských a sánských plemen. Selekční program s použitím záznamů kontroly užitkovosti a IVF (In vitro fertilizace). V současnosti realizovaný genetický zisk pro bílkoviny umožňuje rozšířit selekční cíl na obsah tuku. Znalost genetických parametrů je důležitá pro optimalizaci velikosti vlivů, které působí na mléčnou užitkovost a obsah mléčných složek. Studie byla vydána z důvodu aktualizace odhadu genetických parametrů pro obsah mléčných složek u alpského a sánského plemene koz pomocí animal modelu. První záznamy byli o laktaci alpských a sánských koz okozlených 1. září 1995 a 31. srpna 1997 získané z databáze kontroly užitkovosti v CTIG. Podle současného postupu genetického hodnocení byly výsledky korigovány na délku laktace buď pomocí koeficientu a to 250/60+LL (délka laktace) pro laktaci kratší než 250 dnů, nebo zkrácením na 250. den, když byla laktace delší.

Díky informacím o věku byly vyloučeny záznamy o kozách, které byli starší než 30 měsíců dále pak byli z 15 dcer po jednom otci. Poslední podmínkou bylo zjištění dostatečného genetického spojení mezi různými stády. Pokud lze usuzovat na genetické rozdíly mezi stády, a z důvodu, že variabilita může být dána i vlivy prostředí je doporučeno k vyřazení dat od nepříbuzných jedinců. Rodokmen byl sledován několik generací zpět. Data byla získána od 20 700 sánských koz a 33 431 alpských koz (Bélíchona et al. 1998). Byla provedena bivariační analýza pro všechny kombinace 5 mléčných složek. Byl použit stejný animal model pro všechny složky:

$$y = X\beta + Zu + e$$

Kde y je vektor užitekostí,

β je vektor fixních efektů (stádo, rok, období, věk při porodu, období porodu)

u je náhodný vektor aditivních genetických efektů,

X a Z jsou odpovídající matice pro oba efekty,

e je vektor náhodných efektů.

Očekávané výsledky jsou zjišťovány ze vzorce:

$$E(y) = (I^*X)\beta$$

Kde,

I je matice příbuznosti, předpokládá se, že náhodné efekty jsou nulové.

Kovarianční matice je definována jako:

$$Var(u) = G^*A, Var(e) = R^*I, Var(y) = G^*ZAZ' + R^*I$$

Kde * označuje přímé vztahy, A je matice závislostí a G a R jsou kovarianční matice mezi oběma vlastnostmi, pro aditivní genetické a reziduální proměnlivosti. Předpokládá se že kovariance mezi u a e je nulová. Pro každý rok bylo definováno 7 tříd pro věk při porodu a to 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18 a 19-30 měsíců a 6 skupin pro období porodu. Složky kovariance byly odhadnuty pomocí V.C.E 4.3.5 pomocí více faktorové REML metody. Výběr této metody byl proveden na základě dostupnosti. Výsledky odhadu složek kovariance pomocí bilaterální analýzy nemohlo být hodnoceno, ale byla hodnocena stabilita odhadů vícenásobného rozptylu získaných pro každý znak a také vlastní hodnoty aditivní genetické kovarianční matice, která byla průkazná. Odhady heritability se pohybovaly od 0,32 do 0,4 pro množství mléka a od 0,5 do 0,6 pro obsah složek. Jak pro množství mléka, tak pro obsah složek byly odhady genetické variability vyšší u tuku než bílkovin. Odhad heritability byl podobný prvním odhadům, a to jak u alpských, tak u sánských koz bez ohledu na rozdílnost metod odhadu. U ostatních populací (rozdílné podmínky prostředí a plemeno) byla heritabilita pro užitekostí odhadnuta od 0,2 do 0,6, odhad při testu modelů byl 0,3. Studie byla zaměřena na celkovou genetickou variabilitu na mléčnou užitekostí u koz a zahrnovaly jak polygenní účinek genů, tak i účinky majorgenů. Lze usuzovat na vliv polymorfismu genu pro $as1$ -kasein, který způsobuje rozdíly mezi plemeny. Frekvence alely závisí na plemeni, vyšší frekvence alely je v populaci alpských koz. Vyšší genetická variabilita a vyšší koeficient dědivosti byl u alpských koz a z toho lze usuzovat na vliv polymorfismu tohoto genu (Belichón et al. 1998). Dále byl implementován systém RRM ke studiu první parity u alpských a sánských koz (Arnal et al. 2019). Rozdíl v potenciálu produkce mléka je v po sobě jdoucích laktacích. Z tohoto důvodu je třeba vyvinout RRM pro první 3 po sobě jdoucích laktace, aby bylo možné správně zhodnotit francouzské kozy.

Nevýhodou RRM je velice dlouhá doba pro jeho výpočet. Relativně vysoká genetická korelace mezi druhou a třetí laktací, kterou zmiňuje Zumbach et al. (2008) a Leclerc (2008) u francouzských plemen skotu a koz, značí že tyto 2 laktace lze modelovat společně. Pokud budeme ignorovat nejnižší hodnoty vlastní užitkovosti od každého jedince jsme schopni hodnot matice rozptylu a kovariance snížit. (van der Werf et al. 1998; Druet et al. 2003). Vlastní rozklad a kombinace druhé a třetí laktace ušetří čas výpočtu snížením počtu odhadovaných genetický a trvalých efektů prostředí. Byli odhadovány parametry pro množství mléka, tuku a bílkovin pomocí RRM. Dále pak porovnání odhadu s a bez ignorování hodnot a s a bez kombinování 2. a 3. laktace (Arnal et al. 2020). Data byla získána z 692 743 záznamů z kontroly užitkovosti, a to mezi lety 1995 až 2015. Bylo shromážděno 49 849 alpských koz z francouzského severozápadní oblasti. Rodokmen byl sestaven z 98 075 zvířat. Pokud to bylo možné byly použity data z prvních tří laktací. Každá laktace obsahovala minimálně 4 testovací dny mezi 7 a 270 day in milk. Laktace musela trvat minimálně 180 dní. Kozy byly dojeny dvakrát denně a záznamy byly sečteny, a tím se získala jejich denní produkce. Podmínky pro zařazení jedinců bylo 5 zvířat v laktaci a testovacím dni. Otci museli mít 20 potomků z umělé inseminace. Bylo proto vybráno 486 zvířat. Dále bylo potřeba zjistit matky koz. Pro studium následných laktací musel být k dispozici záznam o první laktaci. Hodnotila se dojivost, tučnost mléka, obsah bílkovin, tuku a podíl bílkovin a tuku (Arnal et al 2020). Náhodný regresní model použitý v první laktaci, popsáný v Arnal et al. (2019), byl rozšířen na první 3 laktace. Tyto 3 laktace byly analyzovány současně v modelu více laktací. Genetické a trvalé environmentální efekty byly modelovány Legendrovým polynomem druhého řádu pro každou laktaci. V druhém kroku byly první dva vektory pro každou laktaci genetické matice variance a kovariance získané Legendrovým polynomem.

Byl použit model, kdy se hodnotila dojivost, tučnost, obsah bílkovin, tuku a poměr mezi nimi. Bylo vytvořeno 7 skupin podle věku pro první laktaci v měsících (9-11, 12,13, 14, 15, 16, 17+), 6 tříd pro druhou laktaci (21-23, 24, 25, 26, 27, 28+) a 6 tříd pro třetí laktaci (31–35, 36, 37, 38, 39, 40+). Dále 7 tříd podle měsíce porodu (leden, únor, březen-duben-květen, červen-červenec-srpen-září, říjen, listopad, prosinec). Další třídy byly vytvořeny podle délky stání na sucho ve dnech (první laktace, 0-50, 50-75, 75-100, 100-125, 125+). Dále byl použit pevný efekt, a to datum kontroly stáda. Další fixní efekt byl věk při porodu, období porodu, délka stání na sucho. Mezi laktacemi bylo nalezeno několik vztahů. Nejvyšší koeficient heritability byl zjištěn u obsahu bílkovin a to 0,6, u obsahu tuku 0,45, a u dojivosti 0,25.

Genetické korelace byly velmi vysoké (hodnoty mezi 0,92 a 1) pro oba modely a všechny vlastnosti, kromě poměru tuku a bílkovin, kde se genetické korelace pohybovaly kolem 0,8 (Arnal et al. 2020).

3.13.2 Německo

Chov dojných koz má v Německu dlouhou tradici. Stavby po druhé světové válce dramaticky poklesly a svého minima dosáhly koncem 70. let, ale počet dojných koz a také poptávka po kozích mléčných výrobcích během předchozího desetiletí výrazně vzrostlo. V Německu je kolem 170 000 kusů koz. Většina z nich jsou mléčné kozy. Zatímco převládají velikosti stád pod 10 zvířat, existují i specializované kozí farmy s velkými stády. Nejběžnějšími plemeny jsou německá plavá a bílá koza, představující asi 90 % populace dojných koz. Kontrola mléčné užitkovosti se však ročně prováděl pouze u asi 5 000 dojných koz (Völl 2001).

Odhad genetických parametrů je nezbytný pro predikci plemenných hodnot, a tím pro efektivní šlechtitelský program. Společnosti pro chov koz v Německu jsou regionální a jsou odpovědné za genetické zlepšování všech plemen koz v příslušných regionech. V současné době má každá z 12 chovatelských společností v Německu svůj vlastní chovatelský program pro všechna plemena v regionu. Ve většině případů jsou šlechtitelské programy založeny na srovnání příbuzných jedinců ve stádě. Kontrola užitkovosti zahrnuje následující komplexy znaků: mléčnou užitkovost (240denní normovaná laktace) a exteriér. V poslední době chovatelské společnosti pracují na společném odhadu plemenné hodnoty. Jako základ pro společný odhad plemenné hodnoty byla vytvořena společná databáze malých přežvýkavců. Pozitivní genetické trendy uváděné pro vlastnosti mléčné užitkovosti u různých plemen dojných koz (Montaldo et al. 2002) povzbuzují současné snahy v Německu.

Odhad plemenné hodnoty pro dojnou kozu v Německu jsou stále založeny na porovnávání stád uvnitř chovatelské společnosti. Genetické parametry mléčné užitkovosti byly odhadovány na základě kontrolního dne. Genetické parametry pro znaky mléčné užitkovosti u dojných koz byly odhadnuty pouze pro první laktaci nebo pro různé laktace dohromady, především na základě modelu laktační užitkovosti (Belichón et al. 1998; Bömkesa kol. 2004 a, b; Delgado et al. 2006). Informace o genetických parametrech napříč různými laktacemi dosud nebyly studovány. Modely testovacího dne, pokud jsou správně aplikovány, mohou být účinnější než modely laktační výtěžnosti. Pomocí modelu testovacího dne lze záznamy testovacího dne přímo zahrnout do genetických hodnocení a lépe zohlednit vlivy na životní prostředí. Modely testovacího dne nabízejí možnost zjednodušit schéma záznamu. Na základě genetických parametrů testovacích dnů v různých fázích laktace lze prozkoumat, zda lze odhadnout plemenné hodnoty s minimální ztrátou přesnosti. Bylo analyzováno 35 308, 30 551 a 23 640 záznamů testovacího dne z první, druhé a třetí laktace od 5 079, 4 118 a 3 132 zvířat. Údaje byli získány od roku 1987 až do roku 2003 a to od 6 chovatelů. Předběžná úprava dat zahrnovala porovnání dat chovatelské společnosti s daty sdružení pro evidenci mléka a kontrolu užitkovosti. Přibližně polovina záznamů o testovacím dni obdrženy od oprávněných organizací provádějících kontrolu užitkovosti musela být vyřazena, hlavně kvůli problémům s identifikací (Zumbach et al. 2004). Bylo použito 300 z přibližně 7 000 zvířat z přibližně 500 stád. Více než 95 % zvířat patřilo k plemenům německá plavá (71,3 %) a bílá koza (25,2 %), resp. zbytek byl toggenburg (3,0 %), thüringerwald (0,4 %) a anglonubijská koza (0,1 %). V rodokmenu bylo uvedeno 12 878 zvířat, včetně 5 849 rodičů bez záznamů. U 61 % zvířat se záznamy byli známi oba rodiče, zatímco u 13 % byl znám pouze otec nebo matka.

Model opakovatelnosti s více znaky (1-3 laktace) zahrnoval fixní efekty jako stádo-rok-období, velikost vrhu, období kozlení a day in milk Legendrových polynomů třetího řádu a náhodné efekty jedince a trvalého prostředí. Tříznakový model náhodné regrese zahrnoval náhodnou regresi založenou na Legendrových polynomech druhého řádu pro genetické založení jedince a trvalé prostředí. Odhady koeficientu heritability byly 0,27, 0,2, 0,37 pro první druhou a třetí laktaci. Genetická korelace mezi první a druhou laktací byla 0,69, mezi druhou a třetí 0,79 a mezi první a třetí laktací 0,45. Odhady heritability pomocí náhodného regresního modelu na první a druhé laktaci klesaly od začátku do konce laktace s průměrnými hodnotami 0,28 a 0,27. Odhady na třetí laktaci ukázaly maximum uprostřed laktace a to 0,37. Genetické korelace mezi první a druhou laktací byly 0,64, mezi druhou a třetí laktací 0,72 a mezi první a třetí laktací 0,46. Přes malý soubor dat a omezenou strukturu vztahů byly odhady velice rozumné, s výjimkou třetí laktace u které se hodnoty zdály nadhodnocené (Zumbach et al. 2008). U německých plemen dojných koz Zumbach et al. (2008) uvedli průměrnou genetickou korelaci 0,64 pro mléčnou užitkovost mezi první a druhou laktací, 0,46 mezi první a třetí laktací a 0,75 mezi druhou a třetí laktací. Od první do čtvrté laktace produkovaly kozy v průměru více mléka, ale jejich laktace byly méně vyrovnané toto bylo zjišťováno u plemen alpská a sánská koza (Arnal et al. 2018). Náhodný regresní model odhalil, že genetické parametry nebyly během laktace konstantní. Vyšší heritabilita byla na začátku laktace a měla za následek vyšší genetickou odpověď při selekci pro první část laktace. Relativně vysoké korelace mezi náhodným regresním modelem a víceznakového odhadu plemenné hodnoty naznačovaly, že takovou odezvu lze realizovat. Ukázalo se, že použití náhodného regresního modelu pro genetické hodnocení dojných koz je v současné struktuře chovu proveditelné. Pro efektivní šlechtitelský program jsou nezbytná strukturální zlepšení prostřednictvím koordinovaných akcí regionálních společností pro chov koz. Ty by měly zahrnovat implementaci standardizovaného identifikačního systému, společnou databanku a systematické využívání dostupných dat pro záznam mléka a společnou platformu pro selekci (Zumbach et al. 2007).

3.13.3 USA

Heritabilita a korelace pro množství nadojeného mléka, výtěžnost tuku, bílkovin, kombinovanou výtěžnost tuku a bílkovin, procento tuku a bílkovin, věk při prvním porodu, doba mezi prvním a druhým porodem a délka reprodukčního života měřená v 72 měsících byli sledováni u 33 725 amerických dojených koz a byli odhadnuti pomocí animal modelu. Celkový reprodukční život byl definován jako celkový počet dní zařazených do produkce mléka do 72 měsíců věku. Hlavní kritéria k vyřazení kozy ze stáda byla nízká produkce mléka a celková výtěžnost tuku na laktaci. Odhady koeficientu heritability byly 0,22 pro délku produkčního života, 0,37 pro produkci mléka, 0,37 pro výtěžnost tuku, 0,38 pro výtěžnost bílkovin, 0,39 pro poměr tuku a bílkovin, 0,54 pro obsah tuku, 0,64 pro obsah bílkovin a 0,09 pro interval od porody do porodu. Většina genetických korelací mezi sledovanými hodnotami byla kladná, s výjimkou obsahu tuku, která byla -0,4 a obsahu bílkovin (-0,002). Nejvyšší genetická korelace byla mezi délkou produkčního života a celkovým nadojemem a to 0,39. Fenotypové korelace měly podobný trend (Castañeda-Bustos et al. 2014).

Genetické hodnocení produkce mléka, obsahu tuku a bílkovin se od roku 1983 hodnotí v dolarech. Genetická hodnocení těchto vlastností mléčných koz provádí každý rok USDA pomocí dat dostupných z DHI a americké asociace dojených koz (Wiggans et al. 2001). Pro vývoj selekčních programů je nutné odhadnout genetické parametry (Weppert et al. 2004). Některé z výběrových kritérií u dojných koz jsou výtěžnost mléka, tuku, bílkovin, reprodukční ukazatele (Torres-Vázquez et al. 2009; Montaldo et al. 2010) a dlouhověkost (Pérez-Razo et al. 2004). Dlouhověkost je málo prozkoumaný a pro genetické hodnocení nepoužívaný znak, který má velký ekonomický význam, protože je v něm zohledněno mnoho znaků spojených se zdravím zvířete (Tsuruta et al. 2005). Prodloužení délky života umožňuje snížení počtu vyřazených koz (Sewalem et al. 2007). Umožňuje snížit ekonomické dopady způsobené mastitidou (Rogers et al. 1998; Jensen et al. 1999). Skutečná produkční doba je popsána jako počet dní od prvního porodu do smrti nebo utracení (VanRaden et al. 2006; Sewalem et al. 2007), celkový počet dní v produkci (VanRaden et al. 1993) a schopnost zůstat v konkrétním věku (Jakobsen et al. 2010) nebo při určitém počtu mláďat (Martinez et al. 2004), celkový počet měsíců v produkci do určitého věku (VanRaden et al. 2006) a počet zaznamenaných laktací (Pérez-Cabal et al. 2006). Informace o genetických parametrech dlouhověkosti u koz a jejich vztahu k produkci mléka, reprodukčním nebo konformačním vlastnostem jsou vzácné a jsou omezeny na odhady udržitelnosti v určitém věku nebo počtu kůzlat jako měřítko produkčních let (Pérez-Razo et al., 2004; Vicencio 2009; Valencia-Posadas et al. 2010). Stabilita pouze ukazuje na přítomnost nebo nepřítomnost kozy v určitém věku, proto neposkytuje podrobné kvantitativní informace o době, během níž byla koza produktivní.

Data byla získána od americké asociace dojných koz, zpracované USDA, kde byli informace o množství nadojeného mléka, obsahu tuku a bílkovin u alpské, nubijské, sánské a toggenburské kozy. Výsledky byly korigovány na 305 dní. Dále byli k dispozici záznamy o otci, stádu, datech porodů, a day in milk od 15 do 305 dnů. Pro přesnější odhad parametrů byli použity data pouze od koz, od kterých jsme měli záznamy o po sobě jdoucích laktacích. Maximální počet laktací byl zvolen 10. Zároveň bylo potřeba aby kozy zůstali ve všech laktacích ve stejném stádě. Data s chybami o datu narození, porodu byli odstraněny. Stáda s pozorováními vyšší než 5 a menší než 2 byla vyřazena. Data obsahující pouze informace o výtěžnosti tuku, ale ne o výtěžnosti bílkovin, a naopak byly označeny jako chybějící pozorování. Konečný datový soubor obsahoval informace o výtěžnosti bílkovin, tuku a celkovém nádoji. Byli získány údaje o první laktaci od 33 725 koz narozených od 9 716 otců a 24 474 matek. Jedinci bez informací o plemeni nebo identifikačním kódu byly vyřazeny (Castañeda-Bustos et al. 2014). Rodokmen byl sestaven generačně a překódován pomocí Pedigree Viewer 6.3. (Kinghorn et al. 2009). Konečný datový soubor obsahoval 209 530 jedinců od všech plemen. Pokud se počet záznamů o intervalu mezi porody pohyboval mezi 168 a 885 dnech, a věk při prvním porodu se pohyboval mezi 271 a 1 140 dny byly označeny jako chybějící (Castañeda-Bustos et al. 2014). Produktivní život byl definován jako celkový počet produkčních dní (VanRaden et al. 1993). Pokud koza nezůstala ve stádě nebo nedokončila stanovená období data byla vyřazena (Castañeda-Bustos et al. 2014). Období porodu byla sjednocena do 4 tříd a to leden-únor (10 403 koz), březen (9308 koz), duben (9 569 koz) a květen-prosinec (11 273 koz).

Dále pak bylo sjednoceno období narození také do 4 tříd a to březen (11 272 koz), duben (12 090 koz), květen-červenec (8096 koz), srpen-únor (9308 koz). Pomocí tohoto setřídění do skupin bylo docíleno rovnováhy počtu pozorování v jednotlivých obdobích roku. Dále bylo 20 tříd podle plemene. Znaky byly analyzovány na animal modelu s jedním znakem, aby se odhadly fenotypové, aditivní genetické a reziduální variace pomocí softwaru ASReml 3.0 (Gilmour et al. 2009). Maticový zápis modelu podle Mrode (2005) je:

$$Y = Xb + Zu + e$$

kde y je vektor pozorování studovaných znaků,

X je matice fixních efektů pro plemena,

Z je incidenční matice náhodných efektů a aditivních genetických účinků zvířete, a to stádo – rok-období a efekt stádo otce,

u je vektor náhodných aditivních genetických účinků jedince,

e je vektor náhodně chyby.

Vzhledem k malé velikosti podskupin, mohlo dojít ke ztrátě mnoha informací, a proto by měl být nalezen kompromis mezi zkreslením a snížením předpovědních chyb (Van Bebber et al. 1997). Efekty jako stádo, rok porodu, plemeno a stádo, rok narození, plemeno byla považovány za náhodné (Chauhan 1987). V modelu pro odhad genetických parametrů výše zmíněných znaků byl efekt stádo-rok porodu-plemeno jako náhodný a období porodu-plemeno jako fixní, zatímco stádo-rok narození-plemeno a období narození-plemeno jako náhodný. Variační složky a heritabilita byly získány pomocí jednoznakového animal modelu, zatímco genetické (r_G) a fenotypové (r_p) korelace byly získány pomocí bivariačních analýz. Pro výpočet heritability v rámci stáda byly celkový rozptyl a fenotypový rozptyl odhadnuty následovně:

$$\sigma_t^2 = \sigma_a^2 + \sigma_{sro}^2 + \sigma_{HS}^2 + \sigma_e^2$$

Pro fenotypový rozptyl pak:

$$\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_{HS}^2 + \sigma_e^2$$

Kde σ_t^2 je odhadovaný celkový rozptyl,

σ_a^2 je odhadnutá aditivní genetická variance zvířete,

σ_{sro}^2 je odhadovaný rozptyl stádo-rok-období,

σ_{sr}^2 je odhadovaný rozptyl u otců,

σ_e^2 je odhadovaný rozptyl chyb.

Koeficient heritability byl pak odhadnut takto:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

Odhady heritability byly $0,22 \pm 0,01$ pro produkční věk. Produkce mléka a kompoziční znaky měly odhady dědičnosti 0,37, 0,37, 0,38, 0,39, 0,54 a 0,64 pro celkový nádoj, výtěžnost tuku, výtěžnost proteinů, poměru proteinů a tuků, obsahu tuku a proteinů. Odhady heritability pro interval od porodu do porodu a věku při prvním porodu byly $0,09 \pm 0,02$ a $0,16 \pm 0,01$, v daném pořadí (Castañeda-Bustos et al. 2014).

3.13.4 Velká Británie

V současné době nejsou plemenné hodnoty u dojných koz ve Velké Británii odhadovány a výběr je založen pouze na základě fenotypu. Na rozdíl od mléčného skotu neexistuje centrální systém evidence. Většina kozích farem vlastní pouze několik zvířat. Dále je pak velké množství hobby chovatelů, kteří nemají zájem o zlepšování produkce. Jen málo chovatelů koz ve velkém stádu provádí své šlechtitelské programy. Farmy, které šlechtitelské programy provádějí, je provádějí nezávisle na sobě s téměř nulovou výměnou dat. Proto nejsou odhady genetických parametrů pro dojně kozy ve Velké Británii známy. Odhad heritability mléčné užitkovosti spolu s korelacemi s jinými znaky je nezbytný pro nastavení efektivního šlechtitelského programu. Je nezbytné předvídat jak přímou, tak korelovanou odezvu na selekci a vytvořit selekční index, který zahrnuje znaky ekonomického významu. Navíc, je důležité zvýšit povědomí a výhody genetických indexů mezi chovateli, kteří v současnosti používají pouze surové výnosy. Rutinní odhad plemenné hodnoty se provádí například v zemích, jako je Kanada, Francie, Spojené státy americké a Norsko (Bélíchon et al. 1998; Montaldo et al. 2002). Ve Velké Británii neexistuje žádný organizovaný selekční program, který může ovlivnit genetickou úroveň populace a zvýšit tak ziskovost ve srovnání s populacemi koz z jiných zemí. Několik dalších studií použilo různé metodologie k odhadu plemenných hodnot pro dojivost u dojných koz. Patří mezi ně modely celkové mléčné užitkovosti (Valencia et al. 2005) a 250denní kumulované mléčné užitkovosti (Rupp et al. 2011), stejně jako modely opakovatelnosti dojivosti a náhodné regresní modely využívající záznamy testovacího dne (Zumbach et al. 2008).

Cílem této studie proto bylo odhadnout heritabilitu mléčné užitkovosti v průběhu 400 dnů laktace u syntetické populace křížených dojných koz pro 1. až 4. laktaci. Byly odhadnuty genetické a fenotypové korelace mezi dojivostí na první a následujících laktacích (Mucha et al. 2014). Údaje o laktaci pocházely ze 2 samostatných farem ve Velké Británii, které vlastní jeden zemědělský podnik. Stáda použitá pro tuto studii jsou větší než jiná stáda ve Velké Británii, ačkoli existuje několik stád s více než 400 dojnými kozami, které provádějí rutinní záznamy a používají elektronickou identifikaci pro usnadnění záznamu dat. Podnik je považován za technicky nejpokročilejší, i když úzce spolupracuje s dalšími výrobci mléka, kteří dodávají mléko do stejného komerčního podniku na zpracování mléka. Soubor dat obsahoval 390482 záznamů o 13591 dojných kozách, které byli dojeny v letech 1987 až 2012. Populace byla vytvořena v roce 1985 křížením 3 plemen a to alpské, sánské a toggenburské kozy. V každé generaci byla do chovu vybrána zvířata s nejlepšími výsledky a v důsledku toho vzniklo syntetické plemeno. Plemenné složení zvířat nebylo zaznamenáno, a proto nemohlo být zahrnuto do analýzy. Ke zmírnění tohoto problému byly informace o SNP použity k posouzení složení plemene zvířat. Celkem 1 961 koz ze stejné populace bylo genotypováno pomocí čipu Illumina Caprine 50 K BeadChip (Tosser-Klopp et al. 2012). Shlukování založené na analýze hlavních komponent provedené pomocí SNP & Variation Suite v7.7.8 neodhalilo žádné významné odlišné skupiny. To naznačuje, že analyzovaná populace je většinou homogenní, a proto nebylo plemeno do analýzy zahrnuto jako faktor. Soubor rodokmenu obsahoval 28 184 jedinců, z nichž 2 414 bylo považováno za zakladatele. V rodokmenu bylo 318 otců a 10 781 matek.

Soubor dat obsahoval záznamy o dojivosti z testovacího dne spolu s informacemi o pořadí laktace a to 1. až 4., farmě (2 farmy), věku při porodu 12 až 90 měsíců, roce 1987 až 2012 a sezóně porodu, kdy byli vytvořeny skupiny léto červen až srpen, podzim září až listopad, zima prosinec až únor a jaro, které bylo od března až do května. Obsah tuku a bílkovin nebyl do analýzy zahrnut, protože ještě nebyl zaznamenán na žádné farmě, které poskytly údaje. Velikost vrhu byla zaznamenána pouze u některých zvířat a v důsledku toho bylo možné pouze 170 710 záznamů o mléce porovnat se záznamy o velikosti vrhu. Pro analýzu byly použity pouze kozy s více než 3 pozorováními v testovacím dni. Navíc byl soubor dat omezen tak, aby obsahoval alespoň 10 záznamů pro každou úroveň testovacího dne stáda, roční období a věk při porodu. Záznamy mléka pod 0,5 a nad 12 kg z testovacího dne byly z dat odstraněny jako chybné. Délka laktace byla omezena na 4 až 400 DIM, protože kozy ze 2 farem jsou dojeny na dlouhé laktace. Cílový věk pro první porod je 12 měsíců a průměrná délka laktace je 18 měsíců. Zvířata se dojí 3x denně v první fázi laktace a 2x při poklesu produkce mléka. Kozy jsou krmeny travní siláží s vysokým obsahem dusíkatých látek. Metabolizovatelný energetický obsah stravy se pohyboval kolem 11,1 až 11,4 MJ/kg sušiny (Mucha et al. 2014).

Komponenty kovariance byly odhadnuty pomocí algoritmu REML v balíčku ASReml (Gilmour et al. 2009). Pro dojivost byl použit následující náhodný regresní animal model:

$$y = Xb + Za + Wp + E,$$

Kde y je vektor pozorování z testovacího dne,

b je vektor fixních efektů, skládajících se z testovacího dne stáda, ročního období a fixních laktačních křivek modelovaných proložením Legendreových polynomů (Kirkpatrick et al. 1990) čtvrtého řádu vnořených do věku při porodu,

a je 1×3 vektor náhodných regresních koeficientů (Legendreho polynomy druhého řádu) pro aditivní efekt zvířete,

p je vektor 1×3 náhodných regresních koeficientů (Legendreho polynomy druhého řádu) pro trvalý efekt prostředí,

e je vektor náhodného zbytkového efektu,

X je incidenční matice pro fixní efekty,

Z a W jsou matice Legendreových polynomů DIM druhého řádu pro náhodný efekt zvířete a trvalého prostředí. Legendreho polynomy druhého řádu pro náhodné efekty byly vybrány, protože vyšší řády vedly k problémům s konvergencí a analýza byla časově náročnější kvůli zvýšenému počtu rovnic. Předpokládalo se konstantní reziduální rozptyl napříč laktací, protože počáteční analýza s heterogenním reziduálním rozptylem ukázala, že se během laktace příliš nemění, pohybuje se mezi 0,2 a 0,3. Po počáteční analýze s menším souborem dat ($n = 170\ 710$), který byl zmíněn dříve, byla velikost vrhu z modelu vyloučena, protože neměla významný vliv na odhad. Největší rozdíl mezi parametry z modelu s a bez vlivu velikosti vrhu byl 0,005 (Mucha et al. 2014).

Heritabilita pro jednotlivé DIM (Day In Milk) pro dojivost byl vypočten v bivariační analýze laktace 1 s 2, 3 a 4 takto:

$$h_i^2 = \frac{\sigma_{ai}^2}{\sigma_{ai}^2 + \sigma_{pi}^2 + \sigma_e^2}$$

Kde σ_{ai}^2 a σ_{pi}^2 jsou odhady genetických a permanentních variancí prostředí a σ_e^2 je odhad reziduální variance. Fenotypová kovariance byla součtem genetických, stálých efektů prostředí a zbytkových kovariancí. Standardní chyby pro heritabilitu a genetické a fenotypové korelace byly vypočteny pomocí metodologie navržené Fischerem et al. (2004), s výkladem navrženým Frigo et al. (2010).

Dojivost na první laktaci měla průměr 3,32 kg. Nejvyšší průměr byl pozorován na druhé laktaci, kde dosáhl 3,70 kg. Nejnižší dojivost byla pozorována na čtvrté laktaci, která měla průměr 3,27 kg. Na první laktaci dosáhla denní dojivost maximální hodnoty kolem 100 dne s 3,97 kg. Následné laktace (druhá až čtvrtá) měly dřívější vrchol kolem 60 až 80 dne, s 5,0, 4,63 a 4,61 kg mléka na druhé, třetí a čtvrté laktaci. Po vrcholu byl nejvyšší pokles mléčné užitkovosti pozorován na třetí a čtvrté laktaci. Denní výnos byl vysoký na druhé laktaci a klesal na dalších laktacích. Heritabilita byla nejvyšší mezi 200 a 250 DIM, dosahovala 0,45, 0,34 a 0,25 na první, druhé a třetí laktaci. Po 300 DIM začala heritabilita klesat na 0,23, 0,14 a 0,15 ve 400 DIM. Čtvrtá laktace měla vrchol heritability mezi 150 a 200 DIM, s dědivostí 0,28. Po 200 DIM se heritabilita snížila na 0,10. Pokles heritability u všech analyzovaných laktací byl způsoben velkým nárůstem trvalé variance prostředí. Na první, třetí a čtvrté laktaci se zvýšil 2x a na druhé laktaci 3x. Dojivost na první a druhé laktaci měla genetickou korelaci mezi 0,57 a 0,88. Odhady genetických korelací v rámci první laktace byly vysoké a pohybovaly se mezi 0,36 a 0,90 pro 5 a 400 DIM. Fenotypové korelace sledovaly podobný vzorec, ale s nižšími hodnotami. Na druhé a třetí laktaci byly příslušné korelace nižší, pohybovaly se mezi -0,02 a 0,92 pro druhou laktaci a mezi 0,12 a 0,88 pro třetí laktaci. Na čtvrté laktaci byl začátek laktace při 5 až 50 DIM negativně korelován s koncem laktace při 350 až 400 DIM, s korelacemi mezi -0,11 při 5 a 350 DIM, a až -0,52 při 50 a 400 DIM. Fenotypové korelace však v tomto období zůstaly pozitivní mezi 0,02 a 0,12, s výjimkou 50 a 400 DIM, kde byla korelace -0,07 (Mucha et al. 2014).

4 Materiál a metody

4.1 Popis dat

Vyhodnocovaná data byla získána z kontroly užítkovosti od Svazu chovatelů ovcí a koz. Původní datový soubor obsahoval údaje o 29 495 kozách zapojených do kontroly mléčné užítkovosti od roku 1969 do roku 2017. Z původního souboru byly vybrány pouze určité proměnné potřebné k vyhodnocení mléčné užítkovosti. Byla to celková užítkovost (uzit) datum narození (datnar), váha v kontrolní den (vaha), pořadí laktace (porlak), plemeno kozy (rasa), kód jedince (kod) a kód chovu. Rodokmen zvířat obsahoval 39 153 záznamů s kódem jedince, otce a matky.

4.2 Úprava vstupních dat

Pro úpravu dat byl použit systém SAS 9.4. následné hodnocení fixních efektů bylo provedeno pomocí zobecněného lineárního modelu (GLM). Následný odhad genetických parametrů byl proveden pomocí programu remlf90 vytvořený na univerzitě v Georgii. Byla použita nejnovější verze tohoto programu a to z 10.2. 2022. První krok spočíval v nahrání datových souborů do systému SAS. Rodokmen byl ve formátu excelového souboru, soubor dat z kontroly užítkovosti byl pak ve formátu SAS dokumentu. Následovala úprava rodokmenového souboru, kdy byli původní proměnné přejmenovány z F1, F2 a F3 na jedince, otce a matku. Dále bylo potřeba vyřadit chybějící údaje označené -1. Po této úpravě z 39 153 záznamů v rodokmenu zůstalo 34 328 záznamů. Následně byly odstraněny jedinci, u kterých byl zjištěn chybějící údaj. Po této úpravě došlo ke snížení údajů a to na 11 817 záznamů. Zároveň byli údaje o plemeni překódovány z písemných zkratk na čísla, z důvodu pozdější jednodušší manipulace s daty. Bílá krátkosrstá koza (B), hnědá krátkosrstá koza (H), sánská koza (SA), anglonúbijská (AN) a burská (BU). Pro následné vyhodnocení byla bílá krátkosrstá označena jako 1, hnědá krátkosrstá jako 2 a další plemena analogicky 2, 3, pro plemena s menší frekvencí byla vytvořena jedna skupina 4. Dále byly vyřazeny extrémní hodnoty v hodnotách užítkovosti, kdy byla velká variabilita dat z důvodu velkých rozdílů v pořadí laktace a věku koz. K finálnímu hodnocení byly vybrány pouze kozy plemene bílé krátkosrsté, a to s maximálním datem narození v roce 2000. Po této úpravě bylo získáno 7 491 záznamů. Dalším krokem byl vytvořen cyklus s podmínkami pro výběr zvířat. Byli určeny podmínky pro počet otců v chovech, počet jedinců v chovu a otce ve více chovech. Konkrétně byli podmínky, aby byli v jednom chovu minimálně 2 otcové. Při přihlídnutí ke struktuře chovů, kdy se kozy chovají velmi často v malochovech, byla vytvořena podmínka pro chovy, kde je minimálně 5 zvířat. Dále pak byly vyřazeny chovy pouze s jedním otcem, a to z důvodu genetické diverzity. Pro větší přesnost odhadu byli dále vyřazena zvířata s méně než 5 potomky. Takto vytvořené podmínky byly aplikovány pomocí makra v 10 cyklech, po kterých se počet jedinců ustálil. Tyto podmínky splnilo 4 852 zvířat.

4.3 Výběr fixních efektů

Pro výběr fixních efektů byl použit program SAS 9.4., konkrétně procedura GLM. Jako fixní efekty byli vybrány pořadí laktace, rok narození, chov, váha. Jako nezávislá proměnná byla použita pouze celková užitkovost.

4.3.1 Rok narození

První hodnocený efekt byl efekt roku narození. Z tabulky č. 5 lze vyčíst rozložení jedinců podle roku narození. Z procentuálního zastoupení můžeme usuzovat na vhodné rozložení jedinců do skupin, a tudíž můžeme již usuzovat, že efekt roku narození by mohl mít statisticky významný vliv.

Tabulka 5 Zastoupení koz v jednotlivých letech

Rok narození	Počet koz	% zastoupení
2000	40	0,82
2001	99	2,04
2002	151	3,11
2003	301	6,20
2004	252	5,19
2005	290	5,98
2006	369	7,61
2007	347	7,15
2008	299	6,16
2009	298	6,14
2010	334	6,89
2011	371	7,65
2012	526	10,84
2013	396	8,16
2014	355	7,32
2015	302	6,23
2016	121	2,49

4.3.2 Pořadí laktace

Dalším hodnoceným efektem bylo pořadí laktace. Z tabulky č. 6 lze vyčíst, že nejvíce koz v kontrole užítkovosti je na 2-5 laktaci. Extrémy v pořadí laktace, kdy je malý počet koz na vysokých laktacích lze přikládat velkému počtu koz v malochovech či chovech pouze o jednom zvířeti, kde se zvířata nevyřazují.

Tabulka 6 Zastoupení koz na jednotlivých laktacích

Pořadí laktace	Počet koz	% zastoupení
1	1	0,02
2	965	19,89
3	949	19,56
4	1359	28,01
5	566	11,67
6	372	7,67
7	236	4,86
8	170	3,5
9	101	2,08
10	74	1,53
11	37	0,76
12	17	0,35
13	4	0,08

4.3.3 Chov

Dalším hodnoceným efektem byl chov. Pod tímto efektem se kloubí vliv technologie chovu, oblasti, stáda a období. Celkem bylo hodnoceno 85 chovů. Kdy bylo rozložení koz v rámci možností rovnoměrné.

4.3.4 Váha

Posledním hodnoceným efektem byla váha v kontrolní den, která se pohybovala od 21 kg do 68 kg.

4.3.5 Statistické hodnocení fixních efektů

Efekty byly hodnoceny pomocí procedury GLM. Pomocí této procedury bylo provedeno statistické hodnocení jednotlivých efektů v konkrétních modelech uvedených v tabulce č. 7.

Tabulka 7 Modelové rovnice s koeficientem determinace

	Pořadí laktace	Chov	Rok narození	Váha v kontrolním dni	Koeficient determinace
Model 1	X		X	X	0,302729
Model 2	X	X	X		0,435821
Model 3		X		X	0,176758
Model 4		X	X	X	0,209894
Model 5	X	X	X	X	0,436213
Model 6	X	X		X	0,392584
Model 7	X	X			0,392523

V tabulce č. 8, která je uvedena v kapitole výsledky je uvedena p hodnota v jednotlivých modelech. Pomocí které byla hodnocena statistická významnost efektů. Z této tabulky lze vyčíst, že kromě váhy byli všechny efekty statisticky významné ve všech modelech a lze je použít do sestavení modelové rovnice. Statisticky významný efekt váhy vyšel pouze v modelech 1 2 a 3.

4.3.6 Výběr modelu

Pomocí procedury GLM bylo hodnoceno více modelů jejichž shrnutí můžeme najít v tabulce č. 8. Vhodnost modelu byla hodnocená pomocí koeficientu determinace. Po tomto hodnocení byl vybrán model 5.

Tabulka 8 Výběr modelu

	Pořadí laktace	Chov	Rok narození	Váha v kontrolním dni	Koeficient determinace
Model 1	X		X	X	0,302729
Model 2	X	X	X		0,435821
Model 3		X		X	0,176758
Model 4		X	X	X	0,209894
Model 5	X	X	X	X	0,436213
Model 6	X	X		X	0,392584
Model 7	X	X			0,392523

Tento model byl použit pro sestavení modelové rovnice a následný odhad parametrů v programu remlf90. V tomto modelu byl použit efekt hmotnosti v kontrolním dni i přes statisticky nevýznamný vliv, a to z biologického důvodu, kdy je vztah mezi živou hmotností a množstvím nadojeného mléka.

$$Y_{ijklm} = PORLAK_i + ROKNAR_j + VAHA_k + CHOV_l + JEDINEC_m + e_{ijklm}$$

Kde	Y_{ijklm}	je nezávislá vlastnost, celkové množství nadojeného mléka
	$PORLAK_i$	je fixní efekt o i úrovních, je to efekt pořadí laktace
	$ROKNAR_j$	je fixní efekt o j úrovních, je to efekt roku narození
	$VAHA_k$	je fixní efekt o k úrovních, je to efekt váhy v kontrolním dni
	$CHOV_l$	je fixní efekt o m úrovních, je to efekt chovu
	$JEDINEC_m$	je náhodný efekt o l úrovních, je to efekt jedince
	e_{ijklm}	je náhodná reziduální chyba

Odhad byl dále proveden i pro model bez efektu hmotnosti s ohledem na výsledky procedury GLM, kdy váha vyšla statisticky neprůkazná. V tomto případě vypadala modelová rovnice takto:

$$Y_{ijklm} = PORLAK_i + ROKNAR_j + CHOV_k + JEDINEC_l + e_{ijkl}$$

Kde	Y_{ijklm}	je nezávislá vlastnost, celkové množství nadojeného mléka
	$PORLAK_i$	je fixní efekt o i úrovních, je to efekt pořadí laktace
	$ROKNAR_j$	je fixní efekt o j úrovních, je to efekt roku narození
	$CHOV_k$	je fixní efekt o m úrovních, je to efekt chovu
	$JEDINEC_l$	je náhodný efekt o l úrovních, je to efekt jedince
	e_{ijkl}	je náhodná reziduální chyba

4.3.7 Odhad genetických parametrů

Odhad genetický parametrů byl proveden na základě výstupu z programu SAS 9.4. Výstupem z programu jsou 2 textové soubory. Jeden obsahuje rodokmen a druhý soubor, který obsahuje naši hodnocenou vlastnost Y, fixní efekty vybrané na základě GLM a náhodný efekt jedince. Poté byl vytvořen parametrový soubor, na základě kterého program remlf90 zpracuje data a odhadne residuální a genetickou varianci. V parametrovém souboru byli vypsány potřebné údaje pro úspěšné spuštění programu remlf90. Program byl spuštěn přes příkazový řádek. V parametrovém souboru nalezneme náš výstup dat a rodokmen ze SAS. Zapisuje se typ modelu v tomto případě byl model jednoznakový. Dále pak jsou zde zapsány 4 fixní a jeden náhodný efekt. Je potřeba specifikovat ve kterém sloupečku v souboru je naše hodnocená vlastnost. Užitečnost je ve sloupci 6. Dále se zadává počet tříd u jednotlivých jak fixních, tak náhodných efektů. Váha, rok narození, chov a pořadí laktace. Kdy váha má 65 úrovní. Rok narození má 17 úrovní. Chov má 85 úrovní. A pořadí laktace má 13 úrovní. Náhodný efekt jedince pak měl 6066 úrovní. Následně je potřeba nastavit počet cyklů, ve kterých probíhá odhad residuální a genetické variance. Tyto variance jsou pak použity na výpočet koeficientu heritability pomocí vzorce:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}$$

Kde h^2 je označení koeficientu heritability
 σ_g^2 je genetická variance odhadnutá pomocí remlf90
 σ_e^2 je residuální variance odhadnutá pomocí remlf90

5 Výsledky

5.1 Hodnocené efekty a výběr modelu

5.1.1 Výběr modelu

Model byl vybrán na základě procedury GLM v programu SAS. Vhodnost modelu byla hodnocena na základě koeficientu determinace (r^2). Determinační koeficient nám říká, z jaké části je naše pozorovaná vlastnost Y vysvětlována zvolenými fixními efekty. Výsledek lze převést na procenta. Fixní efekty byly hodnoceny na základě p hodnoty. P hodnotu lze definovat jako nejnižší hladinu významnosti α , na které zamítáme naši nulovou hypotézu. Pro model 1 byly použity efekty hmotnosti, pořadí laktace a roku narození. U tohoto modelu byl koeficient determinace 0,302729. P hodnota pro váhu byla 0,0017, v tomto modelu byla pak váha statisticky významná. P hodnota pro pořadí laktace byla $<0,0001$ tudíž statisticky významná. Dále pak byl v tomto modelu zohledněn efekt roku narození, pro který byla p hodnota $<0,0001$. V modelu 2 byly zohledněny efekty chov, rok narození a pořadí laktace. Pro tento model byl koeficient determinace 0,435821. Pro všechny efekty byla p hodnota $<0,0001$. Všechny efekty byly tak statisticky významné. V modelu 3 byly efekty váha a chov. Pro tento model byl koeficient determinace 0,176758. P hodnota pro váhu 0,0797 a pro chov $<0,0001$. V tomto modelu vyšel statisticky významný pouze chov. Model 4 pak byl sestaven pomocí efektů chovu, roku narození a váhy. Pro tento model byl koeficient determinace 0,209894. P hodnota pro váhu byla 0,0205, pro rok narození a chov $<0,0001$. V tomto modelu tak vyšla statistická významná i váha. V modelu 5 pak byly zahrnuty všechny efekty včetně váhy. Koeficient determinace byl 0,436213. V tomto modelu bylo dosaženo nejvyššího koeficientu determinace. Pro váhu vyšla p hodnota 0,0696. Pro ostatní efekty byla p hodnota $<0,0001$. Váha proto vyšla statisticky neprůkazná. V modelu 6 byly pak zahrnuty efekty pořadí laktace, chov a váha. Koeficient determinace byl 0,392584. P hodnota pro váhu pak byla 0,4908, pro pořadí laktace a chov $<0,0001$. V modelu 7 byly pak efekty pořadí laktace a chovu. Koeficient determinace pak byl 0,392523. P hodnota pro oba efekty byla $<0,0001$ tedy statisticky významná. K odhadu genetických parametrů na základě koeficientu determinace byly vybrány modely 5 a 2. Kdy model 5 obsahoval i efekt váhy, který zvýšil koeficient determinace. Model 2 byl pak sestaven bez efektu váhy. Pro oba tyto modely byly odhadnuty genetické parametry.

Pro odhad genetických parametrů byl použit model č. 5. modelová rovnice vypadala takto:

$$Y_{ijklm} = PORLAK_i + ROKNAR_j + VAHA_k + CHOV_l + JEDINEC_m + e_{ijklm}$$

Pro odhad genetických parametrů byl použit model č. 2. modelová rovnice vypadala takto:

$$Y_{ijklm} = PORLAK_i + ROKNAR_j + CHOV_k + JEDINEC_l + e_{ijkl}$$

5.1.2 Jednotlivé efekty

V tomto modelu byly efekty hodnocené pomocí procedury GLM. Rok narození vyšel statisticky významný v našem vybraném modelu. Pro tento efekt byla p hodnota $<0,0001$ při porovnání s hladinou významnosti α (0,05), kdy je p hodnota nižší, byl efekt roku narození zařazen do modelové rovnice. Přehled p hodnot pro jednotlivé efekty v jednotlivých sestavených modelech je uveden v tabulce č. 9. Z tabulky č. 10 lze vyčíst, že průměrná celková užitkovost se během let liší v závislosti na počtu koz. Dále pak průměr užitkovosti v jednotlivých letech se výrazně neliší od průměrné hodnoty uvedené v chovném cíli dle SCHOK.

Tabulka 9 P hodnota dle jednotlivých modelů

P hodnota	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4	Model 5	Model 6	Model 7
Váha	0,0017	X	0,0797	0,0205	0,0696	0,4908	X
Pořadí laktace	$<0,0001$	$<0,0001$	X	X	$<0,0001$	$<0,0001$	X
Rok narození	$<0,0001$	$<0,0001$	X	$<0,0001$	$<0,0001$	X	$<0,0001$
Chov	X	$<0,0001$	$<0,0001$	$<0,0001$	$<0,0001$	$<0,0001$	$<0,0001$

Tabulka 10 Průměr užitkovosti v jednotlivých letech

Rok narození	Počet koz	Průměr za rok
2000	40	250,894
2001	99	668,333
2002	151	783,993
2003	301	763,794
2004	252	759,777
2005	290	680,800
2006	369	694,932
2007	347	706,778
2008	299	710,869
2009	298	816,057
2010	334	827,209
2011	371	775,318
2012	526	813,155
2013	396	770,439
2014	355	774,405
2015	302	726,629
2016	121	691,388

Další hodnocený efekt byl efekt pořadí laktace, který v našem hodnoceném modelu a naší modelové rovnici vyšel statisticky významný, protože p hodnota byla <0,0001, tedy nižší než stanovená hladina významnosti. Proto byl tento efekt zařazen do modelové rovnice. Z tabulky č. 11 lze vyčíst, že čím vyšší pořadí laktace tím je vyšší průměrná užitkovost, a to až do 8 laktace, kdy užitkovost začíná klesat. Proto lze usuzovat na vliv pořadí laktace na celkovou užitkovost. Podle pořadí laktace lze usuzovat i o věku kozy.

Tabulka 71 Průměr užitkovosti dle jednotlivých laktací

Pořadí laktace	Počet koz	Průměr užitkovosti
1	1	300,000
2	965	533,262
3	949	721,407
4	1359	797,605
5	566	845,457
6	372	895,970
7	236	889,677
8	170	934,900
9	101	889,287
10	74	864,662
11	37	898,270
12	17	821,705
13	4	768,250

Dalším hodnoceným efektem byla váha. Tento efekt byl zařazen do modelové rovnice spíše z důvodu biologického, kdy živá hmotnost ovlivňuje nádoj. V tomto konkrétním zvoleném modelu vyšel efekt váhy statisticky nevýznamný. P hodnota byla 0,0696 při porovnání s hladinou významnosti, je proto efekt statisticky nevýznamný. Pro lepší statistické hodnocení byla váha sjednocena do skupin po 5 kg. Z tabulky č. 12 je patrné, že s rostoucí hmotností roste i průměrná užitkovost. Proto byla váha použita do modelové rovnice i když vyšla statisticky nevýznamná.

Tabulka 82 Průměr užitkovosti dle hmotnosti

Váha	Počet koz	Průměr užitkovosti
1 (0-25 kg)	20	580,500
2 (25-30 kg)	420	695,780
3 (30-35 kg)	954	761,147
4 (35-40 kg)	1451	768,196
5 (40-45 kg)	1145	749,724
6 (45-50 kg)	659	762,406
7 (50-55 kg)	167	771,101
8 (55-60 kg)	30	945,633
9 (60-65 kg)	3	1132,67
10 (65-70 kg)	2	1120,50

Dalším hodnoceným efektem byl efekt chovu. Efekt chovu skloubí jak podmínky prostředí, technologii chovu, oblasti, podnebí a stáda. Proto byl tento efekt zahrnut do modelové rovnice. Ve všech studovaných modelech vyšla p hodnota <0,0001, proto je tento efekt statisticky významný. Celkově se jednalo o 85 chovů.

5.1.3 Stanovení genetických parametrů

Přes příkazový řádek byl spuštěn program remlf90.exe. Program běžel 850 cyklů. Po těchto cyklech v případě modelu 5 genetická variance vyšla 0,112305 a residuální variance pak 0,301705. Následně byl použit vzorec pro výpočet heritability:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}$$

Po dosazení dostaneme vztah:

$$h^2 = \frac{0,112305}{0,112305 + 0,301705}$$

Z tohoto vzorce vyšel koeficient heritability 0,27124. Podle teorie je koeficient heritability středně dědivý s tímto porovnáním se dá považovat odhad za rozumný.

Pro model 2, kdy byl vyřazen efekt váhy. Bylo použito stejného postupu a odhad variancí pro tento model byl 0,111605 pro genetickou varianci a 0,302705 pro residuální varianci.

Po dosazení do stejného vzorce pro výpočet heritability:

$$h^2 = \frac{0,111605}{0,111605 + 0,302705}$$

Po výpočtu z tohoto vztahu vyšel koeficient dědivosti 0,26937. Při porovnání těchto odhadů byl jako vhodnější model zhodnocen model 5, ve kterém byla zohledněna i hmotnost v kontrolním dni.

6 Diskuse

6.1 Vstupní data

Vstupní data pro odhad genetických parametrů obsahovala 29 495 záznamů, ze kterých byly vybrány údaje o kozách plemene bílé krátkosrsté, kterých bylo 7 491. Rodokmenový soubor pak bez úprav obsahoval 34 328 záznamů. V porovnání se studií Béchona et al. (1998), která obsahovala záznamy o 20 700 kozách sánského plemene a 33 431 alpských koz, se jednalo o menší množství dat. Arnal et al. (2020) pak měl k dispozici 692 743 záznamů od roku 1995 až do roku 2015. Z těchto dat byly vybrány údaje o alpských kozách, kterých bylo 49 849. V této práci byl použit rodokmen s 98 075 zvířaty. Po splnění přísných podmínek byl odhad proveden na 486 jedincích. Podmínky pro výběr dat byla existence údajů o 3 laktacích. Každá laktace pak musela obsahovat 4 testovací dny s délkou laktace minimálně 180 dnů. Dále pak bylo potřeba splnit podmínku minimálně 5 zvířat v laktaci a v testovacím dni. Dále pak bylo potřeba 20 mláďat po otci zařazeném v umělé inseminaci (Arnal et al. 2020). V této práci byla tato podmínka adaptována na 8 potomků po otci, z důvodu použití přirozené plemenitby, kdy samec je schopen zplodit menší množství potomků. Dále pak bylo potřeba splnit podmínku, kdy v chovu bylo více jak 2 otcové a zároveň otec byl ve více jak 5 chovech. Zumbach et al. (2004) v Německu pracoval s plemeny německá plavá a bílá koza, které tvořily většinu studovaných zvířat. Byly sledovány jednotlivé laktace a to 1,2 a 3. 1 laktace obsahovala 35 308 záznamů o kontrolních dnech od 5079 zvířat, 2. laktace 30 551 záznamů o 4118 zvířatech a 3. laktace pak 23 640 záznamů od 3132 zvířat. Tyto údaje byly shromážděny od roku 1987 až do roku 2003 od 6 chovatelů. Skoro polovina záznamů o kontrolním dni musela být vyřazena z důvodu nemožné identifikace zvířat. Ve finálním odhadu bylo použito 300 zvířat z přibližně 500 stád. Rodokmenový soubor obsahoval údaje o 12 878 jedincích. U 13 % jedinců nebyli k dispozici informace o obou rodičích. Produkční a reprodukční ukazatele byly v Americe sledovány na 33 725 dojných kozách. Dále pak byla studována dlouhověkost a výtěžnost mléčných složek. Byly studovány kozy plemene alpská, nubijská, sánská a toggenburská. Do odhadu byla zařazena pouze zvířata s údaji o po sobě jdoucích laktacích. Dále pak byla vyřazena zvířata na více než 10. laktaci (Castañeda-bustos et al. 2014). V této práci byla ponechána i zvířata na vyšších laktacích, a to z důvodu znalosti struktury chovů dojných koz, kdy velké množství koz je chováno v malochovech o malém počtu zvířat. Castañeda-bustos et al. (2014) déle vyřazoval zvířata, která nebyla ve všech laktacích ve stejném stádě. Dále byla vyřazena zvířata s chybějícími údaji i pouze u jednoho hodnoceného znaku (celkový nádoj, výtěžnost mléčných složek) a chybějících údajů o datu narození a porodu. K dalšímu vyřazení došlo, pokud chyběly údaje o plemeni či identifikaci. Byly získány údaje o první laktaci od 33 725 koz od 9 716 otců a 24 474 matek. Rodokmen byl upraven pomocí programu Pedigree Viewer 6.3 (Kinghorn et al. 2009). Finální rodokmenový soubor obsahoval 209 530 jedinců všech plemen. Dále byli jednotlivé efekty setříděny do podskupin z důvodu vyrovnaného počtu jedinců ve skupinách. Mucha et al. (2014) ve Velké Británii hodnotil heritabilitu u syntetické populace koz na 1. až 4. laktaci.

Vstupní data pocházela ze 2 farem spadajících pod jeden zemědělský podnik. K dispozici bylo celkem 390 482 záznamů o 13 591 kozách z let 1987 až 2012. Tato syntetická populace vznikla křížením alpské, sánské a toggenburské kozy. Byla provedena genetická analýza pomocí SNP čipů, která nezjistila významné genetické rozdíly mezi jedinci, a proto nebylo plemeno zahrnuto jako efekt. Rodokmenový soubor obsahoval 28 184 jedinců. Do odhadu byly zahrnuty pouze kozy s více než 3 pozorováními z kontrolního dne. Dále byla vyřazena zvířata s užitkovostí v kontrolním dni pod 0,7 kg a nad 12 kg. Z těchto výše uvedených informací vyplývá, že počet hodnocených jedinců se neliší od ostatních obdobných studií v ostatních zemích. Byly upraveny podmínky zařazení zvířat do odhadu, a to z důvodu místních podmínek a dostupných informací z poskytnutého datového souboru. Jak Bélichon et al. (1998) a Arnal et al. (2020) ve Francii, Zumbach et al. (2004) v Německu, Castañeda-bustos et al. (2014) v USA tak Mucha et al. (2014) ve Velké Británii měli k dispozici data z kontroly užitkovosti. Podmínky ve Francii se liší z důvodu vyšší frekvence použití umělé inseminace. Dále pak hodnocená plemena byla z podobného genetického základu, kdy ve všech zmíněných studiích bylo zařazeno plemeno alpská koza a v některých studiích i sánská koza, které daly vzniknout našemu plemenu bílá krátkosrstá. Z těchto skutečností můžeme usuzovat, že výsledky odhadů genetických parametrů na datech použitých v této práci mohou být srovnány.

6.1.1 Modelová rovnice

V této práci bylo celkem hodnoceno 7 modelových rovnic. Hodnocení proběhlo na základě koeficientu determinace (r^2). V každém modelu byla použita různá kombinace vybraných fixních efektů, jejichž vliv byl hodnocen pomocí zobecněného lineárního modelu (GLM) v programu SAS 9.4. Konkrétně byla hodnocena jejich statistická významnost na pozorovanou vlastnost pomocí p hodnoty. Tato vypočtená p hodnota se následně porovnávala se zvolenou hladinou významnosti α , která v biologických záležitostech je 0,05. Porovnání všech těchto modelů nalezneme v tabulce č. 7. na straně 41. V modelu 1 byly použity fixní efekty pořadí laktace, rok narození zvířete a váha v kontrolním dni. Dle p hodnoty vyšly všechny tyto efekty statisticky významné. Koeficient determinace vyšel 0,302729. Následně v modelu 2 byly zahrnuty fixní efekty pořadí laktace, chovu, a roku narození. V tomto modelu vyšli také všechny efekty statisticky významné. U tohoto modelu byl koeficient determinace 0,435821. V modelu 3 pak byly použity efekty váhy a chovu. V tomto modelu vyšla váha statisticky nevýznamná, chov pak statisticky významný. Koeficient determinace byl nízký a to 0,176758. V dalším modelu 4 byly zohledněny efekty váhy, chovu, a roku narození. V tomto případě byl koeficient determinace 0,209894. Následný model 5 zahrnoval veškeré vybrané fixní efekty, které kromě váhy vyšli statisticky významné. p hodnota u váhy vyšla 0,0696. Model 6 pak byl složen z efektů váhy, chovu, a pořadí laktace. V tomto modelu opět nebyla váha statisticky významná s p hodnotou 0,4908. Koeficient determinace vyšel 0,392584. Poslední model 7 zahrnoval efekty chovu a pořadí laktace. Oba efekty byly statisticky významné a koeficient determinace byl 0,392523. Při odhadu genetických parametrů byly využity 2 modely, a to modely s nejvyššími koeficienty determinace byl to model 5 a 2.

Modely se lišily použitím efektu váhy, kdy váha v modelu 5 nevyšla statisticky významná, ale koeficient determinace zvýšila a byla použita i z důvodu biologického, kdy váha by měla mít vliv na mléčnou užitkovost.

Arnal et al. (2019) pro odhad genetických parametrů použil animal model s rovnicí

$$y = X\beta + Zu + e$$

Tento maticový zápis modelu byl použit dle Mrode (2005). Kde byli použity fixní efekty stádo, rok, období, věk při porodu a období porodu. V této práci nebyly známy informace o období a ani věku při porodu. Jako efekt stádo, rok, období byl v této práci použitý efekt chovu. Jako náhodný efekt byl použit efekt jedince. Hodnocené vlastnosti byla celková dojivost, obsah tuku, bílkovin a poměry mezi nimi. Zumbach et al. (2008) použil jako fixní efekty stádo, rok, období, velikost vrhu, období porodu, Legendery polynomy třetího řádu a jako náhodné efekty byly použity efekt jedince a trvalého prostředí. Castañeda-bustos et al. (2014) odhadoval genetické parametry pro délku produkčního života, produkci mléka, výtěžnost tuku, bílkovin, a jejich poměru. Bylo použito fixních efektů, a to období porodu, období narození, a plemeno. Dále pak náhodné efekty jedince, zde byl vliv stádo, rok, období použit do náhodných efektů stejně jako stádo otce. V této práci nebyl záznam o stádu otce, proto nebyl tento efekt použit stejný případ byl u období porodu. Mucha et al. (2014) ve své práci použil fixních efektů, a to kontrolní den stáda, roční období a laktačních křivek modelovaných pomocí Legendery polynomů a věk při porodu. Použil tuto modelovou rovnici:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

Při porovnání modelu použitého v této práci a modelů použitých v ostatních studiích bylo v těchto studiích použito více efektů. V těchto pracích nebyli zmíněny koeficienty determinace. Z informací, které byly k dispozici byl vybrán vhodný model pro odhad genetických parametrů. Z dostupných informací v datovém souboru byly vybrány efekty vysvětlující cca 47 % celkové pozorované vlastnosti.

6.1.2 Odhad genetických parametrů

Odhad genetických parametrů v této práci byl proveden v programu remlf90.exe. Byly odhadnuty variance jak genetická, tak residuální, ze kterých byl následně vypočítán koeficient dědivosti pro celkovou užitkovost. Odhad byl proveden pro 2 modely, které měly největší koeficient determinace a to model 5 a 2. U těchto modelů byl koeficient determinace 0,436213 u modelu 5 a o něco nižší u modelu 2 a to 0,435821. Tyto modely se lišily použitím váhy v kontrolním dni jako fixního efektu. Model 5 zahrnoval váhu model 2 nikoli. Při odhadu u modelu 5 byla genetická variance odhadnuta na 0,112305 a residuální variance na 0,301705. Z těchto odhadnutých parametrů byl vypočten koeficient dědivosti pro celkovou užitkovost a to 0,27124. U modelu 2, kdy odhad probíhal bez efektu váhy byly odhadnuty podobné hodnoty variance, kdy genetická variance byla 0,111605 a residuální variance pak 0,302705. Koeficient dědivosti byl pak 0,26937. Z toho lze usuzovat, že zařazení efektu váhu jako fixního efektu vedlo k mírnému zvýšení koeficientu dědivosti.

Arnal et al. (2019) k odhadu složek kovariance použil program V.C.E.4.3.5 pomocí metody reml. Koeficienty dědivosti se v této studii pohybují od 0,32 do 0,4 pro množství nadojeného mléka. Odhad byl proveden u plemen alpské a sánské kozy. U jiných plemen byla heritabilita odhadnuta 0,3. Ve studii byla uvedena genetická variance sánské kozy 0,118 a u alpské kozy pak 0,121. Tato čísla odpovídají výsledkům této práce. Zumbach et al. (2008) prováděl výpočet koeficientu dědivosti v různé fázi laktace a na různém pořadí laktace. Pro první laktaci byl odhadnut na 0,27, pro druhou laktaci 0,2 a pro třetí laktaci 0,37. Odhady složek variance byly provedeny na základě náhodného regresního modelu. Castañeda-Bustos et al. (2014) odhadli koeficient dědivosti pro mléčnou užitkovost 0,37. Podle Gilmour et al. (2009) byly variance odhadnuty programem ASreml 3.0. Dle Mucha et al. (2014) dosahovala mléčná užitkovost nejvyšší heritability mezi 200 a 250 DIM s hodnotou 0,45 na první, 0,34 na druhé a 0,25 na třetí laktaci. Po 300 DIM heritabilita klesla na 0,23, 0,14, 0,15. Pokles heritability dle Mucha et al. (2014) byl dán nárustem variance trvalého prostředí. Při srovnání výpočtů heritability z této práce a ostatních studií vycházela dědivost vždy buď na hraně nebo přímo v intervalu střední dědivosti. Zařazení do intervalů dle výše dědivosti závisí na zdroji informace o rozložení těchto intervalů. Koeficient heritability však vyšel velice blízký koeficientu dědivosti z ostatních studií. V této práci byl výsledek 0,27 srovnatelný s ostatními pracemi i přes rozdílnost použitých modelů a vstupních dat.

7 Závěr

- V diplomové práci byli stanoveny vlivy negenetických faktorů, kterými lze vysvětlit 45 % celkové proměnlivosti v populaci.
- Dále pak byly odhadnuty genetické parametry pro mléčnou užitkovost u bílé krátkosrsté kozy. Koeficient dědivosti vyšel 0,272 při použití modelu s váhou. Při použití modelu bez efektu váhy pak 0,269. Při porovnání s ostatními výpočty tohoto koeficientu z různých zemí se jedná o rozumnou hodnotu a příliš se neliší od vypočtených koeficientů heritability pro celkovou užitkovost u ostatních studií.
- Diplomová práce poskytla přehled o odhadu genetických parametrů napříč světem u plemen, ze kterých byla vyšlechtěna koza bílá krátkosrstá.
- V dalším odhadu genetických parametrů doporučuji použít novější a ucelenější data z kontroly užitkovosti.

8 Literatura

Arnal M, Larroque H, Leclerc H, Ducrocq V, Robert-Granié C. 2019. Genetic parameters for first lactation dairy traits in the Alpine and Saanen goat breeds using a random regression test-day model. *Genetic Selection Evolution*. **51**:43.

Arnal M, Larroque H, Leclerc H, Ducrocq V, Robert-Granié C. 2020. Estimation of genetic parameters for dairy traits and somatic cell score in the first 3 parities using a random regression test-day model in French Alpine goats. *Journal of Dairy Science*. Paris. **103**: 4517–4531.

Arnal M, Robert-Granié C, Larroque H. 2018. Diversity of dairy goat lactation curves in France. *Journal of Dairy Science*. **101**:11040–11051.

Barlow RJ. 1999. *Statistics: A Guide to the Use of Statistical Methods in the Physical Sciences*. John Wiley & Sons, LTD. Chichester. 198 s. ISBN: 978-0-471-92295-1.

Barwick SA, Fewson D, Graser HU, James J, Kinghorn B, Nitter G, Savicky J. 1993. *Design of livestock breeding programs: Short course in animal breeding*. The University of New England. Armidale, Australia. ISBN: 0863890661.

Bauer J, Příbyl J, Vostrý L. 2015. Contribution of domestic and Interbull records to reliabilities of single-step genomic breeding values in dairy cattle. *Czech Journal of Animal Science*. **60**: 263-267.

Bélichon S, Manfredi' E, Piacère A. 1998. Genetic parameters of dairy traits in the Alpine and Saanen goat breeds. *Genetic selection evolution*. Paris. **30**: 529-534.

Bömkes D, Hamann H, Distl O. 2004 a. Estimation of genetic parameters for test day records of milk performance traits in German Improved Fawn. *Arch. Tierz.***47**:193-202.

Bömkes D, Hamann H, Distl O. 2004 b. Population genetic analysis of milk performance traits in German Improved White 2nd communication: genetic parameters of test day records. *Züchtungskunde*. **76**:272–281.

Bouška J, Doležal O, Jílek F, Kudrna V, Kvapilík J, Příbyl J, Rajmon R, Sedmíková M, Skřivanová V, Šlosárková S, Tyrollová Y, Vacek M, Žižlavský J. 2006. *Chov dojného skotu*. ProfiPress. Praha. s. 186. ISBN 80-86726-16-9.

Brestenský V, Dušan A, Baumgartner J, Benková J, Botto L, Brestenský M, Brouček J, Bulla J, Demo P, Foltys V, Formelová Z, Gallo M, Gondekova M, Grafenau P, Hanusová E, Hetényi L, Horniaková E, Huba J, Chrastinová L, Chrenková M, Kica J, Kirchnerova K, Kumičik M,

Mačuhová L, Margetín M, Margetínová J, Mihina Š, Mojto J, Nitrayová S, Ochodnický D, Palkovičová Z, Petrikovič P, Peškovičová D, Polák P, Rajčaková L, Sommer A, Šottník J, Uhrinčať M, Tančín V, Vláčil R, Vrškova M. 2015. Chov hospodárskych zvierat. Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum – Výskumný ústav živočíšnej výroby Nitra. Nitra. **23**: 263-266. ISBN: 978-80-89418-41-1.

Browne RA, Moller V, Forbes VE, Depledge MH. 2001. Estimating genetic and environmental components of variance using sexual and clonal *Artemia*. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. **267**:107–119.

Bucek P, Syrůček J, Milerski M, Mareš V, Konrád R, Škaryd V, Rucki J, Hakl P. 2020. Ročenka chovu ovcí a koz za rok 2019. Českomoravská společnost chovatelů a Svaz chovatelů ovcí a koz v ČR. Praha. ISBN: 978-80-904-131-7.

Bucek P. 2007. Trendy v kontrole užítkovosti a šlechtění dojených plemen koz ve světě. Českomoravská společnost chovatelů, a.s.

Castañeda-Bustos VJ, Montaldo HH, Torres-Hernández G, Pérez-Elizalde S, Valencia-Posadas M, Hernández-Mendo O, Shepard L. 2014. Estimation of genetic parameters for productive life, reproduction, and milk-production traits in US dairy goats. *Journal of Dairy Sciencis*. **97**: 2462-2473.

Carillier C, Larroque H, Palhière I, Clément V, Rupp R, Robert-Granié C. 2013. A first step toward genomic selection in the multi-breed French dairy goat population. *J. Dairy Sci*. **96**:7294–7305.

Ciappesoni G, Příbyl J, Milerski M, Mareš V. 2004. Factors affecting goat milk yield and its composition. *Czech Journal of Animal Science, Czech Academy of Agricultural Sciences, Praha*. **11**:465-473.

Chauhan VPS. 1987. Dairy sire evaluation fitting some of the herd-year-season effects as random. *Livest. Prod. Sci*. **16**:117–130.

Delgado JV, Leon JM, Gama LT, Lozano J, Quiroz J, Camacho ME. 2006. Genetic Parameters for Milk Traits in Murciano-Granadina Goats in the Highlands. 8 WCGALP. Brazil.

Druet T, Jaffrézic F, Boichard D, Ducrocq V. 2003. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. *J. Dairy Sci*. **86**:2480–2490.

Falconer DS. 1995. *Introduction to Quantitative Genetics*. Pearson Education Limited. UK. ISBN: 0582243025.

Fantová M, Fleischer P, Kacerovská L, Malá G, Mátlová V, Nohejlová L, Skřivánek M, Šlosárková S. 2012. Chov koz. Brázda. Praha. ISBN: 9788020903938.

Fantová M, Kacerovská L, Malá G, Mátlová V, Skřivánek M, Šlosárková S. 2010. Chov koz. Brázda, Praha. ISBN: 9788020903778.

Fischer TM, Gilmour AR, van der Werf JHJ. 2004. Computing approximate standard errors for genetic parameters derived from random regression models fitted by average information REML. *Genetics Selection Evolution*. **36**:363–369.

Frigo E, Dechow CD, Pedron O, Cassell BG. 2010. The genetic relationship of body weight and early-lactation health disorders in two experimental herds. *Journal of Dairy Scientist*. **93**:1184–1192.

Gardiánová I. 2012. vertebratus.cz. Praha. Available from [Národní dědictví – genové rezervy České republiky \(vertebratus.cz\)](https://www.vertebratus.cz) (accessed leden 2022).

Gilmour AR, Gogel BJ, Cullis BR, and R. Thompson. 2009. ASReml User Guide. Release 3.0. VSN International Ltd., Hemel Hempstead, UK.

Goetsch AL, Zeng SS, Gipson TA. 2011. Factors affecting goat milk production and quality. *Small ruminant research*. USA. **101**: 55-53.

Christensen OF, Lund MS. 2010. Genomic prediction when some animals are not genotyped. *Genet. Sel. Evol.* **42**:2.

Jakubec V, Bezdíček J, Louda, F. 2010. Selekce – inbríding – hybridizace. Rapotín. s. 382. ISBN: 978-80-87144-22-0.

Jakubec V, Říha J, Golda J, Majzlík I. 1999. Odhad plemenné hodnoty hospodářských zvířat. Asociace chovatelů masných plemen. VÚCHS Rapotín, Česká zemědělská univerzita. Rapotín. s. 177.

Jakubec V, Říha J, Majzlík I, Bjelka M. 2003. Teorie a praxe selekce hospodářských zvířat. Rapotín. S. 154.

Jakobsen JH, Dürr JW, Jorjani H, Forabosco F, Loberg L, Philipsson J. 2010. Genotype by environment interactions in international genetic evaluation of dairy bulls. *Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet.* **18**:133–142.

Janssens S, Winandy D, Tylleman A, Delmotte Ch, Van Moeseke W, Vandepitte W. 2003. The linear assessment scheme for sheep in Belgium: Breed averages and assessor quality. *Small Ruminant Research*. **51**: 85–95.

Jamrozik J, Schaeffer LR, Dekkers JCM. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *Journal of Dairy Scientist*. **80**:1217–1226.

Jensen J, Korsgaard IR, Neerhof HJ, Vollema A, Madsen P, Ducrocq V. 1999. Genetic variation in functional longevity and its relation to mastitis resistance in Danish Holstein. *Interbull Bull*. **21**:161–165.

Kinghorn B, Kinghorn S. 2009. The University of New England. Pedigree Viewer 6.3. [Pedigree Viewer \(une.edu.au\)](http://pedigreeviewer.une.edu.au) (accessed Únor 2022).

Křížek J, Mátlová V, Skřivánek M, Šafaříková H, Šimák P, Škarda J, Večeřová D. 1992. *Chov koz*. Farm. Praha. 175 s. ISBN: 8090125905.

Leclerc H. 2008. Development of the French dairy cattle test-day model genetic evaluation and prospects of using results for herd management. PhD Thesis in Animal Genetics. AgroParisTech. Paris. France.

Legarra A, Aguilar I, Misztal I. 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci*. **92**:4656–4663.

Litavcová E, Pavluš M, Seman J, Török C. 2012. *ŠTATISTIKA s balíky STATISTICA a SPSS*. Prešovská univerzita v Prešove. Prešov. s. 145. ISBN: 978-80-89568-18-5.

Martinez GE, Koch RM, Cundiff LV, Gregory KE, Van Vleck LD. 2004. Genetic parameters for six measures of length of productive life and three measures of lifetime production by 6 yr after first calving for Hereford cows. *J. Anim. Sci*. **82**:1912–1918.

Mareš V. 2016. *Analýza chovu koz (2. část)*. Zpravodaj Svazu chovatelů ovcí a koz ČR. Svaz chovatelů ovcí a koz ČR. Brno. **2**: 35-41.

Menéndez-Buxadera A, Molina A, Arrebola F, Gil MJ, Serradilla JM. 2010. Random regression analysis of milk yield and milk composition in the first and second lactations of Murciano-Granadina goats. *Journal of Dairy Scientist*. **93**:2718–2726.

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.

Montaldo HH, Valencia-Posadas M, Wiggans GR, Shepard L, Torres-Vázquez JA. 2010. Genetic and environmental relationships between milk yield and kidding interval in dairy goats. *Journal of Dairy Scientist*. **93**:370–372.

Montaldo HH, Manfredi E. 2002. Organisation of selection programmes for dairy goats. Prod. Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Montpellier, France. World Congr. Genetics Appl. Livest. **7**:1-8.

Montaldo HH, Manfredi E. 2002. Organisation of Selection Programmes for Dairy Goats. Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Montpellier. **1**:35.

Mrode RA, Thompson R. 2005. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. CABI Publishing. Wallingford. ISBN: 0-85199-000-2.

Mucha S, Mrode R, Coffey M, Conington J. 2014. Estimation of genetic parameters for milk yield across lactations in mixed-breed dairy goats. Journal of Dairy Scicist. **97**: 2455-2461.

Ochodnický D, Poltársky J. 2003. Ovce, kozy a prasata. Příroda, Bratislava. 104 s. ISBN: 800-711-219-7.

Pérez-Razo M, Sánchez F, Torres-Hernández G, Becerril-Pérez C, Gallegos-Sánchez J, González-Cosío F, Meza-Herrera C. 2004. Risk factors associated with dairy goats stayability. Livest. Prod. Sci. **89**:139–146.

Pérez-Cabal MA, García C, González-Recio O, Alenda R. 2006. Genetic and phenotypic relationships among locomotion type traits, profit, production, longevity, and fertility in Spanish dairy cows. J. Dairy Sci. **89**:1776–1783.

Příbyl J, Křížek J, Milerski M, Příbylová J, Říha M, Slaná O, Šafus P, Večeřová D. 1995. Závěrečná zpráva projektu – Tvorba šlechtitelských programů pro malé přežvýkavce. Výzkumný ústav živočišné výroby, Praha. 118 s.

Příbyl J, Křížek J, Milerski M, Příbylová J, Říha M, Slaná O, Šafus P, Večeřová D. 1996. Tvorba šlechtitelských programů pro malé přežvýkavce: Závěrečná zpráva výzkumného úkolu č. AA 0930950148. VÚŽV Uhřetěves.

Příbyl J, Příbylová J. 2002. Výběr vhodného modelu odhadu plemenné hodnoty. Letní škola biometriky. Lednice na Moravě.

Rogers GW, Banos G, Sander Nielsen U, Philipsson J. 1998. Genetic correlations among somatic cell scores, productive life, and type traits from the United States and udder health measures from Denmark and Sweden. J. Dairy Sci. **81**:1445–1453.

Rupp R, Clément V, Piacere A, Robert-Granié C, Manfredi E. 2011. Genetic parameters for milk somatic cell score and relationship with production and udder type traits in dairy Alpine and Saanen primiparous goats. Journal of Dairy Scicist. **94**:3629–3634.

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. ISBN80- 903143-5-X.
Sambraus HH. 2006. Atlas plemen hospodářských zvířat. Brázda. 296 s. ISBN: 8020902445.
Snustad P, Simmons MJ. 2017. Genetika. Masarykova univerzita, Brno. s. 521-522. ISBN: 978-80-210-8613-5.

Sewalem A, Miglior F, Kistemaker GJ, Sullivan P, Huapaya G, Van Doormaal BJ. 2007. Modification of genetic evaluation of herd life from a three-trait to a five-trait model in Canadian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* **90**:2025–2028.

Sewalem A, Miglior F, Kistemaker GJ, Sullivan P, Huapaya G, Van Doormaal BJ. 2007. Modification of genetic evaluation of herd life from a three-trait to a five-trait model in Canadian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* **90**:2025–2028.

Stupka R, Ducháček J, Fantová M, Ledvinka Z, Neumann C, Nohejlová L, Kluzáková E, Stádník L, Starostová L, Šprysl M, Zadinová K, Zita L. 2016. Atlas plemen hospodářských zvířat. Powerprint s.r.o. 125 s. ISBN: 978-80-213-2651-4.

Svaz chovatelů ovcí a koz z.s. 2021. Šlechtitelský program plemene koza bílá krátkosrstá. Hradištko.

Svaz chovatelů ovcí a koz z.s. 2021. Šlechtitelský program plemene koza hnědá krátkosrstá. Hradištko.

Szyndler-Nędza M. 2016. Coefficients of repeatability for colostrum and milk composition of PLW and PL sows over three consecutive lactations. *Livestock Science.* **185**: 56-60.

Tamarin RH. 2001. Principles of Genetics. The McGraw-Hill Companies. Boston. s. 609. ISBN: 0072334193.

Tosser-Klopp GP, Bardou C, Cabau C, Eggen A, Faraut T, Heuven H, Jamli S, Klopp C, Lawley CT, McEwan J, Martin P, Moreno C, Mulsant P, Nabihoudine I, Pailhoux E, Palhière I, Rupp R, Sarry J, Sayre B, Tircazes A, Wang J, Wang W, Yu TP, Zhang W. 2012. Goat genome assembly, Availability of an international 50 K SNP chip and RH panel: An update of the International Goat Genome Consortium projects. Pages 1–14 in Plant Anim. Genome Conf., San Diego, CA. International Plant & Animal Genome, San Diego, CA.

Torres-Vázquez JA, Valencia-Posadas M, Castillo-Juárez H, Montaldo HH. 2009. Genetic and phenotypic parameters of milk yield, milk composition and age at first kidding in Saanen goats from Mexico. *Livestock Scientist.* **126**:147–153.

Tsuruta S, Misztal I, Lawlor TJ. 2005. Changing definition of productive life in US Holsteins: Effect on genetic correlations. *J. Dairy Sci.* **88**:1156–1165.

Valencia-Posadas M, Yorrero-Garza V, Vicencio-Reyes CV, Shepard L, Montaldo HH. 2010. Relaciones fenotípicas entre características de conformación con la habilidad de permanencia a los 36 meses en cabras Alpinas. *Acta Universitaria*. **20**:40-44.

Valencia MP, Dobler JL, Montaldo HH. 2005. Genetic trends for milk yield in a flock of Saanen goats in Mexico. *Small Ruminant Research*. **57**:281-285.

Van Arendonk JAM, Bijma P, Dekkers JCM. 2007. The design and optimisation of dairy cattle breeding schemes. Lecture Notes for International course. Poznan Branch of Polish Animal Production Society. Poznan.

Van Bebber J, Reinsch N, Junge W, Kalm E. 1997. Accounting for herd, year and season effects in genetic evaluations of dairy cattle: A review. *Livest. Prod. Sci.* **51**:191–203.

VanRaden PM, Dematawewa CMB, Pearson RE, Tooker ME. 2006. Productive life including all lactations and longer lactations with diminishing credits. *J. Dairy Sci.* **89**:3213–3220.

van der Werf JHJ, Goddard ME, Meyer k. 1998. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. *Journal of Dairy Sciencis.* **81**:3300–3308.

VanRaden PM, Klaaskate EJH. 1993. Genetic evaluation of length of productive life including predicted longevity of live cows. *J. Dairy Sci.* **76**:2758–2764.

Večeřová D. 1994. Faktory ovlivňující mléčnou užitkovost koz. *Náš chov*. Praha. č. 4. s. 28-29.

Völl S. 2001. Ziegenzucht in der Bundesrepublik Deutschland in Zahlen. Bundesverband Deutscher Ziegenzuchter. Berlin.

Vicencio RCV. 2009. Correlaciones genéticas entre características de conformación y habilidades de permanencia en cabras lecheras. MS Thesis. Universidad Autónoma de Aguascalientes, Aguascalientes, Ags., México.

Waheed A, Khan SM. 2013. Lactation curve of Beetal goats in Pakistan. Faculty of Veterinary Sciences, Bahauddin Zakariya University, Multan, Pakistan. *Archiv fur tierzucht-archives of animal breeding*. **56**: 892-898.

Weppert M, Hayes JF. 2004. Direct genetic and maternal genetic influences on first lactation production in four breeds of dairy goats. *Small Ruminant Research*. **52**:173–178.

Wiggans GR, Hubbard SM. 2001. Genetic evaluation of yield and type traits of dairy goats in the United States. *Journal of Dairy Sciencist.* **84**:69-73.

WRIGHT, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *American Naturalist* **56**: 330-338.

Zahrádková R, Kvapilík J, Teslík V, Zeman L, Doležal P, Bureš D, Skládanka J, Vostrý L, Veselá Z, Kaplanová K, Stehlík L, Bartoň L, Illek J, Špínka M, Stěhulová I, Šárová R. 2009. Masný skot od A do Z. Český svaz chovatelů masného skotu. Praha. s. 397. ISBN: 978-80-254-4229-6.

Zumbach B, Peters KJ, Emmerling R, Sölkner J. 2004. Development of a Test Day Model for Milk Sheep and Goats under Unfavourable Structural Conditions in Germany. 55th Annual Meeting of EAAP. Slovenia.

Zumbach B, Peters KJ. 2007. Design of a breeding program for the German Fawn dairy goat (Zuchtprogrammgestaltung bei der Deutschen Bunten Edelziege). Zuchtungskunde. **79**:184-197.

Zumbach B, Tsuruta S, Misztal I, Peters KJ. 2008. Use of a test day model for dairy goat milk yield across lactations in Germany. J. Anim. Breed. Genet. **125**:160–167.