



Česká zemědělská univerzita v Praze

**Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů**

Studijní program: **Zootechnika**

Studijní obor: **obecná zootechnika**

Katedra: **genetiky a šlechtění**

Školitel: **doc. Ing. Luboš Vostrý, Ph.D., e-mail: vostry@af.czu.cz**

Konzultant: **prof. Ing. Bc. Josef Příbyl, DrSc., pribyl.josef@vuzv.cz**

Forma: **prezenční**

Téma: Efekty křížení v hodnocení dojeného skotu

Hypotéza:

Vhodný genetický model stanovení efektů křížení umožní přesnější hodnocení zvířat. Využití efektů křížení umožní vyšší užitkovost na jedince.

Anotace:

Efekty křížení významně ovlivňují užitkovost a ekonomiku chovu. Pro jejich stanovení byly vyvinuty genetické modely a jsou organizována záměrná připařování (Jakubec a kol. 2010). V provozních podmínkách záměrná připařování na dostatečně velkých populacích nejsou často možná. Na druhou stranu zanášejí efekty křížení možné zdroje nepřesností při genetickém hodnocení plemenných zvířat, neboť se často pracuje s populací smíšenou z různých kříženců. Je proto třeba věnovat pozornost vývoji vhodných genetických modelů pro stanovení efektů křížení, začlenění efektů křížení do pravidelných postupů genetického hodnocení plemennou hodnotou a genomickou plemennou hodnotou a promyšlené využití těchto efektů v hybridizačních programech. V současnosti se jak pro stanovení genetických vzdáleností mezi populacemi, tak při genetickém hodnocení využívají genetické markery, které by bylo vhodné využít v návaznosti na genetické modely vyhodnocování křížení. Genetické markery se používají i ke stanovení realizované genomické příbuznosti, pokud se jedná o populaci kříženců, je třeba při sestavování příbuznosti zohlednit genetické skupiny podle původu. Náplní práce je vývoj a ověření vhodných genetických modelů pro stanovení efektů křížení a využití nových pracovních postupů při genetickém hodnocení zvířat. Vstupními údaji jsou celostátní soubory užitkovostí a původů zvířat vedené svazy chovatelů a ČMSCH/Plemdat a údaje o jedincích genotypovaných pomocí genomických čipů. U holštýnského skotu se jedná přibližně o 7000 genotypovaných zvířat, většina genomických údajů je na Illumina 50K čipech.

Práce na návrzích budou vykonávány ve spolupráci s VÚŽV Uhřetěves (www.vuzv.cz). Při řešení se úzce spolupracuje se svazy chovatelů a ústřední evidencí zvířat. Náplň bude s každým zájemcem upřesněna po osobním projednání se školitelem, vedoucím katedry a specialisty VÚŽV. Je možné po dohodě zvolit i vlastní jinou příbuznou náplň. Vhodné pro absolventy zemědělských a přírodovědných fakult a fakult matematicko-statistického zaměření.

Zdroj financování práce: NAZV, QK1810253, "Navýšení spolehlivosti celostátního genomického hodnocení dojeného skotu zařazením krav s domácí užitkovostí do genotypované referenční populace" (2018/22). Řešitel -koordinátor prof. Příbyl VÚŽV, řešitel za ČZU doc. Vostrý.