

Mendelova zemědělská a lesnická univerzita v Brně

Agronomická fakulta

Ústav genetiky



**VZTAH ESR-PVUII POLYMORFISMU K PRODUKČNÍM A
REPRODUKČNÍM VLASTNOSTEM U PLEMENE BÍLÉ UŠLECHTILÉ
A LANDRASE V ČESKÉ REPUBLICE**

DOKTORSKÁ DISERTAČNÍ PRÁCE

Brno 2004

Ing. Eliška Goliášová

Doktorand: Ing. Eliška Goliášová

Školitel: Prof. Ing. Josef Dvořák, CSc.

Školitel specialista: Doc. RNDr. Aleš Knoll, PhD.

Vědní obor: Obecná zootechnika, 41-04-9

Specializace: Genetika živočichů

Předložená disertační práce byla zpracována v letech 1999-2004 na Ústavu genetiky Agronomické fakulty Mendelovy zemědělské a lesnické univerzity v Brně s podporou výzkumných projektů NAZV Mze ČR QD 1039 a výzkumného záměru MSM 4321 00001.

Děkuji všem, kteří se podíleli na vzniku této práce.

Především však děkuji:

Prof. Ing. Josefu Dvořákovi, CSc. za odborné vedení a náměty k zamyšlení a kolektivu Ústavu genetiky MZLU v Brně za pomoc při shromažďování materiálů,

představitelům Svazu chovatelů prasat v Čechách a na Moravě Ing. Čestmíru Pražákovi, CSc. za souhlas s poskytnutím údajů z centrální databáze a RNDr. Věře Jelínkové, CSc. za obětavou spolupráci při předávání údajů,

Prof. Ing. Josefu Příbylovi, DrSc. za rady a připomínky ke statistickému vyhodnocení,

Dr. rer. nat. Jochenu Wolfovi, DrSc. za spolupráci při statistickém vyhodnocení, cenné rady při konzultacích i při zpracování publikací,

svému partnerovi, rodičům a všem blízkým za pochopení, veškerou psychickou podporu a důvěru v dokončení této práce.

OBSAH

1.	ÚVOD	6
2.	CÍLE PRÁCE	7
3.	LITERÁRNÍ PŘEHLED	8
3.1.	Molekulární genetik a ve šlechtění prasat	8
3.1.1.	Mapování genomu	10
3.1.2.	Využití informací o genetických markerech ve šlechtitelských programech prasat .	14
3.1.2.1.	<i>Selekce s využitím molekulárně genetických informací v rámci populací.....</i>	<i>15</i>
3.1.2.2.	<i>Selekce s využitím molekulárně genetických informací mezi populacemi (MAI).....</i>	<i>16</i>
3.2.	Gen pro estrogenový receptor (<i>ESR</i>)	18
3.2.1.	Estrogeny a jejich funkce v organismu	18
3.2.2.	Estrogenový receptor	20
3.2.3.	Polymorfismus genu estrogenového receptoru	23
3.2.4.	Vztah genu <i>ESR</i> k užitkovosti a fyziologickým znakům reprodukce	25
4.	MATERIÁL A METODIKA	32
4.1.	Datové soubory	32
4.2.	Detekce genotypů	35
4.3.	Statistická analýza	37
4.3.1.	Výpočet frekvencí genotypů a alel	37
4.3.2.	Vyhodnocení asociace <i>ESR</i> polymorfismu s produkčními a reprodukčními vlastnostmi a plemennými hodnotami	37
4.3.2.1.	<i>Vyhodnocení efektu ESR k produkčním vlastnostem a k reprodukčním vlastnostem zvláště na prvních a na druhých a dalších vrzích.....</i>	<i>38</i>
4.3.2.2.	<i>Vyhodnocení efektu ESR k reprodukčním vlastnostem na všech vrzích.....</i>	<i>40</i>
4.3.2.3.	<i>Vyhodnocení gametického imprintingu ESR k reprodukčním vlastnostem na všech vrzích</i>	<i>42</i>
4.3.3.	Vyhodnocení efektů <i>ESR</i> ve vybraných chovech.....	43
5.	VÝSLEDKY	44
5.1.	Četnosti genotypů a alel <i>ESR - PvuII</i> v mateřských populacích prasat.....	44
5.2.	Asociace <i>ESR-PvuII</i> s užitkovými vlastnostmi	48
5.2.1.	Vztah <i>ESR</i> polymorfismu k užitkovým vlastnostem produkce a reprodukce u plemene Bílé ušlechtilé.....	48

5.2.2.	Vztah <i>ESR</i> polymorfismu k užitkovým vlastnostem produkce a reprodukce u plemene Landrase.....	53
5.2.3.	Vyhodnocení efektu imprintingu.....	55
5.2.4.	Vztah <i>ESR</i> polymorfismu k produkčním a reprodukčním vlastnostem ve vybraných chovech.....	57
5.2.5.	Asociace genotypů <i>ESR</i> s plemennými hodnotami u plemene Bílé ušlechtilé	75
5.2.6.	Asociace genotypů <i>ESR</i> s plemennými hodnotami u plemene Landrase.....	78
6.	DISKUSE	79
6.1.	Datové soubory.....	79
6.2.	Statistická analýza	83
6.2.1.	Modelové rovnice využití k odhadům efektů <i>ESR</i>	85
6.3.	Četnosti genotypů a alel <i>ESR - PvuII</i> v mateřských populacích prasat.....	89
6.4.	Asociace <i>ESR-PvuII</i> s užitkovými vlastnostmi	93
6.4.1.	Vztah <i>ESR-PvuII</i> polymorfismu k užitkovým vlastnostem u plemene Bílé ušlechtilé.....	93
6.4.2.	Vztah <i>ESR</i> polymorfismu k plemenným hodnotám u plemene Bílé ušlechtilé.....	99
6.4.3.	Vztah <i>ESR</i> polymorfismu k užitkovým vlastnostem a plemenným hodnotám u plemene Landrase.....	100
7.	SOUHRN	101
8.	SUMMARY	104
9.	SEZNAM LITERATURY	107
10.	SEZNAM ZKRATEK.....	117
11.	ŽIVOTOPIS.....	118

SEZNAM OBRÁZKŮ, TABULEK A GRAFŮ

Obr. 1	Receptory steroidních hormonů: Schematické znázornění hormonálního účinku	21
Obr. 2	Schema stavby a funkce steroidních receptorů.	22
Obr. 3	Prostorový model estrogenového receptoru	22
Obr. 4	Lokalizace <i>ESR</i> na chromozómu 1 prasete	23
Tab. 1	Přehled publikovaných prací, ve kterých byl testován vztah genotypů a alel <i>ESR</i> k velikosti vrhu	30
Tab. 2	Počet pozorování, průměry a směrodatné odchylky pro jednotlivé znaky datového souboru 1 a 2 u plemene Bílé ušlechtilé.....	33
Tab. 3	Počet pozorování, průměry a směrodatné odchylky pro jednotlivé znaky u plemene Landrase	33
Tab. 4	Variabilita zastoupení dat v chovech plemene Bílé ušlechtilé	34
Obr. 5	Polymorfismus restričních fragmentů <i>ESR-PvuII</i>	36
Tab. 5	Čtyřznakové animal modely použité pro vyhodnocení efektů <i>ESR</i> na hodnocené vlastnosti v datovém souboru 1	39
Tab. 6	Koeficienty heritability a genetické korelace využité k vyhodnocení efektů <i>ESR</i> v datovém souboru 1	40
Tab. 7	Čtyřznakové animal modely použité pro vyhodnocení efektů <i>ESR</i> na hodnocené vlastnosti v datovém souboru 2	41
Tab. 8	Koeficienty heritability a genetické korelace využité k vyhodnocení efektů <i>ESR</i> v datovém souboru 2	41
Tab. 9	Počet pozorování, průměry a směrodatné odchylky pro jednotlivé znaky ve vybraných chovech datového souboru 1.....	43
Tab. 10	Frekvence <i>ESR-PvuII</i> genotypů a alel v populacích plemen Bílé ušlechtilé a Landrase.....	44
Tab. 11	Frekvence <i>ESR-PvuII</i> genotypů a alel u žijících plemenic Bílé ušlechtilé a Landrase.....	45
Tab. 12	Frekvence <i>ESR-PvuII</i> u plemenic a kanců plemene Bílé ušlechtilé podle roku narození	46
Tab. 13	Frekvence <i>ESR-PvuII</i> u plemenic a kanců plemene Landrase podle roku narození .	47
Tab. 14	Počet pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů pro sledované znaky datového souboru 1 a 2 u plemene Bílé ušlechtilé	49

Tab. 15	Odhady aditivních a dominantních efektů na produkční vlastnosti a reprodukční vlastnosti zvláště na prvních a na druhých a dalších vrzích (model 1 až 4).....	51
Tab. 16	Odhady aditivních a dominantních efektů <i>ESR</i> na reprodukční vlastnosti na všech vrzích (model 5 až 8).....	52
Tab. 17	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů pro sledované produkční a reprodukční znaky u plemene Landrase.....	54
Tab. 18	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů reprodukčních vlastností heterozygotních prasnic, které zdědily alelu <i>B</i> od otce nebo od matky	55
Tab. 19	Odhady gametického imprintingu <i>ESR-PvuII</i> pro vlastnosti velikosti vrhu a hmotnost vrhu v modelu s opakováním.....	56
Tab. 20	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů pro vyhodnocované vlastnosti ve vybraných chovech celkem.....	58
Tab. 21	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů za průměrný denní přírůstek od narození v chovech.....	58
Tab. 22	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů za podíl libového masa v chovech.....	59
Tab. 23	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů za počet živě narozených selat na prvním vrhu v chovech.....	61
Tab. 24	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů za počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích v chovech	61
Tab. 25	Odhady aditivních a dominantních efektů <i>ESR</i> na produkční a reprodukční znaky ve vybraných chovech celkem.....	62
Tab. 26	Odhady aditivních a dominantních efektů <i>ESR</i> lokusu pro průměrný denní přírůstek v chovech.....	64
Tab. 27	Odhady aditivních a dominantních efektů <i>ESR</i> lokusu pro podíl libového masa v chovech.....	64
Graf 1	Aditivní efekt <i>ESR</i> na průměrný denní přírůstek od narození v jednotlivých chovech.....	65
Graf 2	Dominantní efekt <i>ESR</i> na průměrný denní přírůstek od narození v jednotlivých chovech.....	66
Graf 3	Aditivní efekt <i>ESR</i> na podíl libového masa v jednotlivých chovech	67
Graf 4	Dominantní efekt <i>ESR</i> na podíl libového masa v jednotlivých chovech.....	68
Tab. 28	Odhady aditivních a dominantních efektů <i>ESR</i> lokusu pro počet živě narozených selat na prvních vrzích v chovech	69

Graf 5	Aditivní efekt <i>ESR</i> na počet živě narozených selat na prvních vrzích v jednotlivých chovech.....	70
Graf 6	Dominantní efekt <i>ESR</i> na počet živě narozených selat na prvních vrzích v jednotlivých chovech.....	71
Tab. 29	Odhady aditivních a dominantních efektů <i>ESR</i> lokusu pro počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích v chovech	72
Graf 7	Aditivní efekt <i>ESR</i> na počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích v jednotlivých chovech.....	73
Graf 8	Dominantní efekt <i>ESR</i> na počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích v jednotlivých chovech.....	74
Tab. 30	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů plemenných hodnot za jednotlivé genotypy <i>ESR</i> u všech plemenic Bílé ušlechtilé.....	76
Tab. 31	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů plemenných hodnot prasnic, u kterých byla zjišťována asociace <i>ESR</i> s fenotypovými hodnotami reprodukce animal modely	77
Tab. 32	Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů plemenných hodnot za jednotlivé genotypy plemenic Landrase	78
Tab. 33	Reprodukční užítkovost prasnic plemene Bílé ušlechtilé zahrnutých do vyhodnocení efektů <i>ESR</i> dosažená v jednotlivých letech	81
Tab. 34	Reprodukční užítkovost prasnic plemene Landrase zahrnutých do vyhodnocení efektů <i>ESR</i> dosažená v jednotlivých letech	81
Tab. 35	Vývoj fenotypových hodnot reprodukčních ukazatelů u plemene Bílé ušlechtilé....	82
Tab. 36	Vývoj fenotypových hodnot reprodukčních ukazatelů u plemene Landrase	82
Tab. 37	Četnosti pozorování v rámci úrovní efektu stádo-rok-odobí pro vlastnosti reprodukce	87

1. ÚVOD

Jedním ze základních předpokladů efektivní výroby vepřového masa je využívání výkonného genofondu. Cílem šlechtění je dosahování maximálního genetického pokroku ve šlechtěných populacích hospodářských zvířat a jeho přenos do produkční sféry. V průběhu historického vývoje došlo ve šlechtění prasat k několika významným změnám od ryze subjektivního přístupu k dnes využívaným metodám založeným na vědeckých poznacích různých oborů. Přestože s rozvojem statistických metod BLUP - animal model došlo v průběhu posledního desetiletí ke zlepšení genetických a fenotypových parametrů populací prasat, je kladen stále větší důraz na využití možností, které poskytuje prudce se rozvíjející molekulární genetika. Předpokládá se, že využití genetických markerů ve šlechtitelských programech dále akceleruje selekční pokrok dosahovaný ve šlechtěných populacích.

Genetické mapování poskytuje nepřehledné množství markerů. S narůstajícím počtem genetických markerů vyvstávají otázky o způsobu jejich využití. V oblasti šlechtění jde především o otázky týkající se kvantifikace vztahu jednotlivých markerů k užitkovosti (případně otázky jak tento vztah racionálně a co nejpřesněji vyhodnotit v dané populaci chovaných zvířat) a strategie implementace markerových informací do selekčních programů.

Významným faktorem ovlivňujícím efektivitu výroby vepřového masa je reprodukční užitkovost. Proto je nalezení genetických markerů ovlivňujících ukazatele reprodukce v popředí zájmu mnoha molekulárních genetiků i šlechtitelů. Dosud bylo publikováno mnoho studií analyzujících možné asociace mezi polymorfismem kandidátních genů a reprodukčními znaky. Jedním z nejznámějších polymorfismů sledovaných ve vztahu k plodnosti prasat je *PvuII* polymorfismus genu pro estrogenový receptor.

Testace genotypů *ESR-PvuII* polymorfismu u plemene Bílé ušlechtilé a Landrase v České republice metodicky řízená Svazem chovatelů prasat v Čechách a na Moravě se uskutečnila v průběhu let 2000 až 2004. Sběr informací o tomto polymorfismu byl úzce spojen s tvorbou superplodných linií s cílem využít informace o efektech tohoto polymorfismu k dalšímu zvyšování plodnosti v obou mateřských populacích.

2. CÍLE PRÁCE

Cílem disertační práce bylo vyhodnotit asociaci *ESR-PvuII* polymorfismu k produkčním a reprodukčním vlastnostem u plemen Bílé ušlechtilé a Landrase v České republice a stanovit vhodnost jeho využití ve šlechtitelském programu obou plemen.

Problematika zahrnovala:

- 1) Vyhodnocení frekvencí genotypů a alel *ESR* a jejich vývoje u obou plemen.
- 2) Odhad efektů *ESR-PvuII* na produkční vlastnosti (přírůstek od narození, podíl libového masa), ukazatele velikosti vrhu (počet všech narozených, živě narozených a dochovaných selat) a hmotnost vrhu při dochovu čtyřznakovými animal modely.
- 3) Odhad efektů *ESR-PvuII* polymorfismu na produkční a reprodukční vlastnosti v chovech plemene Bílé ušlechtilé.
- 4) Analýzu asociací *ESR-PvuII* s plemennými hodnotami za přírůstek, hlavní masité části a počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích.

3. LITERÁRNÍ PŘEHLED

3.1. MOLEKULÁRNÍ GENETIKA VE ŠLECHTĚNÍ PRASAT

Cílem šlechtění je poskytnout produkční sféře zvířata vhodných genotypů umožňující produkci kvalitních živočišných produktů podle požadavků spotřebitelů a zajišťující ekonomickou efektivitu jejich výroby.

Šlechtitelský program je souborem celé řady organizačních opatření zahrnujících definici chovných cílů, výběr vhodných populací, stanovení sledovaných ukazatelů užitkovosti, volby metod genetického hodnocení zvířat i přenos genetického pokroku do výrobní sféry (Pražák, 2002).

Důležitou součástí každého šlechtitelského programu je výběr zvířat s nejvyšší genetickou hodnotou, kteří mohou být využiti jako rodiče příštích generací (Van Arendonk *et al.*, 1999). Ve většině chovatelsky vyspělých zemích se standardem genetického hodnocení staly odhady plemenných hodnot metodami BLUP-animal model (Wolfová a Wolf, 1999). Současný genetický model (infinitesimální model), na jehož základě jsou plemenné hodnoty předpovídány, předpokládá, že vlastnosti jsou podmíněny velkým (nekonečným) počtem aditivně působících genů na nevazebných lokusech, z nichž každý přispívá malou částí k celkové genetické varianci (Visscher a Haley, 1998; Jakubec *et al.*, 1999). Plemenná hodnota tedy představuje odhad aditivních genových efektů přenášených z rodičů na potomstvo. Odhadnuté plemenné hodnoty jsou kombinovány podle definovaného chovného cíle do selekčního indexu tak, aby jeho využitím jako selekčního kritéria bylo dosahováno maximálního celkového genetického zisku.

Přestože nemáme žádné znalosti o genetickém základu znaků (o počtu genů ovlivňujících znak, ani o jejich efektu nebo lokalizaci v genomu), je touto selekční strategií dosahováno vysokého genetického zisku za předpokladu splnění optimálních podmínek, jakými jsou především vysoká heritabilita, vysoká selekční intenzita a možnost získat informace o fenotypu všech jedinců před vlastní selekcí (Dekkers a Hospital, 2002; Jakubec *et al.*, 2002).

Využití molekulárních technik by mohlo zvýšit účinnost současných selekčních metod především v případech, že (Montaldo a Meza-Herrera, 1998; Dekkers *et al.*, 2001, Weller, 2001; Jakubec *et al.*, 2002):

- ekonomicky významné vlastnosti vykazují nízkou heritabilitu (především u znaků spojených s reprodukčními vlastnostmi a znaky rezistence k nemocem)
- vlastnosti nemohou být měřeny u *všech* jedinců *před* započítáním selekce
 - projevují se pouze u jednoho pohlaví
 - jejich fenotyp se projevuje pozdě v průběhu života jedince
 - jejich fenotyp je měřitelný po zabití
- vlastnosti jsou negativně korelované
- převládá neaditivní genetická variance (dominance, epistaze) nebo jsou využívány neaditivní genetické efekty při křížení nebo introgresi

Odhad plemenné hodnoty je navíc optimální u vlastností s normálním rozdělením, ne u vlastností kategorických (Jakubec *et al.*, 2002; Weller, 2001).

Obečně jsou tradiční metody šlechtění vhodné a kompetitivní pro zlepšování úrovně produkčních znaků. Uplatnění molekulární genetiky by však mohlo zvýšit genetický zisk ve šlechtění na reprodukční znaky, protože tyto znaky jsou vázány na pohlaví, většinou mají nízkou heritabilitu a projevují se až v dospělosti jedince. Uplatnění jak tradičních, tak molekulárních šlechtitelských systémů pro zlepšování znaků rezistence nemocí je omezené vzhledem k obtížné měřitelnosti těchto znaků (Visscher a Haley, 2002).

3.1.1. Mapování genomu

Ve smyslu teorie kvantitativní genetiky je genetická variabilita kvantitativních znaků způsobena expresí mnoha genů s malým efektem. Cílem molekulární biologie a genetiky je identifikace lokusů vykazujících efekt na znaky a vlastnosti (identifikace příčinných mutací – Čepica, 2002), porozumění jejich interakcím a fyziologickým základům jejich účinků a osvětlení obsahu tzv. „black box“, kterým je kvantitativní genetická variance (Haley, 1999).

Na současné úrovni poznání není zcela objasněno, jestli všechny geny ovlivňující kvantitativní vlastnosti mají malý fenotypový účinek. Je možné, že velká část variability může být vysvětlena pouze několika geny. Geldermann (1975) označil tyto geny jako lokusy kvantitativních znaků (QTL – Quantitative Trait Loci). Vzhledem k možnému ekonomickému významu těchto genů se využívá i zkratka ETL (Economic Trait Loci).

Nezbytným předpokladem nalezení QTL je přítomnost dostatečného množství genetických markerů. Genetický marker je polymorfni znak na úrovni DNA, jehož varianty vykazují mendelistickou dědičnost (Dvořák *et al.*, 1996). Vlastnosti DNA markerů, jako je kodominantní dědičnost, jednotková heritabilita, možné určení u zvířat obou pohlaví a v každém věku, je podle Visschera a Haleyho (1998) předurčují k využití ve šlechtitelských programech.

K identifikaci QTL (mapování QTL) jsou využívány dvě hlavní strategie: kandidátní přístup a intervalové mapování genomu (Dekkers *et al.*, 2001; Čepica, 2002).

Kandidátní přístup využívá informací komparativního mapování a (nebo) informací vyplývajících z fyziologického základu znaku k nalezení genů hrajících důležité role ve fyziologii znaku (Rothschild a Plastow, 1999). Asociace mezi polymorfismem těchto genů (*kandidátní geny pro QTL, přímé markery, markery I. typu* - Dvořák *et al.*, 1996; Montaldo a Meza-Herrera, 1998; Visscher a Haley, 1998) a variabilitou užitkového znaku je všeobecně považována za důkaz, že gen je součástí genetické kontroly projevu znaku, přestože polymorfismus markeru nemusí být přímo funkčním polymorfismem, ale může být těsně vázán ke QTL a být s ním ve vazbové nerovnováze (Haley, 1999).

Výhodou kandidátního přístupu je fakt, že gen nesoucí domnělou příčinnou mutaci je přímo identifikován (Haley, 1999) a možnost nalézt i lokusy s malým efektem (Čepica, 2002). Dříve uvažovaná pravděpodobnost určení genů s významným vztahem k užitkovosti pouze kandidátním přístupem je však malá vzhledem k velkému počtu genů a jejich malé testované proporci (Haley, 1999).

Podle Čepici (2002) by měla být interpretace testů kandidátních genů velmi opatrná, protože falešně pozitivní výsledky mohou být získány buď vzhledem k existenci vazbové nerovnováhy způsobené příčinnými geny vázanými s kandidátním genem nebo v důsledku špatně nastaveného prahu statistické významnosti.

Podle Haleyho (1999) je možným problémem asociačních studií kandidátních genů složení populace z mnoha subpopulací lišících se frekvencemi na mnoha lokusech. Jedním z možným způsobů jak eliminovat tento problém je provádění asociačních analýz pouze v rámci rodin segregujících pro analyzovaný polymorfismus. Dalším potenciálním problémem je podle tohoto autora možnost nalézt asociace mezi analyzovaným lokusem a užitkovostí způsobené nejen těsně vázanými QTL, ale i QTL ve větších vzdálenostech. Cestou jak eliminovat tento efekt by mělo být doplnění asociačních analýz kandidátních genů pozičním mapováním markerů nacházejících se v okolí kandidátního genu.

Přístup intervalového mapování využívá náhodných genetických markerů v celém genomu k určení regionů s QTL pomocí kosegregace markerů s fenotypem (Haley a Archibald, 1994). Tyto markery (*nepřímé markery, markery II. typu*) nemají přímý vliv na projev užitkové vlastnosti, ale pouze označují chromozomální segment nebo segmenty obsahující geny ovlivňující užitkovost (Dekkers *et al.*, 2002). V tomto smyslu může být QTL jedním genem – major genem, ale i skupinou genů ležících ve vazbě na určitém chromozomálním úseku.

Základními typy experimentálních modelů mapování QTL jsou modely využívající segregaci QTL u kříženců parentálních populací divergentních pro sledovaný znak (experimentální křížení inbredních nebo outbredních linií zajišťující přítomnost vazbové nerovnováhy) a modely analyzující segregaci QTL v rámci outbredních rodokmenů (Weller, 2001). V mapovacích studiích určujících QTL segregující mezi populacemi jsou produkováni heterozygotní F1 jedinci; následuje tvorba F2 generace nebo zpětné křížení (Čepica, 2002).

Modely zaměřené na detekci QTL v rámci populací využívají především analýz rodin existujících populací: sib-pair pro analýzy mnoha malých rodin sester, full-sib pro analýzy velkých rodin sester a half-sib nebo dceřinný model pro velké rodiny polosester. Na rozdíl od křížení inbredních linií je nutné k analýze vybírat pouze jedince s informativními markery u všech potomků, tzn. jedince s markerovými genotypy, u kterých je nepochybné, která alela QTL byla předána potomkům (Weller, 2001). Efekt QTL je určen srovnáním průměrů skupin potomstva, které obdržely různé alely QTL od heterozygotních rodičů (Rothschild, 1997).

Statistické analýzy využívají k testování hypotéz efektu polymorfismu jednotlivých markerů metody analýz variance nebo t-testu, lineární regrese, případně Bayesian metody mapování pro detekci QTL v rodinách sester nebo polosester (Roderick, 2001; Weller, 2001).

Výsledky obou přístupů k detekci QTL se liší v aspektech důležitých pro jejich další využití v selekčních programech. Analýzy QTL pomocí kandidátních genů jsou prováděny hlavně v rámci populací a šlechtitelům mohou tedy poskytovat především geny segregující v rámci plemene. Mapování QTL pomocí polymorfních nepřímých markerů se uskutečňuje zejména v experimentech využívajících křížení kontrastních plemen a identifikuje hlavně QTL segregující mezi plemeny. Otázkou je, zda QTL zjištěné u těchto kříženců přispívají k fenotypové variabilitě komerčních populací (Čepica, 2002; Dekkers *et al.*, 2002).

Z hlediska přesnosti detekce leží QTL identifikované pomocí nepřímých markerů v konfidenčních intervalech od 10 do 20 cM (Dekkers *et al.*, 2002), podle Spelmana a Bovenhuise (1998) je 90 % konfidenčních intervalů pro lokalizaci QTL větších než 20 cM. Nízká přesnost lokalizace QTL je způsobena řídkými genetickými mapami, neinformativními markery a relativně malými rozsahy mapovacích experimentů (Spelman a Bovenhuis, 1998; Čepica, 2002). V případě kandidátního přístupu k odhalování QTL se předpokládá, že mutace kandidátního genu je funkčním polymorfismem. Podle Anderssona (2001) jsou však zatím ve většině případů kandidátní geny těsně vázány k funkční mutaci (1 až 2 cM).

Snahy o zmapování genomu prasete začaly v roce 1990 s vývojem evropského projektu PiGMaP zahrnující laboratoře v Evropě, USA, Japonsku a Austrálii. V USA vznikly dva mapovací projekty: USDA – ARS (US Department of Agriculture – Agricultural Research Service) a národní program USDA – CSREES (Cooperative State Research Education and Extension Service) (Rothschild, 2003), ve Švédsku program Scandinavian map (Andersson *et al.*, 1994). Velmi rychlý vývoj v oblasti mapování genomu prasete dokumentuje srovnání publikovaných výsledků. V roce 1999 obsahovaly vazbové mapy více než 1800 lokusů (z nich 250 genů), fyzikální genetické mapy obsahovaly více než 600 lokusů (Rothschild a Plastow, 1999). Rothschild (2004) shrnul výsledky mapování genomu v roce 2003: je evidováno více než 1381 genů a 2262 markerů, fyzická mapa obsahuje 1315 genů a anonymních markerů.

Zásluhou výzkumných projektů mapování genomu byla dosud identifikována celá řada genů a QTL lokusů. Byly nalezeny příčinné mutace způsobující stresový syndrom prasat a pigmentaci kůže a průkazné asociace mezi kandidátními geny a velikostí vrhu, růstem, kvalitou masa, rezistencí k nemocem a barvou. QTL pro růst a výšku hřbetního tuku byly lokalizovány intervalovým mapováním na chromozomy 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 13 a 14, pro kvalitu masa na chromozomy 2, 3, 4, 6, 7, 12, 15 a pro reprodukci na chromozomy 4, 6, 7 a 8 (Rothschild, 2003). Z hlediska mapování QTL pro reprodukčních vlastnosti považují Rothschild a Plastow (1999) z publikovaných výsledků mapovacích experimentů za slibnou především lokalizaci QTL pro ovulační poměr na chromozom 8.

Kandidátním přístupem byly identifikovány geny s průkaznými efekty na velikost vrhu: *ESR* (SSC1), *FSHB* (SSC2), *MTNR1A* (SSC17), *OPN* (SSC8), *PRLR* (SSC16), *RBP4* (SSC14) (Van der Lende *et al.*, 2002; Kirkpatrick, 2002) a celá řada dalších. Pro žádný z uvedených genů není dosud jasné, zda jejich polymorfismus přímo ovlivňuje variabilitu velikosti vrhu nebo zda je pouze genetickým markerem těsně vázaným k jiným polymorfním genům zapříčiňujícím zjištěné efekty na velikost vrhu (Van der Lende *et al.*, 2002).

3.1.2. Využití informací o genetických markerech ve šlechtitelských programech prasat

Uplatnění genetických markerů ve šlechtitelských programech je vzhledem ke snadnosti jejich určení přímo z genomu jedince velmi široké. Markery mohou být využity k jakýmkoli identifikačním účelům, ať je ověřována totožnost jedince, původ, stanovována příslušnost k určité linii nebo jsou identifikovány produkty (Montaldo a Meza-Herrera, 1998).

Možným uplatněním markerů ve šlechtitelských programech je jejich využití k upřesnění odhadu populačních parametrů, vyčíslení realizované heterozygotnosti nebo inbrední deprese (Visscher a Haley, 1998; Visscher a Haley, 2002), sledování genetické diverzity populací (Haley, 1999; Čítek *et al.*, 2002) nebo ke zpřesnění genetického hodnocení zvířat (Van Arendonk *et al.*, 1999).

Markerové informace mohou být využity v rámci populací prostřednictvím selekce za pomoci markerů (MAS – Marker Assisted Selection) nebo selekce zvířat známých genotypů (GAS – Genotype Assisted Selection), mezi plemeny nebo liniemi prostřednictvím introgrese genů (MAI – Marker Assisted Introgression) (Van Arendonk, 1999, Weller, 2001). Genetické markery jsou využívány k diagnostice genetických chorob (např. BLAD) a infekčních chorob (např. Bovine Leukaemia Virus) (Montaldo a Meza-Herrera, 1998).

Využití informací o genetických markerech a QTL ve šlechtitelských programech poskytuje příležitosti pro zvýšení genetického zisku především cestou zvýšení přesnosti a intenzity selekce a zkrácením generačního intervalu (Bovenhuis a Spelman, 1998; Jakubec *et al.*, 2002). Vysoké účinnosti markery podporovaných selekčních metod může být dosaženo jejich integrací s reprodukčními biotechnologiemi jako např. inseminace a embryotransfer (Montaldo a Meza-Herrera, 1998; Visscher a Haley, 1998; Jakubec *et al.*, 2002) nebo produkce in vitro embryí apod. (Bischof *et al.*, 1995).

Využití markerů ve šlechtitelských programech závisí do značné míry na podmínkách vyplývajících z rozvoje technologií detekce markerů, které na jedné straně povedou k levnému vytvoření vysoké hustoty genetických map a na druhé straně umožní rychlé a levné testování jedinců v populacích (Weller, 2001). Prvním sledovaným polymorfismem byl RFLP polymorfismus, dnes jsou k dispozici další typy markerů: minisatelity, mikrosatelity, RAPD, AFLP, SSCP, jednonukleotidové polymorfismy SNP (Haley, 1999) a další typy markerů (Knoll a Urban, 2002).

3.1.2.1. Selekcce s využitím molekulárně genetických informací v rámci populací

Využití genetických markerů ve šlechtitelských programech v rámci populací se liší podle toho, zda je polymorfismus využívaného markeru (markerů) příčinnou mutací (GAS) nebo pouze vázaným markerem k neznámému QTL (MAS). V případě, že se určitý polymorfismus v daném markeru přímo podílí na variabilitě užitkových vlastností prostřednictvím fyziologických účinků svých produktů, je možné ho přímo využít bez dalšího ověřování jeho efektu (u prasat např. *RN* nebo *HAL* lokus). Podle Van Arenodnka (1999) mohou být genotypy markerů zahrnuty do odhadu plemenných hodnot jako fixní efekty, ale při velkém počtu genů zahrnutých do genetického hodnocení může nadhodnocení efektů vzácných genotypů vést k nesprávným odhadům plemenné hodnoty. Proto by měly být informace o těchto genotypech zahrnuty jako náhodné efekty.

Selekcce s využitím nepřímých markerů v rámci populací může být efektivní pouze v případě, že je možné předpokládat stejné asociace mezi markerovými genotypy a kvantitativními znaky v různých rodinách (Dekkers *et al.*, 2001).

Podle Visschera a Haleyho (1998) je v populacích selektovaných po mnoho generací bez křížení s divergentními liniemi nebo plemeny nesmyslné předpokládat vazbovou nerovnováhu markerů s QTL mimo velmi těsných vazeb, a proto jsou marker – QTL asociace v rodinách odhadnutelné a využitelné pouze za předpokladu velmi vysoké hustoty markerů. Dekkers *et al.* (2001) předpokládá, že ve vazbové nerovnováze s QTL jsou pouze markery identifikované užitím kandidátního přístupu, kdy v ideálním případě marker reprezentuje přímo funkční polymorfismus. Částečnou vazbovou nerovnováhu v populaci je možné předpokládat také u markerů těsně vázaných ke QTL, především v selektovaných populacích malé efektivní velikosti. Využitím SNP markerů spolu s automatizovanými postupy jejich detekce je možné podle Haleyho (1999) identifikovat i QTL nenáhodně asociované se znaky nejen v rámci rodin, ale v rámci celých populací.

Efekt MAS je odhadován především počítačovými simulacemi, a proto existuje pouze velmi málo experimentálních důkazů využitelnosti MAS u hospodářských zvířat. Montaldo a Meza-Herrera (1998) shrnují výsledky několika simulačních studií zabývajících se MAS v různých populacích hospodářských zvířat. Odhadovaný efekt MAS ve srovnání s efektem tradičních modelů byl v citovaných studiích odhadnut na 2 – 64 %.

Podobné hodnoty přírůstku genetického zisku při použití MAS od 2 do 30 % uvádí Flak (2002). Tento autor cituje Lande a Thompsona (1990), kteří shrnují limitující faktory

účinnosti a prospěšnosti MAS: počet markerových lokusů pro detekci významné asociace s QTL, potřebná velikost výběru pro detekci QTL, která se se snižující se heritabilitou pohybuje mezi stovkami a tisíci zvířaty a existence výběrových chyb relativních selekčních vah při konstrukci selekčního indexu.

Podle Davise a DeNise (1998) je magnituda vyššího genetického zisku při využití MAS závislá na počtu generací selekce, populační velikosti a struktuře, počtu markerů zahrnutých do studií, heritabilitě znaku a velikosti uvažovaných QTL efektů.

3.1.2.2. Selekcce s využitím molekulárně genetických informací mezi populacemi (MAI)

Cílem introgrese je vnesení vhodné alely z donorské populace do komerční (recipientské) populace prasat s minimálním možným zůstatkem donorského genomu. Tradiční metodou introgrese je využití zpětných křížení mezi donorskou a recipientskou populací následovaného křížením F1 jedinců k produkci homozygotního genotypu vnášené alely. Podle Visschera a Haleya (1998) proces introgrese všeobecně požaduje sedm až deset generací k získání homozygotní populace pro donorský gen a nesoucí více než 95 % populace recipientské. Genetické markery v MAI mohou být využívány k identifikaci vnášeného QTL a k podpoře selekce požadovaného genetického pozadí jedinců ve fázích zpětného křížení (Hillel *et al.*, 1990). Výhodou jejich využití je možnost jejich zjištění u obou pohlaví a v časném věku. Mnoho simulačních studií využívajících různých metod všeobecně ukazuje, že MAI může snížit čas potřebný ke genové introgresi o jednu až dvě generace (Hospital *et al.*, 1992; Visscher *et al.*, 1996).

Ačkoli MAI snižuje počet požadovaných generací k introgresi vhodného QTL, zvyšuje náklady na introgresi ve dvou klíčových oblastech – je selektována pouze malá frakce potomstva nesoucí vhodný QTL a je tedy nutné vyprodukovat mnohem více potomstva pro zajištění produkce další generace. Druhým nezanedbatelným momentem jsou náklady na genotypování jedinců pro velký počet markerů v každé generaci (Weller, 2001).

Omezené množství experimentů u rostlin primárně zaměřených na introgresi známých genů nebo QTL regionů poukazuje na obecně nižší výnosnost recipientů v porovnání s očekávanými výsledky založenými na původních QTL odhadech (Dekkers a Hospital, 2002). Pokud pomíneme falešně pozitivní nebo nadhodnocené efekty, důvodem nižšího genetického zisku je přítomnost epistatických interakcí mezi jednotlivými QTL, interakcemi

mezi QTL a genetickým pozadím a interakcemi mezi genotypem a prostředím. Stejně faktory by mohly redukovat realizovaný zisk z MAS v syntetických nebo čistokrevných populacích (Dekkers *et al.*, 2001).

3.2. GEN PRO ESTROGENOVÝ RECEPTOR (*ESR*)

Gen estrogenového receptoru je jedním z nejznámějších genů sledovaných ve vztahu k plodnosti prasnic. Jeho expresí vzniká estrogenový receptor, který na buněčné úrovni zprostředkovává efekty estrogenů.

3.2.1. *Estrogeny a jejich funkce v organismu*

Estrogeny jsou pohlavní steroidní hormony savců. Nejdůležitějšími estrogeny u domácích zvířat jsou 17β estradiol a estron. Estrogeny jsou produkovány především dozrávajícími terciálními folikuly (granulózními buňkami a buňkami theca folliculi interna), ke konci gravidity placentou, žlutými tělísky, kůrou nadledvin, buňkami intersticia a mozku (Reece, 1998; Bayer, 1999). Syntetizované estrogeny jsou odváděny krví, přibližně 60 % estrogenů se váže na albumin a asi 38 % na glykoprotein SHBG (sex hormone-binding globulin). Všeobecně se akceptuje, že pouze volná frakce estradiolu je schopná proniknout do buněk a uplatnit své biologické účinky (Smith, 1999)

Obecně je hlavní funkcí estrogenů stimulovat buněčnou proliferaci a růst tkání, které jsou ve vztahu k reprodukci. Estrogeny podněcují růst a vývin samičích pohlavních orgánů, ve folikulární fázi vaječníků podporují dělení buněk děložní sliznice a zvyšují její motoriku, stimuluje růst a sekreční aktivitu žláz endometria, podporují dělení buněk vaginálního epitelu a rohovatění jejich povrchové vrstvy, stimuluje růst a kontraktilitu vejcovodů. Na konci folikulární fáze vaječníků se vlivem estrogenů rozšiřuje kanál děložního krčku. Estrogeny navozují sexuální chování, stimuluje růst vývodných cest mléčné žlázy a ovlivňují ukončení růstu dlouhých kostí (Reece, 1998).

Estrogeny hrají důležitou roli ve folikulárním vývoji a zrání oocytů (Sundarrajan *et al.*, 1999). Vliv estrogenů na vývoj folikulu je úzce spojen s účinky FSH a LH. Pod vlivem LH jsou buňkami theca folliculi interna produkovány androgeny, které difundují do granulózních buněk. FSH působí na aromatizaci androgenů na estrogeny a podporuje tvorbu FSH a LH receptorů na granulózních buňkách (Sundarrajan *et al.*, 1999).

Produkové estrogeny mají lokální regulační efekt. Vyvolávají růst a dělení granulózních buněk a spolu s FSH stimuluje granulózní buňky k produkci sekretů, jejichž hromaděním se vytváří dutina (antrum) naplněná folikulární tekutinou (Reece, 1998). Předpokládá se, že preantrální a antrální folikulární růst, stimulovaný FSH a estrogeny, je zprostředkován faktory IGF (Yuan a Giudice, 1999). Estrogeny zvyšují citlivost

adenohypofýzy k LHRH (luteinizing-releasing hormon), což má za následek zvyšující se koncentraci FSH a LH, až je dosaženo předovulační vlny LH (Reece, 1998).

Estrogeny působí na vývoj sekundárních pohlavních znaků za embryonálního a fetálního vývoje, ovlivňují reprodukční cyklus, plodnost a udržování gravidity (George a Wilson, 1988, cit. Sundarrajan *et al.*, 1999). Syntéza estrogenů zárodkem je signálem pro rozpoznání březosti organismem matky. Estrogeny jsou zapojeny do průběhu sekrece a morfologických změn epitelu dělohy, které jsou nutné pro implantaci zárodků. Kulovité zárodky začínají syntetizovat estrogeny v době, kdy dosáhnou cca 5 mm (Pusateri *et al.*, 1990). Přítomnost estrogenů 9. a 10. den mění děložní epitel, který je pokryt glykokalixem (Geisert *et al.*, 1990). V době mezi 11. a 12. dnem březosti dochází k rychlému prodlužování trofoblastu zárodku, což je důležité pro tvorbu placentárního spojení a vymezení prostoru pro každé embryo a také pro transport syntetizovaných estrogenů do uteru (Pomp a Geisert, 1998). V této době dochází k výraznému zvýšení syntézy estrogenů zárodkem (Geisert *et al.*, 1990). Nerovnoměrný vývoj blastocyst v tomto období přispívá k následným embryonálním ztrátám v důsledku soutěžení o omezený uterinní prostor nutný pro placentaci nebo v pozměnění endometriální sekrece v důsledku uvolňování estrogenů více vyvinutými embryi. Podle Popeho (1994) je vysoká nesynchronnost ve vývoji embryí v preimplantačním období zodpovědná u amerických a evropských plemen za 30 – 40 % ztrát.

Po dokončení elongace trofoblastu sekrece dramaticky klesá a druhého vrcholu dosahuje v 16. dnu březosti. Dvoufázové uvolnění estrogenů zárodkem je nezbytné pro zachování funkčního žlutého tělíska (Pomp a Geisert, 1998). Guthrie a Rexroad (1981) předpokládají, že estrogeny zabraňují regresi žlutého tělíska omezením syntézy a uvolňování prostaglandinů (PGF_{2α}). Nejvyšší obsah PGF_{2α} lze stanovit u březích prasnic (Zavy *et al.*, 1980). Tento výsledek podporuje předpoklad, že zárodkem tvořené estrogeny řídí transport v endometriu vytvořeného PGF_{2α} z endokrinních do exokrinních drah a omezují vliv PGF_{2α} na ovaria (Geisert *et al.*, 1990).

Estrogeny tvořené zárodkem se vážou na sliznici dělohy. Geisert *et al.* (1990) prokázali, že se u březích a jalových prasnic neliší počet míst na endometriu, kde se nachází receptory pro vazbu estrogenů. V obou případech stoupá absolutní počet těchto receptorů do 5. dne a zůstává zvýšený i přes klesající koncentraci estrogenů až do 15. dne. U březích prasnic dochází ke druhému nárůstu počtu receptorů po 15. dnu březosti, u jalových prasnic se tento nárůst již neobjevuje.

Estrogeny ovlivňují transkripci genů pro oxytocin a oxytocinový receptor (Ivell a Walther, 1999). Při říjí a ke konci gravidity inhibicí enzymů histaminázy a cholinesterázy zabraňují inaktivaci histaminu a acetylcholinu, které dilatací kapilár způsobí otok pohlavních orgánů.

3.2.2. Estrogenový receptor

Široká škála orgánově a tkáňově specifických efektů estrogenů je na buněčné úrovni zprostředkovávána vazbou estrogenů na specifický nukleární receptor - estrogenový receptor (ER). Estrogeny jsou schopny ovlivňovat růst a fyziologii reprodukčního systému díky expresi genu pro estrogenový receptor v tepnách dělohy, myometriu, stromálních a epiteliálních buňkách vejcovodů a dělohy (Lindzey a Korach, 1999). Estrogenové receptory byly identifikovány v oocytech, granulózniích buňkách i v epiteliálních buňkách vaječníků. K expresi *ESR* dochází ve tkáních mozku, mléčné žlázy, kostech i v jiných tkáních organismu.

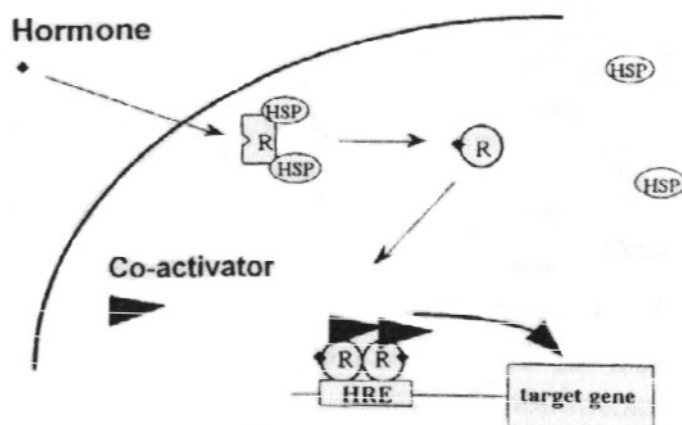
Estrogenový receptor patří spolu s ostatními steroidními, tyreoidními a retinoidními receptory, receptory vitamínu D a dalšími receptory s dosud neznámými ligandy do rodiny nukleárních receptorů zprostředkovávajících informace mezi cytoplazmou a DNA buněčného jádra (Ribeiro *et al.*, 1995, Hoffmann a Schuler, 2000). Do buněk cílových tkání se estrogeny dostávají prostřednictvím lipofilních složek membrány a vazbou na receptory ovlivňují expresi cílových genů v buněčném jádře (Brinkmann, 1994).

Všechny jaderné receptory obsahují vysoce konzervativní DNA-vazebnou doménu (DBD – DNA-binding domain) se dvěma Zn-fingery, která odděluje N-koncovou doménu s transkripční aktivační funkcí 1 (AF1) a C koncovou doménu (LBD – ligand binding domain) s funkcemi transkripční aktivační 2 (AF 2) v závislosti na vazbě ligandu (hormonu), transkripční represe (silencing), translokace a dimerizace. Na rozdíl od AF1 je tedy druhá aktivační funkce závislá na vazbě ligandu (Hoffmann a Schuler, 2000).

Receptory steroidních hormonů jsou za nepřítomnosti hormonů inaktivní. Funkce inaktivace receptorů je spojena mj. s tzv. heat-shock proteins (HSP 90) blokujícími vazbu receptoru na DNA (Carson-Jurica *et al.*, 1990). Interakce HSP zajišťuje konformační strukturu a stabilitu molekuly receptoru. Vazba hormonu na receptor vyvolává sérii konformačních změn receptoru a simultánně disociaci těchto proteinů (Brinkmann, 1994). Důsledkem těchto změn je specifická vazba na palindromatické DNA sekvence HRE - hormon responsive elements (v případě estrogenového receptoru ERE – estrogen

responsive elements). Komplex hormon-receptor rozpoznává DNA sekvenci upstream od transkripčního startu a vyvolává transkripci genů obsahujících HRE (Driscoll *et al.* 1998). Aktivace receptoru vyžaduje působení koaktivátorů transkripce, které ovládají aktivitu histonové acetyltransferázy a způsobují změny chromatinu nutné k zapnutí iniciace transkripce. Schéma hormonálního účinku steroidních hormonů je uvedeno na obrázku č. 1.

Obr. 1 Receptory steroidních hormonů: Schematické znázornění hormonálního účinku (Hoffmann a Schuler, 2000)



(R-receptor, HSP – heat shock proteins, HRE – hormon responsivní elementy, target gene – cílový gen obsahující HRE)

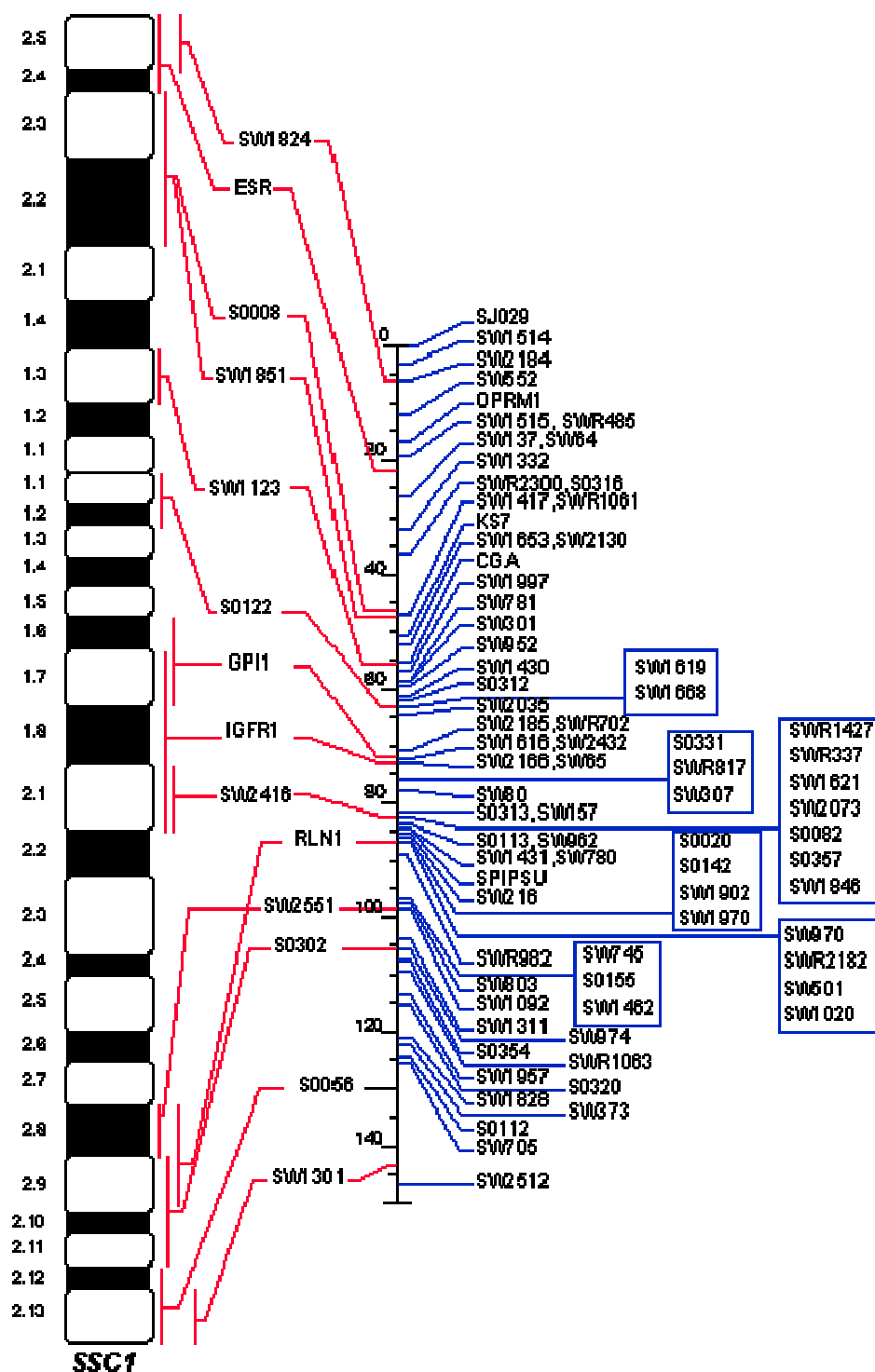
Estrogenový receptor je polypeptid složený z 595 aminokyselin s doménami A, B, C, D, E a F (Bokenkamp *et al.*, 1994). Je translačním produktem genu estrogenového receptoru (*ESR*) obsahujícího 8 exonů. První exon kóduje N-koncovou doménu (A, B), DNA-vazebná doména (C) je kódována exony 2 a 3 pro každý Zn-finger, doména D exonem 4 a doména E – doména vázající estrogenu - exony 5 až 8. Exon 8 kóduje také doménu F (Ponglikitmongkol *et al.* (1988). Bokenkamp *et al.* (1994) nezaznamenal u estrogenového receptoru prasete žádné post-translační modifikace. Schéma stavby a funkce steroidních receptorů je uvedeno na obrázku č. 2, prostorový model ER na obrázku č. 3.

V roce 1996 byl popsán nový typ estrogenového receptoru - ER β . Oba typy ER jsou aktivovány estrogenem a stejnými agonisty, mají stejné antagonisty. Liší se rozdílnou koncentrací v tělních tkáních a strukturálním složením. Porovnání aminokyselinové sekvence ER β člověka s „klasickým“ ER α ukázalo vysoký stupeň homologie v DNA vazebné doméně

3.2.3. Polymorfismus genu estrogenového receptoru

Gen pro estrogenový receptor α byl u prasete lokalizován na 1. chromozom (obrázek č. 4) v oblasti 1p24-25 (Chowdhary et al., 1994; Rohrer *et al.*, 1996).

Obr. 4 Lokalizace *ESR* na chromozómu 1 prasete (USDA-MARC, 2004)



V genu byly identifikovány tři polymorfní místa detekovatelná restrikčními enzymy *AvaI*, *MspAI* a *PvuII*. *PvuII* polymorfismus v *ESR* u prasat byl nalezen pomocí sondy části humánního *ESR* u čínských plemen Meishan, Fengjing, Minzhu a NIH miniature (Rothschild *et al.*, 1991). K testování tohoto polymorfismu u velkého počtu zvířat rozpracovali Rothschild *et al.* (1995) genetický test založený na kombinaci PCR a polymorfismu restrikčních fragmentů (RFLP). Metoda detekce tohoto polymorfismu podléhá patentu s licencí firmy PIC (Pig Improvement Company Ltd.) a Roche Molecular System Inc. Modifikovanou metodiku pomocí PCR-RFLP popsal Short *et al.* (1997).

Další dva polymorfismy na 3' konci kódujícího regionu (exon 8) popsal Drögemüller *et al.* (1997). Pomocí metody PCR-RFLP s použitím restrikčních endonukleáz *AvaI* a *MspAI* zjistili dvě mutace na pozicích 1665 (T-C mutace - *AvaI*) a na pozici 1754 (A-G mutace - *MspAI*).

Mutace spojené s neschopností uvolňovat estrogenu z ligand vazebné domény (H373A a H377A) našli na pozicích 449 a 453 Humeny *et al.* (1999).

3.2.4. Vztah genu *ESR* k užitkovosti a fyziologickým znakům reprodukce

Vztah genotypů a alel *ESR* k analyzovaným ukazatelům produkčních a reprodukčních vlastností není jednoznačný, jak dokládají výsledky asociačních experimentů v různých populacích prasat shrnuté v následujícím přehledu a v tabulce č. 1.

Rothschild *et al.* (1994) zkoumali asociace mezi genotypy *ESR* a ukazateli plodnosti předběžně u plemene Meishan, posléze u 85 prvních vrhů prasnic pocházejících ze záměrného připárování 16 kanců a 23 prasnic syntetické linie Large White x Meishan. U sester genotypů *AB* a *BB* nezjistili průkazné rozdíly ve velikosti vrhu, ale v porovnání s genotypy *AA* byly vrhy zvířat s genotypy *AB* a *BB* o 1,5 všech selat na vrh a o 1 živé sele větší.

Rothschild *et al.* (1995) zjistili u prasnic syntetických linií Meishana a PIC Large White linií průkazné efekty *ESR* pro znaky velikosti vrhu. U syntetické linie Meishana byl počet všech i živě narozených selat na prvních vrzích u prasnic genotypu *BB* o 2,3 selete větší než u prasnic genotypu *AA* ($P < 0,01$). U prasnic syntetické linie Large White byl zjištěn průkazný aditivní efekt alely *B*: na prvních vrzích 0,4 všech a živě narozených selat, na dalších vrzích 0,5 všech a 0,4 živě narozených selat. V linii Meishana byl efekt *ESR* odhadnut u celkem 207 prasnic z 75 rodin, u linie založené na plemeni Large White u 1750 plemenic. V experimentu byla také vyhodnocována data vlastní užitkovosti: průměrný denní přírůstek v testu, výška hřbetního tuku a počet funkčních struků. U linií Meishana nebyl zaznamenán průkazný efekt na produkční znaky ani počet struků, u linie Large White byl zaznamenán malý, ale průkazný efekt alely *B* na výšku hřbetního tuku.

Southwood *et al.* (1995) zjistil u 62 prvních a 77 dalších vrhů prasnic syntetické linie s 50 % podílem plemene Meishan průkazné rozdíly mezi genotypy *BB* a *AA*. U prvních vrhů byl zjištěn průkazný rozdíl 2,7 všech i živých selat na vrh ve prospěch genotypu *BB*, u dalších vrhů 1,0 selete na vrh. Do vyhodnocení bylo zahrnuto 65 prasnic z 27 rodin sester. Autoři prověřovali efekt *ESR* také u tří geneticky rozdílných subpopulací Large White. Ani v jedné linii nebyl efekt *ESR* průkazný. U prvních vrhů byly aditivní efekty u všech linií záporné, u druhých a dalších vrhů byl aditivní efekt negativní pouze u jedné linie.

Legault *et al.* (1996) zjistil neprůkazné rozdíly v genotypové frekvenci *ESR* mezi INRA hyperplodnou linií (Large White Hyper, $n=55$) a kontrolní skupinou plemene Large White (Témoin, $n=47$) reprezentující populaci Large White ve Francii. *ESR* genotyp nevykazoval průkazný efekt na velikost vrhu v žádné z linií. Průměrný aditivní efekt alely *B* byl odhadnut na 0,16 všech narozených selat ve vrhu.

Rothschild *et al.* (1996) zjistil u prasnic syntetické linie s 50 % podílem plemene Meishan o 2,3 selete v prvním vrhu (n=161) více u prasnic s genotypem *BB* a o 1,5 selete na všech vrzích (n=276) více u prasnic s genotypem *BB* v porovnání s vrhy prasnic genotypu *AA*. U prasnic plemene Large White s genotypem *BB* byl počet všech i živě narozených selat oproti genotypu *AA* vyšší o 1,2 selete na prvním vrhu (n=1079) a o 0,9 selete na všech vrzích (n=1912). Analýzy produkčních vlastností (průměrný denní přírůstek v testu, výška hřbetního tuku) ani počet funkčních struků neprokázaly průkaznou souvislost s genotypy *ESR*.

U souboru dat zahrnujících celkem 9 015 vrhů od 4 262 prasnic čtyř PIC linií (tři založené pouze na plemeni Large White, jedna syntetická s 25 % podílem Large White a 75 % podílem plemene Duroc) zjistil Short *et al.* (1997) vysoce průkazný rozdíl mezi počtem všech a živě narozených selat u prvních vrhů prasnic všech genotypů *ESR*. Pro ukazatele všech i živě narozených selat ve vrhu byl zjištěn aditivní efekt alely *B* 0,4 (0,3 na dalších vrzích). Dominantní efekt byl neprůkazný u prvních vrhů, průkazný u vrhů dalších. Při analýze ukazatelů produkčních vlastností (více než 26000 prasniček a kanečků) byl zjištěn vysoce průkazný negativní aditivní efekt alely *B* na výšku hřbetního tuku ve výši - 0,11 mm, průkazný aditivní i dominantní efekt (oba - 0,05) na počet struků a neprůkazný negativní vztah alely *B* k přírůstku v testu.

Southwood *et al.* (1998) našli vysoce průkazný aditivní efekt *ESR* alely *B* 0,71 všech a 0,54 živě narozených selat na vrh u prvních vrhů prasnic s 50 % podílem plemene Meishan a 50 % podílem jiných plemen (Large White, Landrase nebo Duroc). Na dalších vrzích nebyl průkazný efekt zaznamenán.

Southwood *et al.* (1999) zjistil u prasnic (n = 381) tří linií založených na plemeni Landrase neprůkazné efekty *ESR* na velikost vrhu: s každou kopií alely *B* bylo ve vrhu o 0,44 všech a o 0,52 živě narozených selat více.

Depuydt *et al.* (1999) nezjistil mezi *PvuII* polymorfismem a daty plodnosti 144 prasnic plemen Belgická landrase, Belgické černé, komerční linie a F1 prasnic těchto plemen ve třech komerčních chovech žádný průkazný vztah.

Drögemüller *et al.* (1999) analyzoval vliv *ESR* genu jako QTL pro velikost vrhu v populaci Německé landrase. U 709 prasniček pocházejících po 27 kancích a 542 prasnicích nenalezl žádný *PvuII* polymorfismus.

Také Drögemüller *et al.* (2001) u prasnic plemene Německá landrase (n = 1672) a plemene Duroc (n = 214) zjistil pouze genotypy *AA*. U syntetické linie (Duroc x Large White, n=273) zjistil mezi genotypy *AA* a *AB* rozdíl 0,14 živě narozených selat, aditivní

a dominantní efekt nemohl být vyčíslen vzhledem k nulovému zastoupení genotypů *BB*. Neprůkazné rozdíly mezi genotypy byly zjištěny také pro výšku hřbetního tuku a průměrný denní přírůstek.

Linville *et al.* (2001) analyzoval vztah alel *ESR* u linie IOL (selektované po 8 generací na ovulační poměr a přežitelnost embryí a 4 generace na ovulační poměr a velikost vrhu), u linie C (Landrase x Large White selektované po 16 generací náhodně) a u linie COL (linie C selektovaná po 8. generaci na ovulační poměr a velikost vrhu). Mezi všemi liniemi byl průkazný rozdíl v počtu ovulovaných vajíček. Aditivní ani dominantní efekt *ESR* nebyly pro vlastnosti ovulační poměr, počet všech, živě a mrtvě narozených selat a mumifikovaných selat průkazný.

Leeds *et al.* (2002) analyzovali vztah *ESR* k počtu struků, individuální porodní hmotnosti selat, hmotnosti vrhu při odstavu, průměrnému dennímu přírůstku a výšce hřbetního tuku u 724 prasnic a kanečků plemen Large White, Yorkshire a jejich reciprokových kombinací. *ESR* genotyp měl průkazný vliv na výšku hřbetního tuku, který byl u zvířat s jednou kopií alely *B* o 0,155 cm vyšší. Efekt *ESR* na individuální hmotnost selat byl blízky této hladině průkaznosti.

Gibson *et al.* (2002) nezjistili vztah mezi genotypy *ESR* a reprodukčními ukazateli (věk při prvním zapuštění, počet žlutých tělísek zjištěných laparoskopií, délka březosti, počet všech a živě narozených selat na prvním a druhém vrhu) u prasnic F_2 (n=220) Large White x Meishan.

Steinheuer *et al.* (2002) našel u 125 prasnic plemene Německá landrase pouze genotypy obsahující alelu *A*.

Kmiec *et al.* (2002) publikoval u plemenic Polská landrase (n = 207) frekvenci alely *B* 0,06 bez zastoupení genotypu *BB*. Analýza vztahu mezi genotypy *ESR* a znaky reprodukce ukázala statisticky neprůkazné rozdíly mezi prasnicemi obou genotypů.

Noguera *et al.* (2003) u 287 prasnic dvou linií Landrase ve Španělsku našel obě alely *ESR-PvuII* včetně prasnic genotypů *BB*. Nalezený polymorfismus průkazně neovlivňoval hodnocené vlastnosti velikosti vrhu.

Analýzou vztahu *ESR-PvuII* k velikosti vrhu v České republice se zabývalo několik autorů. Putnová *et al.* (2001) nenalezla u 306 prasnic plemene Bílé ušlechtilé, 143 prasnic plemene Landrase, 46 prasnic plemene Norská landrase a 46 hybridních prasnic statisticky průkazný vztah mezi *ESR* a počtem všech narozených, živě narozených a dochovaných selat. U plemene Landrase byla vyšší užitkovost zaznamenána u prasnic genotypu *AB*. Podobná

tendence vyšší užitkovosti spojené s alelou *B* byla zaznamenána u prasnic plemene Bílé ušlechtilé.

Matoušek *et al.* (2003) analyzoval vztah *ESR* genotypů k ukazatelům velikosti vrhu u prasnic ve dvou šlechtitelských chovech ($n_1=137$, $n_2=82$). Zatímco v jednom chovu byl zaznamenán průkazně vyšší počet všech a živě narozených i dochovaných selat na všech a na druhých a dalších vrzích u prasnic genotypu *BB*, ve druhém chovu byly sledované reprodukční ukazatele na druhých a dalších vrzích vyšší u prasnic genotypu *AA*. Rozdíl v pozitivním vztahu alel *ESR* k reprodukčním ukazatelům všech a živě narozených i dochovaných selat zaznamenala mezi dvěma nukleovými chovy také Křížová *et al.* (1999).

Omelka (2003) našel u menších datových souborů plemene Bílé ušlechtilé na Slovensku průkazné rozdíly počtu všech narozených selat mezi prasnicemi genotypu *AB* a *AA*, s vyšší užitkovostí u prasnic genotypu *AB*. U plemene Landrase byla pozorována u všech reprodukčních ukazatelů vyšší užitkovost prasnic genotypu *AB*. Je však třeba poznamenat, že četnosti vyhodnocovaných vrhů u zvířat genotypu *AB* byly ale relativně nízké ($n=88$) v porovnání s četností vrhů prasnic genotypu *AA* ($n=447$).

Isler *et al.* (2002) nezjistili průkazné asociace mezi *ESR* - *PvuII* a fyziologickými znaky souvisejícími s velikostí vrhu (ovulační poměr, délka děložních rohů, počet plodů, hmotnost plodů, hmotnost děloh, počet mumií, fetální přežitelnost a fetální rozmístění). Experiment byl proveden u 107 plemenic Large White, Landrase, Large White x Landrase zapuštěných kanci plemene Hampshire a zabitych 75. den gestace. Některé znaky (fetální přežitelnost, celková délka dělohy, celková fetální hmotnost, celkový počet mumifikovaných, počet plodů na roh, délka rohů a rozmístění plodů) vykazovaly s každou kopií alely *B* vyšší, ale neprůkazné hodnoty.

Velmi komplexně se vztahem *PvuII* polymorfismu *ESR* ke komponentám velikosti vrhu zabývali Van Rens *et al.* (2000, 2002), Van Rens (2001) a Van Rens a Van der Lende (2002). Van Rens *et al.* (2000) u 79 prasnic syntetické linie Meishan x Landrase nezjistili žádné rozdíly v počtu žlutých tělísek ani v počtu vitálních 35 – 36 denních embryí. Rozdíl v kapacitě dělohy ani v kapacitě dělohy vztažené k počtu embryí nebyl průkazně rozdílný mezi oběma homozygotními genotypy. Rozdílná byla velikost placenty - embrya prasnic s genotypem *BB* měly průkazně větší placentu v porovnání s placentou embryí prasnic genotypu *AA*. Tyto poznatky vedly autory k závěru, že rozdíly v počtu narozených selat jsou závislé na mortalitě plodů prasnic různých genotypů *ESR*. Zatímco počet žlutých tělísek

a přežitelnost embryí byla pro homozygotní genotypy stejná, procento implantačních míst bylo vyšší u prasnic s genotypem *AA*. Tento poznatek vedl k domněnce, že embryonální mortalita je vyšší u prasnic genotypu *BB*. Autoři dále zjistili, že rozdílné genotypy nemají vliv na délku estru, parametry hladin lutropinu, estradiolu a progesteronu, hmotnost ovaríí ani na hmotnost a délku embryí.

U stejného experimentálního souboru Van Rens (2001) zkoumala do jaké míry se na komponentách velikosti vrhu a morfologických znacích plodů podílí genotyp matky a do jaké míry genotyp plodů. Z výsledků vyplývá, že genotyp prasnice v kombinaci s genotypem selete neovlivňoval fetální hmotnost a délku, hmotnost a délku placenty a velikost povrchu implantačních míst. Genotyp selete ovlivňoval hmotnost srdce a podle autorů mohl být ve vztahu k rozdílům ve vaskularizaci placenty. Procento *AA-AA* plodů, které nedosáhly maximálního potenciálu růstu bylo vyšší než u ostatních kombinací genotypů.

Efekt vztahu polymorfismu *ESR* k velikosti prvního vrhu 275 F_2 Meishan x Large White prasnic zkoumali Van Rens *et al.* (2002). Zjistili průkazně vyšší velikost vrhu u prasnic genotypu *AB* ve srovnání s prasnicemi *AA* a *BB* genotypu. Na rozdíl od předchozích studií byla alela *A* „prospěšnější“ pro velikost vrhu a pro počet všech a živě narozených selat. Délka březosti ani počet struků prasnic nebyly polymorfismem *ESR* ovlivněny. Selata prasnic genotypu *BB* měla nižší hmotnost než selata prasnic genotypu *AA* a *AB*. U 63 prasnic byly zjišťovány také některé morfologické a fyziologické znaky placent. Průměrná délka placenty, povrchová plocha, hmotnost včetně amnionu ani hmotnost placenty bez amnionu nebyly s *ESR* genotypy asociovány. Placenty prasnic *AB* genotypu měly průkazně nižší počet areol než placenty *BB* prasnic, počet areol na cm^2 byl vyšší než u prasnic obou homozygotních genotypů. Na základě tohoto zjištění autoři předpokládali, že polymorfismus major genu vázaného s *ESR* může ovlivňovat vývoj a aktivitu endometriálních žláz.

U stejného datového souboru (oproti předchozí práci bylo zahrnuto pouze 62 prasnic F_2 Large White x Meishan) Van Rens a Van der Lende (2002) zkoumali možnost, zda *ESR* genotyp selete v rámci genotypu matky ovlivňuje znaky placenty, hmotnost při narození a předodstavový růst. Genotyp selete v rámci genotypu matky neovlivňoval placentální délku ani povrch. Genotypem selete v rámci genotypu matky byla ovlivněna velikost amnionu, hmotnost placenty po zahrnutí regrese na její povrch, hmotnost selat vztažená k hmotnosti placenty a hmotnost selat vztažená k počtu endometriálních žláz. U alely *A* pozitivně ovlivňující velikost vrhu (Van Rens *et al.*, 2002) byla zjištěna negativní asociace k předodstavovému růstu selat.

Tab. 1 Přehled publikovaných prací, ve kterých byl testován vztah genotypů a alel *ESR* k velikosti vrhu

Plemeno (linie)	n ¹	n ²			všech narozených selat ve vrhu					živě narozených selat ve vrhu					vrh	autor
		AA	AB	BB	AA	AB	BB	a ³	d ⁴	AA	AB	BB	a ³	d ⁴		
50 % US line / 50 % MS (sestry)	85	32	41	12	10,9^c	12,4^d	12,2^{cd}	0,65	0,85	10,4	11,4	11,8	0,70	0,30	1	Rothschild et al. (1994)
MS syntetická linie (sestry)	207	75	94	38	11,2^a	12,5^b	13,5^b	1,15^{**}	0,15	10^a	11,1^b	12,3^b	1,13^{**}	-0,05	1	Rothschild et al. (1995)
		50	80	35	11,8	12,6	12,7	0,50	0,35	11,3	11,6	11,3	0,04	0,30	> 1	
LW linie (sestry)	1751	674	652	425	9,7^c	10,1^d	10,4^d	0,4^{**}	0,05	8,9	9,2	9,5	0,39 ^{**}	0,00	1	
		541	595	405	10,2^a	11,0^b	10,8^{ab}	0,5^{**}	0,5[*]	9,0^a	9,9^b	9,9^{ab}	0,41^{**}	0,38	> 1	
L93 50 % UK / 50 % MS synt.l.(sestry)	62	20	24	18	10,53^c	12,64^d	13,39^d	1,43^{**}	0,68	9,28^c	10,97^{cd}	11,88^d	1,3 ^{**}	0,29	1	Southwood et al. (1995)
		25	35	17	11,97	12,63	12,95	0,49	0,17	10,7	11,1	9,69	-0,51	0,91	> 1	
L93 50 % UK / 50 % MS synt.l.	211							0,88 [*]					0,79 [*]		1	
								0,54 [*]					0,32		> 1	
linie na bázi Large White (linie a)	105							-0,34					-0,35		1	
								0,63					0,62		> 1	
linie na bázi Large White (linie b)	107							-0,82					-0,98		1	
								-0,32					-0,45		> 1	
linie na bázi Large White (linie c)	333							-0,15					-0,15		1	
								0,20					0,29		> 1	
LW Hyper, LW Temoin	102	82	267	109	13,53	13,68	13,84			12,28	12,12	12,75			> 0	Legault et al. (1996)
MS syntetická l.	161	62	73	26	10,1^a	11,4^b	12,4^b	1,20	0,20	9,1^a	10,5^b	11,4^b	1,20	0,20	1	Rothschild et al. (1996)
		98	125	53	11,0^a	12,4^b	12,5^b	0,90	0,70	10,2^a	11,5^b	11,7^b	0,80	0,60	> 0	
LW linie	1079	444	391	244	9,5^c	9,9^{cd}	10,7^d	0,60	-0,20	8,7^c	9,2^{cd}	9,9^d	0,60	-0,10	1	
		759	677	476	9,8^a	10,4^b	10,7^b	0,50	0,20	9,0^a	9,5^b	9,9^b	0,50	0,00	> 0	

Pokračování tabulky na str. 31

Tab. 1 Přehled publikovaných prací, ve kterých byl testován vztah genotypů a alel *ESR* k velikosti vrhu (pokračování)

Plemeno (linie)	n ¹	n ²			všech narozených selat ve vrhu					živě narozených selat ve vrhu					vrh	autor
		AA	AB	BB	AA	AB	BB	a ³	d ⁴	AA	AB	BB	a ³	d ⁴		
LW linie	4262	B freq. 0,51			10,14 ^a	10,59 ^b	10,97 ^c	0,42 ^{**}	0,04	9,42 ^a	9,87 ^b	10,23 ^c	0,39 ^{**}	0,05	1	Short et al. (1997)
					11,36 ^a	11,86 ^b	12,04 ^b	0,31 ^{**}	0,16 [*]	10,03 ^a	10,51 ^b	10,71 ^b	0,31 ^{**}	0,14 [*]	> 1	
MS syntetická l. (50 % LW nebo L nebo D)	683				11,1 ^c	11,56 ^c	12,51 ^d	0,71 ^{**}	-0,25	10,24 ^c	10,52 ^c	11,31 ^d	0,54 [*]	-0,26	1	Southwood et al. (1998)
					13,65	13,89	13,83	0,09	0,15	12,63	12,77	12,4	-0,12	0,26	> 1	
BL, BN, komerční hybrid, F ₁ LW x L	149	101	28	5	8,7	8,6	9,6			9,36	9,13	10,6			1	Depuyt (1999)
					9,69	10,69	9,4			10,56	11,11	9,8			2	
					9,59	9,59	9,07			10,3	10,29	9,6			>0	
linie na bázi L	381				0,44				0,52					Southwood et al. (1999)		
linie něm. plemen	273	219	54	0					0 ⁺⁺	0,05 ⁺⁺				1	Drogemuller et al. (2001)	
		713	165	0					0 ⁺⁺	0,14 ⁺⁺						
F ₂ MS x LW	181				2,11 ⁺	0,51 ⁺	0 ⁺			1,61 ⁺	0,44 ⁺	0 ⁺			1	Gibson et al. (2002)
	119				-1,33 ⁺	0,01 ⁺	0 ⁺			-1,41 ⁺	0,09 ⁺	0 ⁺			2	
Polská landrase	207	183	24	-	10,39	10,07	-							1	Kmiec et al. (2002)	
F ₂ LW x MS	275	73	126	76	11,38 ^{cd}	11,88 ^c	10,68 ^d			10,45 ^{cd}	11,07 ^c	9,85 ^d			1	Van Rens et al. (2002)

MS – plemeno Meishan, LW – plemeno Large White, L – plemeno Landrase, D – plemeno Duroc, BL – plemeno Belgická landrase, BN – plemeno Belgické černé

¹ počet prasnic² počet vrhů³ aditivní efekt alely *B*⁴ dominantní efekt *ESR*^{a,b,c} rozdílné exponenty v tomtéž řádku se liší s $P < 0,01$ ^{c,d} rozdílné exponenty v tomtéž řádku se liší s $P < 0,05$ ^{*} efekt rozdílný od nuly s $P < 0,05$ ^{**} efekt rozdílný od nuly s $P < 0,01$ ⁺ LSM vyjádřen jako odchylka od genotypu *BB*⁺⁺ LSM vyjádřen jako odchylka od genotypu *AA*

4. MATERIÁL A METODIKA

4.1. DATOVÉ SOUBORY

Soubory dat reprodukce a vlastní užitkovosti včetně informací o genotypch *ESR*, data matice příbuznosti i soubory dat plemenných hodnot využitě k analýze pocházely z databáze Svazu chovatelů prasat v Čechách a na Moravě.

Genotypy *ESR-PvuII* plemenic byly určovány v rámci tvorby superplodné linie prasat mateřských plemen, genotypy kanců u kanců mateřských plemen po základním výběru. Kontrola užitkovosti reprodukčních vlastností a vlastní užitkovosti byla prováděna podle vyhlášky MZe 471/2000 Sb. a metodického pokynu Svazu chovatelů prasat v Čechách a na Moravě k tvorbě superplodné linie prasat. Celkem bylo v databázi evidováno 714 kanců a 1587 plemenic mateřských plemen se známým genotypem *ESR-PvuII*.

K vyhodnocení asociací *ESR* s užitkovostí byly využity dva datové soubory s údaji reprodukce a produkčních vlastností plemenic se stanoveným genotypem *ESR*.

V datovém souboru 1 byl vyhodnocován efekt *ESR* na vlastnosti:

- ADG - Průměrný denní přírůstek (g/den) vypočítaný jako podíl hmotnosti na konci polního testu unifikované testace a věku na konci testu. Hmotnost na konci testu se pohybovala v rozmezí 70 až 110 kg.
- LM – Podíl libového masa (%) vypočítané z hodnot sonografického měření, bez korekce na živou hmotnost.
- NBA1 – Počet živě narozených selat na prvních vrzích
- NBA 2 - Počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích

V datovém souboru 2 byly analyzovány reprodukční vlastnosti na všech vrzích:

- TNB - Počet všech narozených selat
- NBA – Počet živě narozených selat
- NW – Počet dochovaných selat (v 18 – 24 dnech)
- LWW – Hmotnost vrhu při dochovu (v 18 - 24 dnech)

Základní statistické charakteristiky vyhodnocovaných vlastností jsou pro plemeno Bílé ušlechtilé shrnuty v tabulce č. 2, pro plemeno Landrase v tabulce č. 3.

Tab. 2 Počet pozorování, průměry a směrodatné odchylky pro jednotlivé znaky datového souboru 1 a 2 u plemene Bílé ušlechtilé

Znak	n	Průměr	SD
<i>Datový soubor 1</i>			
Průměrný denní přírůstek (g/den)	1253	625	58,6
Libové maso (%)	1253	61,4	1,90
Počet živě narozených selat na prvních vrzích	1030	12,00	2,157
Počet živě nar. selat na druhých a dalších vrzích	2680	12,46	2,348
<i>Datový soubor 2</i>			
Počet všech narozených selat	3597	13,10	2,383
Počet živě narozených selat	3597	12,38	2,236
Počet dochovaných selat	3595	10,86	1,994
Hmotnost vrhu při dochovu (kg)	1514	59,3	13,14

Tab. 3 Počet pozorování, průměry a směrodatné odchylky pro jednotlivé znaky u plemene Landrase

Znak	n	Průměr	SD
Průměrný denní přírůstek (g/den)	334	670	75,1
Libové maso (%)	334	61,9	1,67
Počet živě narozených selat na prvních vrzích	222	12,50	2,073
Počet živě nar. selat na druhých a dalších vrzích	428	13,17	2,288
Počet všech narozených selat	650	13,88	2,416
Počet živě narozených selat	650	12,94	2,238
Počet dochovaných selat	650	11,28	1,892
Hmotnost vrhu při dochovu (kg)	437	64,1	11,02

U plemene Bílé ušlechtilé byly v datových souborech evidovány údaje o reprodukční užitkovosti 1030 prasnic ve 29 chovech a údaje o vlastní užitkovosti 1253 prasnic a prasniček ve 34 chovech. Zastoupení dat reprodukce a vlastní užitkovosti bylo v jednotlivých chovech poměrně rozdílné (tabulka č. 4). Více než 69 % reprodukčních dat bylo soustředěno do 11 chovů s nejméně 30 prasnicemi známého genotypu *ESR* a téměř 81 % produkčních dat do 13 chovů s více než 30 plemenicemi.

Tab. 4 Variabilita zastoupení dat v chovech plemene Bílé ušlechtilé

Data produkčních vlastností			
Průměrný počet plemenic v chovech		36,85	
Počet chovů a % podíl dat v chovech s více než:			
	10 plemenicemi	25 chovů	98 % dat
	20 plemenicemi	18 chovů	90 % dat
	30 plemenicemi	13 chovů	81 % dat
Data reprodukce			
Průměrný počet prasnic a vrhů chovech		35,59	124,03
Počet chovů a % podíl dat v chovech s více než:			
	10 prasnicemi	25 chovů	98 % vrhů
	20 prasnicemi	17 chovů	84 % vrhů
	30 prasnicemi	11 chovů	69 % vrhů

U plemene Landrase byly evidovány údaje o reprodukci u 222 prasnic a údaje produkčních vlastností 334 prasnic a prasniček v 8 chovech.

K vyhodnocení asociací genotypů *ESR* plemenic s plemennými hodnotami byly využity soubory plemenných hodnot obsahující plemenné hodnoty za přírůstek, hlavní masité části a počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích. K analýze byly využity plemenné hodnoty z dubna 2003 a března 2004. Použité plemenné hodnoty nebyly korigovány na bázi zvířat narozených v roce 1995.

4.2. DETEKCE GENOTYPŮ

Genotypy *ESR-PvuII* byly určovány v molekulárně genetické laboratoři LamGen MZLU v Brně ze vzorků krve modifikovanou metodikou PCR-RFLP podle Shorta *et al.* (1997). K zamezení kolaguace po odběru byla krev odbírána do zkumavek s EDTA. Leukocyty byly izolovány z 50 μ l krve promýváním TE pufrem (10 mM Tris-HCl, pH 8, 1 mM EDTA) ve zkumavkách Eppendorff 1,5 ml. Promývání bylo provedeno minimálně 3x tak, aby vzorek nebyl červeně zbarven. Při každém promytí bylo použito 500 μ l TE pufaru, vzorek byl promíchán a odstředěn při 14 000 ot. po dobu 1 min. Slitím supernatantu byl získán sediment obsahující leukocyty krve. DNA k analýze byla získána lýzou leukocytů ve 100 μ l lyzačního pufaru (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8,3; 2,5 mM MgCl₂; 0,5 % Tween 20) s proteinázou K (100 mg/ml) po 2 – 10 hod. inkubaci při 54 °C.

Vzorek DNA byl připraven smícháním 5 μ l lyzátu s vodou v poměru 1:1. Každý vzorek byl překryt vrstvou cca 15 μ l parafinového oleje. Po zahřátí vzorku na teplotu 94 °C po dobu 2 min byl k DNA přidán master-mix (1x PCR buffer, 25 mM MgCl₂, 200 μ M každého dNTP, 5 pmol každého primeru, 0,7 U *Taq* DNA polymeráza). Následovalo 30 cyklů složených z denaturace 95 °C 45 s, annealingu 60 °C 60 s a elongace 72 °C 30 s. PCR byla ukončena při 72 °C po dobu 4 minut.

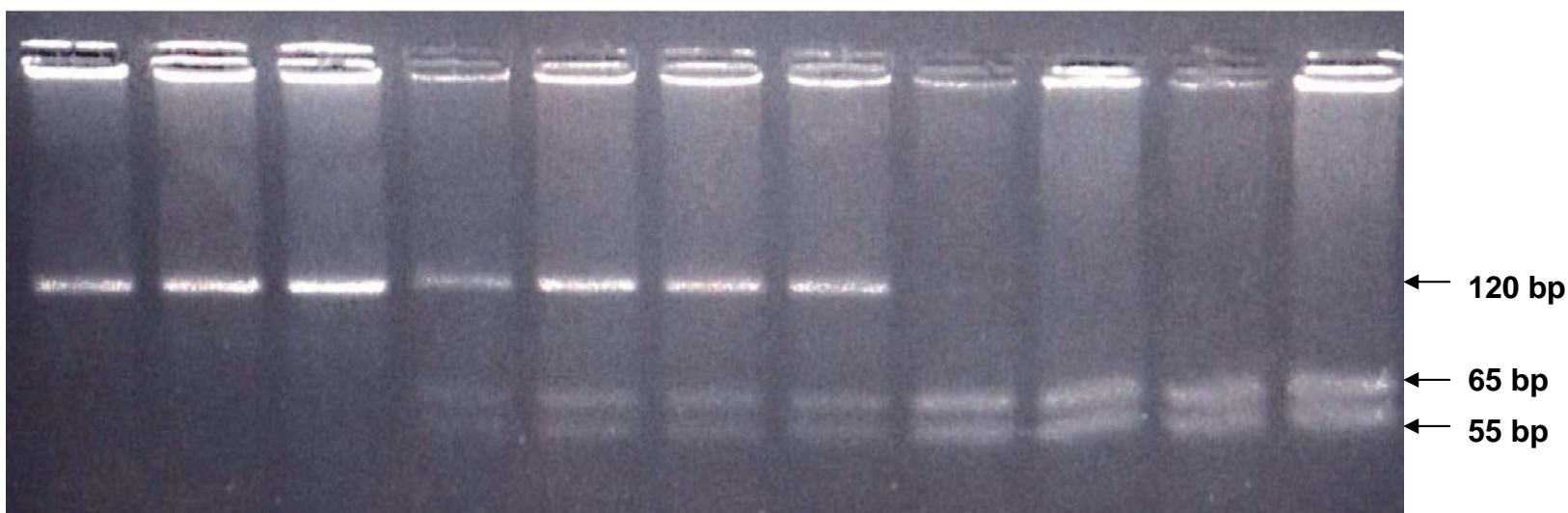
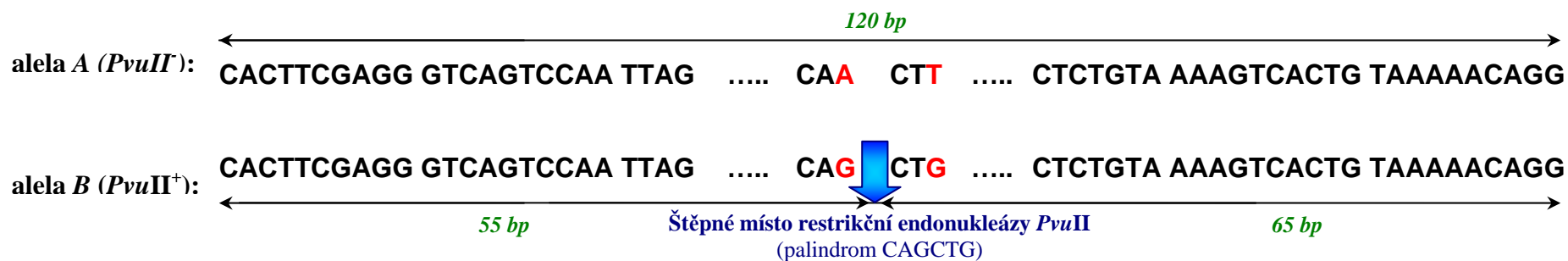
Štěpení PCR produktu proběhlo při 37 °C po dobu 3 hod s restriční endonukleázou *PvuII* (MBI Fermentas). PCR produkt o délce 120 bp byl v přítomnosti alely *B* rozštěpen na fragmenty délky 55 a 65 bp, zatímco v přítomnosti alely *A* zůstal nerozštěpen. Elektroforéza fragmentů probíhala ve 4 % agarózovém gelu obarveném ethidium bromidem v 0,5x TBE pufaru. Genotypy byly analyzovány v UV světle na transluminátoru.

V České republice je pro označení alel *ESR* využíváno označení *C* a *D*. V této práci jsou alely označovány podle původní metodiky jako *A* pro alelu *PvuII* (alela *C*) a *B* pro alelu *PvuII*⁺ (alela *D*).

Znázornění amplifikované oblasti s polymorfním restričním místem včetně vyhodnocení PCR-RFLP pro jednotlivé genotypy je uvedeno na obrázku č. 5.

Obr. 5 POLYMORFISMUS RESTRIKČNÍCH FRAGMENTŮ *ESR-PvuII*

Adenin (A) a thymin (T) jsou v alele *B* nahrazeny guaninem (G) /červeně/, čímž vzniká cílová sekvence pro restriční endonukleázu *PvuII*, ve které štěpí vlákno DNA /modrá šipka/. Ze 120 bp dlouhého PCR produktu vznikají fragmenty o délce 55 a 65 bp /zeleně/. Získané fragmenty jsou elektroforeticky odděleny na agarózovém gelu /fotografie LAMGEN MZLU v Brně/.



Genotypy: AA AA AA AB AB AB AB BB BB BB BB

4.3. STATISTICKÁ ANALÝZA

4.3.1. Výpočet frekvencí genotypů a alel

Ze zjištěných absolutních četností genotypů byla stanovena jejich relativní četnost jako procentuální vyjádření absolutních četností vzhledem k celkovému počtu genotypovaných zvířat. Frekvence alely *A* byla vypočítána podle vzorce $(2n_{AA} + n_{AB}) / 2n$, frekvence alely *B* jako $(2n_{BB} + n_{AB}) / 2n$.

Zjištěné frekvence genotypů *ESR* byly porovnány s frekvencemi očekávanými podle zákona Hardy-Weinberga. Homogenita frekvencí byla posouzena χ^2 testem podle vzorce $\chi^2_n = \sum [(P_{ij} - P_{ij}^*)^2 / P_{ij}^*]$, kde P_{ij} je skutečná frekvence výskytu genotypu *j*, P_{ij}^* je očekávaná frekvence výskytu genotypu *j*, *i* je počet porovnávaných genotypů a *n* počet stupňů volnosti.

4.3.2. Vyhodnocení asociace *ESR* polymorfismu s produkčními a reprodukčními vlastnostmi a plemennými hodnotami

K vyhodnocení efektu *ESR* na užitkové vlastnosti byly provedeny analýzy:

- Analýza aditivních a dominantních efektů *ESR* na produkční a reprodukční vlastnosti, kdy reprodukce na prvních a na druhých a dalších vrzích byla hodnocena jako samostatná vlastnost (vyhodnocení datového souboru 1).
- Analýza aditivních a dominantních efektů *ESR* na reprodukční vlastnosti, kde reprodukce na druhých a dalších vrzích byla hodnocena jako opakující se vlastnost reprodukce na prvních vrzích (vyhodnocení datového souboru 2).
- Vyhodnocení gametického imprintingu *ESR* u dat heterozygotních prasnic se známým původem alely *B*.
- Vyhodnocení aditivních a dominantních efektů *ESR* na produkční a reprodukční vlastnosti ve vybraných chovech splňujících minimální požadavky na počet genotypovaných zvířat.
- Vyhodnocení asociace *ESR* genotypů s plemennými hodnotami za přírůstek, hlavní masité části a počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích.

Pro každou analýzu asociací *ESR* s užitkovými vlastnostmi bylo nejprve provedeno vyhodnocení rozdílů mezi fenotypovými průměry za jednotlivé genotypy. Toto vyhodnocení

bylo doplněno analýzou efektů *ESR* (aditivní a dominantní efekt, gametický imprinting) na hodnocené vlastnosti animal modely. K odhadům efektů *ESR* a k určení středních chyb odhadů bylo využito přímého řešení inverzí matice soustavy (SMP solver) v programu PEST (Groeneveld *et al.*, 1990).

Aditivní i dominantní efekty *ESR* byly vypočítány jako lineární regrese spojitě proměnné. Aditivní efekt počítaný jako polovina difference mezi efekty homozygotních genotypů [$a=(BB-AA)/2$] vyjadřoval rozdíl mezi efekty alel *B* a *A* [$a=B-A$]. Dominantní efekt byl definován jako kontrast vyjadřující odchylku efektu heterozygotního genotypu od průměru efektů homozygotních genotypů: $AB-(AA+BB)/2$. Efekt imprintingu vyjadřoval skutečnost, zda heterozygotní prasnice zdědila alelu *B* od otce nebo od matky. U aditivních, dominantních efektů a imprintingu byla testována statistická průkaznost rozdílu těchto efektů od nuly.

Ke zjištění statistické průkaznosti rozdílů mezi fenotypovými průměry za jednotlivé genotypy *ESR* i pro posouzení asociací genotypů s plemennými hodnotami byl využit t-test podle Welche (1947).

4.3.2.1. Vyhodnocení efektu *ESR* k produkčním vlastnostem a k reprodukčním vlastnostem zvláště na prvních a na druhých a dalších vrzích

K vyhodnocení efektu *ESR* k průměrnému dennímu přírůstku od narození do konce testu, procentu libového masa, počtu živě narozených selat na 1. vrhu a počtu živě narozených selat na 2. a dalších vrzích byl využit čtyřznakový animal model se strukturou rovnic odvozenou od modelu využívaného v České republice k rutinnímu odhadu plemenné hodnoty (Peškovičová *et al.*, 2002).

K vyhodnocení byly použity čtyři modely lišící se typem (pevný nebo náhodný) efektu stádo-rok-období (sro) a zahrnutím nebo nezahrnutím dominantního efektu (tabulka č. 5):

- Model 1 – sro náhodný, bez dominantního efektu
- Model 2 – sro pevný, bez dominantního efektu
- Model 3 – sro náhodný, s dominantním efektem
- Model 4 – sro pevný, s dominantním efektem

K výpočtům byly využity genetické parametry podle Wolfa *et al.* (1999) (tabulka č. 6).

Tab. 5 Čtyřznakové animal modely použité pro vyhodnocení efektů *ESR* na hodnocené vlastnosti v datovém souboru 1 (u efektů jejichž zastoupení se liší v různých modelech vyjadřuje dolní index číslo modelu, ve kterém byl efekt v uvedeném typu zahrnut, ostatní efekty byly zahrnuty v uvedeném typu v každém z modelů)

Efekt	Typ efektu pro vlastnost			
	ADG	LM	NBA 1	NBA 2
ESR_A	C	C	C	C
ESR_D	- 1,2 C 3,4	- 1,2 C 3,4	- 1,2 C 3,4	- 1,2 C 3,4
FEED_T	F	F	-	-
Y-S_FT	F	F	-	-
HERD	R	R	-	-
LITTER	R	R	-	-
WEIGHT	-	C	-	-
AGE	-	-	C	-
AGE 2	-	-	C	-
MAT_T	-	-	F	F
BR_BOAR	-	-	F	F
HYS	-	-	R 1,3 F 2,4	R 1,3 F 2,4
FARR_INT	-	-	-	C
FARR_INT 2	-	-	-	C
PARITY	-	-	-	F
PERM	-	-	-	R
ANIMAL	A	A	A	A

hodnocené vlastnosti: ADG – průměrný denní přírůstek od narození, LM – podíl libového masa (%), NBA1 – počet živě narozených selat na prvním vrhu, NBA2 – počet živě narozených selat na 2. a dalších vrzích.

typ efektu: C – doprovodná spojitá proměnná, F – fixní efekt, R – náhodný efekt prostředí, A – náhodný genetický efekt

efekty: ESR_A – aditivní efekt *ESR*, ESR_D – dominantní efekt *ESR*, FEED_T – způsob krmení v testu (restringovaně, ad libitum), Y-S_FT – sdružený efekt rok–odobí testu produkčních vlastností, HERD – efekt chovu, ve kterém byla měřena produkční užitkovost, WEIGHT – hmotnost dosažená na konci testu vlastní užitkovosti, LITTER – pořadí vrhu, ze kterého zvíře pochází, AGE a AGE 2 – věk a čtverec věku při prvním vrhu, MAT_T – typ připuštění (inseminace nebo přirozená plemenitba), BR_BOAR – plemeno připouštěného kance, HYS – sdružený efekt stádo–rok–období vrhu (sro), FARR_INT a FARR_INT2 – délka mezidobí a čtverec délky mezidobí, PARITY – pořadí vrhu, PERM – efekt permanentního prostředí prasnice, ANIMAL – náhodný genetický efekt zvířete.

Tab. 6 Koeficienty heritability a genetické korelace využívané k vyhodnocení efektů *ESR* v datovém souboru 1 (Wolf *et al.*, 1999)

	ADG	LM	NBA 1	NBA 2
ADG	0,17	- 0,16	- 0,03	- 0,09
LM		0,47	0,09	- 0,05
NBA 1			0,15	0,77
NBA 2				0,13

Koeficienty heritability jsou pro jednotlivé vlastnosti uvedeny na diagonále, genetické korelace mezi vlastnostmi nad diagonálou. Použité symboly viz tabulka č. 5.

4.3.2.2. Vyhodnocení efektu *ESR* k reprodukčním vlastnostem na všech vrzích

V datovém souboru 2 byla zjišťována asociace *ESR* (aditivní efekt, dominantní efekt, gametický imprinting) pouze s reprodukčními vlastnostmi. Při vyhodnocení byla reprodukční užitkovost na druhých a dalších vrzích hodnocena jako opakující se vlastnost reprodukce na prvním vrhu. Byl využit čtyřznakový animal model zahrnující vlastnosti počet všech narozených selat, počet živě narozených selat, počet dochovaných selat a hmotnost vrhu při dochovu.

Tak jako v předchozích případech byl při vyhodnocování datového souboru efekt *ESR* hodnocen čtyřmi modely lišícími se zahrnutím pevného nebo náhodného efektu stáda-roku-období a zahrnutím nebo nezahrnutím dominantního efektu *ESR* (tabulka č. 7):

- Model 5 – sro náhodný, bez dominantního efektu
- Model 6 – sro pevný, bez dominantního efektu
- Model 7 – sro náhodný, s dominantním efektem
- Model 8 – sro pevný, s dominantním efektem

K výpočtům byly využity genetické parametry podle Wolfa *et al.* (2002a, b) (tabulka č. 8).

Tab. 7 Čtyřznakové animal modely použité pro vyhodnocení efektů *ESR* na hodnocené vlastnosti v datovém souboru 2 (u efektů jejichž zastoupení se liší v různých modelech vyjadřuje dolní index číslo modelu, ve kterém byl efekt v uvedeném typu zahrnut, ostatní efekty byly zahrnuty v uvedeném typu v každém z modelů)

Efekt	Typ efektu pro vlastnost			
	TNB	NBA	NW	LWW
ESR_A	C	C	C	C
ESR_D	- 5,6 C 7,8	- 5,6 C 7,8	- 5,6 C 7,8	- 5,6 C 7,8
COV	C	C	C	C
COV 2	C	C	C	C
LITTER_AGE	-	-	-	C
MAT_T	F	F	F	F
BR_BOAR	F	F	F	F
HYS	R 5,7 F 6,8	R 5,7 F 6,8	R 5,7 F 6,8	R 5,7 F 6,8
PARITY	F	F	F	F
PERM	R	R	R	R
ANIMAL	A	A	A	A

Hodnocené vlastnosti: TNB – počet všech narozených selat, NBA – počet živě narozených selat, NW – počet dochovaných selat, LWW – hmotnost vrhu při dochovu.

Efekty: COV – spojitá proměnná nabývající u prvních vrhů hodnot věku při prvním vrhu, u druhých a dalších vrhů délku mezidobí, COV 2 – čtverec COV, LITTER_AGE – věk vrhu, ve kterém byla zjišťována hmotnost vrhu. Ostatní použité symboly viz tabulka č. 5.

Tab. 8 Koeficienty heritability a genetické korelace využitě k vyhodnocení efektů *ESR* v datovém souboru 2 (Wolf *et al.*, 2002a, b)

	TNB	NBA	NW	LWW
TNB	0,10	0,79	0,71	0,37
NBA		0,10	0,81	0,42
NW			0,09	0,57
LWW				0,11

Koeficienty heritability jsou pro jednotlivé vlastnosti uvedeny na diagonále, genetické korelace mezi vlastnostmi nad diagonálou. Použ. symboly vlastností viz tabulka č. 7.

4.3.2.3. Vyhodnocení gametického imprintingu ESR k reprodukčním vlastnostem na všech vrzích

Efekt imprintingu byl vyhodnocován z reprodukčních údajů 162 heterozygotních prasnic se známým původem alely *B*. 48 hodnocených prasnic zdědilo alelu *B* od matky, 114 prasnic od otce. Celkem bylo vyhodnoceno 458 vrhů. Pořadí vrhů prasnic > 3 bylo upraveno na pořadí vrhu 3. Modelová rovnice odpovídala modelu 5 (tabulka č. 7) s tím rozdílem, že spojitá proměnná nevyjadřovala aditivní efekt (ESR_A), ale efekt imprintingu (0 v případě alely *B* pocházející od matky, 1 v případě alely *B* pocházející od otce prasnice). K výpočtu byly využity genetické parametry podle Wolfa *et al.* (2002a, b) – tabulka č. 8.

4.3.3. Vyhodnocení efektů ESR ve vybraných chovech

Vyhodnocení efektu *ESR* na produkční a reprodukční vlastnosti v jednotlivých chovech bylo provedeno u chovů s minimálně 40 plemenicemi se stanoveným genotypem *ESR* a minimálním počtem 6 plemenic jednoho genotypu. Do vyhodnocení bylo tedy zahrnuto 10 chovů s 882 prasnicemi. Byl zjišťován efekt *ESR* na vlastnosti průměrný denní přírůstek od narození do konce testu (g/den), podíl libového masa (%), počet živě narozených selat na prvním vrhu, počet živě narozených selat na druhém a dalších vrzích. Základní statistické charakteristiky souboru vybraných chovů (výběr z datového souboru 1) jsou uvedeny v tabulce č. 9.

Podobně jako u předchozích vyhodnocení byly nejprve vypočítány fenotypové průměry a střední chyby průměrů pro jednotlivé genotypy v rámci chovů a celkem za všechny chovy. Analýza fenotypových průměrů byla doplněna vyhodnocením efektů *ESR* animal modely. Nejprve byly vypočítány aditivní a dominantní efekty *ESR* za všechny vybrané chovy, poté byly odhadovány v rámci jednotlivých chovů. K výpočtům byl využit animal model se stejnou strukturou jako u datového souboru 1 (tabulka č. 5) ve čtyřech variantách lišících se typem efektu stádo-rok-období a zahrnutím nebo nezahrnutím dominantního efektu (modely 1 až 4 jako při vyhodnocení datového souboru 1).

Tab. 9 Počet pozorování, průměry a směrodatné odchylky pro jednotlivé znaky ve vybraných chovech datového souboru 1

Znak	n	Průměr	SD
Průměrný denní přírůstek (g/den)	882	632,4	58,2
Libové maso (%)	882	61,53	1,87
Počet živě narozených selat na prvních vrzích	712	12,10	2,161
Počet živě nar. selat na druhých a dalších vrzích	1743	12,66	2,337

K výpočtu byly využity genetické parametry podle Wolfa *et al.* (1999), které jsou uvedeny v tabulce č. 6.

5. VÝSLEDKY

5.1. ČETNOSTI GENOTYPŮ A ALEL *ESR - PvuII* V MATEŘSKÝCH POPULACÍCH PRASAT

V hodnoceném souboru prasnic a kanců plemene Bílé ušlechtilé byly nalezeny všechny genotypy *ESR-PvuII* ve frekvencích, které se u obou pohlaví nelišily od očekávaných frekvencí podle Hardy-Weinberga (tabulka č. 10). V celém souboru je zastoupení homozygotních genotypů u tohoto plemene téměř na stejné úrovni ($AA=24,3\%$, $BB=26,5\%$), nejvyššího podílu dosahují zvířata heterozygotních genotypů ($49,2\%$). Genotypové četnosti se odráží i ve frekvencích jednotlivých alel, jejichž hodnoty se pohybují blíže k intermediárnímu zastoupení: u prasnic i kanců byla zjištěna frekvence alely *B* dosahující 0,51.

U kanců a prasnic plemene Landrase byly nalezeny pouze genotypy obsahující alelu *A*. Přes nulovou četnost genotypu *BB* je také tato populace pro *ESR PvuII* polymorfismus v Hardy-Weinbergově rovnováze. U prasnic byla zjištěna nepatrně vyšší frekvence alely *B*.

Tab. 10 Frekvence *ESR-PvuII* genotypů a alel v populacích plemen Bílé ušlechtilé a Landrase

	<i>n</i>	Frekvence genotypů (%)			Frekvence alel		χ^2
		AA	AB	BB	A	B	
<i>Bílé ušlechtilé</i>							
Kanci	396	23,48	51,77	24,75	0,494	0,506	0,499
Prasnice	1253	24,50	48,44	27,06	0,487	0,513	1,165
Celkem	1649	24,26	49,24	26,5	0,489	0,511	0,354
<i>Landrase</i>							
Kanci	318	95,60	4,40	0	0,978	0,022	0,161
Prasnice	334	93,71	6,29	0	0,969	0,031	0,351
Celkem	652	94,63	5,37	0	0,973	0,027	0,496

χ^2 - hodnota χ^2 testu pro vyhodnocení průkaznosti Hardy-Weinbergovy rovnováhy

Genotypy *ESR* byly stanovovány u plemenic v rámci tvorby superplodné linie, u kanců po základním výběru v průběhu cca tří let. Z tohoto důvodu obsahoval datový soubor data o genotypch *ESR* u plemenic, které byly v době vyhodnocení již z chovu vyřazeny. Četnosti genotypů a alel u žijících plemenic uvádí tabulka č. 11. U plemenic obou plemen byl pouze nepatrný rozdíl mezi frekvencemi alel *ESR* zaznamenanými na celém datovém souboru a frekvencemi alel *ESR* u plemenic žijících v době vyhodnocení. Zjištěné četnosti genotypů odpovídají četnostem teoretickým.

Tab. 11 Frekvence *ESR-PvuII* genotypů a alel u žijících plemenic Bílé ušlechtilé a Landrase

Plemeno	<i>n</i>	Frekvence genotypů (%)			Frekvence alel		χ^2
		AA	AB	BB	A	B	
Bílé ušlechtilé	792	24,24	46,84	28,91	0,477	0,523	2,955
Landrase	209	93,30	6,70	0,00	0,967	0,033	0,251

χ^2 - hodnota χ^2 testu pro vyhodnocení průkaznosti Hardy-Weinbergovy rovnováhy.

Vývoj ve frekvencích genotypů a alel u genotypovaných prasnic a kanců podle roku narození dokumentují tabulky č. 12 a 13. Data v letech, kde byl pozorován malý počet zvířat byla sloučena tak, aby byl zajištěn srovnatelný počet pozorování s ostatními lety.

Plemence Bílé ušlechtilé se stanoveným genotypem *ESR* se narodily v rozmezí let 1995 až 2002. U plemenic narozených v letech 1995 až 1998 byla nalezena frekvence alely *B* na úrovni 0,37. Zastoupení genotypů *AA* a *AB* bylo na téměř stejné úrovni, podíl plemenic genotypu *BB* dosahoval v porovnání s ostatními genotypy asi třetinových hodnot. V průběhu následujících let se postupně zvyšovala frekvence alely *B* až na úroveň 0,59 u plemenic narozených v roce 2002. Četnosti genotypů v jednotlivých letech, s výjimkou četností u plemenic narozených v roce 2002, odpovídaly četnostem očekávaným podle zákona Hardy Weinberga. U plemenic narozených v roce 2002 je patrné výrazné zvýšení frekvence genotypů *BB* především na úkor četností genotypu *AB*, které se odrazilo v průkazné odchylce pozorovaných četností od četností očekávaných ($P < 0,01$).

U kanců plemene Bílé ušlechtilé nedocházelo s průběhem let k výrazným změnám ve frekvencích alel ani genotypů. Mezi nejstaršími kanci a kanci narozenými v roce 2001 a 2002 došlo ke zvýšení četností homozygotních genotypů na úkor heterozygotních genotypů. Frekvence alel byla v jednotlivých letech velmi blízká intermediárním hodnotám. Četnosti genotypů odpovídají očekávaným četnostem podle Hardy-Weinberga.

U plemenic Landrase se v jednotlivých letech četnost alely *B* snižovala. Zatímco zastoupení heterozygotních genotypů u plemenic narozených v letech 1996 až 1999 dosahovalo 14,29 %, u plemenic narozených v roce 2000 to bylo již 9,71 % a u plemenic narozených v roce 2001 pouze 2,8 %. U plemenic narozených v roce 2002 nebyl nalezen žádný genotyp *AB*. Je nutné zohlednit, že počet plemenic narozených v roce 2002 je asi poloviční v porovnání s počty plemenic v ostatních letech.

U kanců plemene Landrase narozených v jednotlivých letech četnost alely *B* kolísá a není možné jednoznačně stanovit trend ve vývoji četností alel. Podobně jako u prasnic nebyl u kanců narozených v roce 2002 zjištěn žádný genotyp *AB*.

Četnosti genotypů u kanců i prasnic v hodnocených letech odpovídají četnostem teoretickým.

Tab. 12 Frekvence *ESR-PvuII* u plemenic a kanců plemene Bílé ušlechtilé podle roku narození

Rok narození	<i>n</i>	Frekvence genotypů (%)			Frekvence alel		χ^2
		AA	AB	BB	A	B	
<i>Plemenice</i>							
1995-1998	150	40,00	46,67	13,33	0,633	0,367	0,003
1999	166	24,10	50,00	25,90	0,491	0,509	0,000
2000	420	22,14	50,48	27,38	0,474	0,526	0,064
2001	396	21,21	51,01	27,78	0,467	0,533	0,240
2002	121	24,79	33,06	42,15	0,413	0,587	12,260
Celkem	1253	24,50	48,44	27,06	0,487	0,513	1,165
<i>Kanci</i>							
1994 - 1999	73	23,29	53,42	23,29	0,500	0,500	0,342
2000	144	20,83	56,94	22,22	0,493	0,507	2,787
2001	150	25,33	46,67	28,00	0,487	0,513	0,653
2002	29	27,59	44,83	27,59	0,500	0,500	0,310
Celkem	396	23,48	51,52	25,00	0,492	0,508	0,369

χ^2 - hodnota χ^2 testu pro vyhodnocení průkaznosti Hardy-Weinbergovy rovnováhy, tučná písmena: zjištěné a očekávané frekvence genotypů se liší s $P < 0,01$

Tab. 13 Frekvence *ESR-PvuII* u plemenic a kanců plemene Landrase podle roku narození

Rok narození	<i>n</i>	Frekvence genotypů (%)			Frekvence alel		χ^2
		AA	AB	BB	A	B	
<i>Plemenice</i>							
1996 - 1999	56	85,71	14,29	0	0,929	0,071	0,331
2000	103	90,29	9,71	0	0,951	0,049	0,268
2001	107	97,20	2,80	0	0,986	0,014	0,022
2002	68	100,00	0,00	0	1,000	0,000	
Celkem	334	93,71	6,29	0	0,969	0,031	0,352
<i>Kanci</i>							
1996 - 1998	29	96,55	3,45	0	0,983	0,017	0,009
1999	45	88,89	11,11	0	0,944	0,056	0,156
2000	77	97,40	2,60	0	0,987	0,013	0,013
2001	106	94,34	5,66	0	0,972	0,028	0,090
2002	61	100,00	0,00	0	1,000	0,000	
Celkem	318	95,60	4,40	0	0,978	0,022	0,161

χ^2 - hodnota χ^2 testu pro vyhodnocení průkaznosti Hardy-Weinbergovy rovnováhy

5.2. ASOCIACE *ESR-PvuII* S UŽITKOVÝMI VLASTNOSTMI

5.2.1. Vztah *ESR* polymorfismu k užitkovým vlastnostem produkce a reprodukce u plemene Bílé ušlechtilé

Nejprve byl analyzován vztah *ESR* polymorfismu k fenotypovým hodnotám užitkových vlastností produkce a reprodukce. Rozdíly mezi fenotypovými průměry za jednotlivé genotypy (tabulka č. 14) naznačují, že *ESR* polymorfismus nemá žádný vliv na výši průměrného denního přírůstku. U podílu libového masa nebyly také zjištěny průkazné rozdíly mezi genotypy, přestože je patrná tendence k vyšší užitkovosti u plemenic genotypů *BB*.

Pro všechny vlastnosti velikosti vrhu dosáhly prasnice *AA* vyšší úrovně užitkovosti v porovnání s prasnicemi genotypu *BB*. U počtu živě narozených selat na prvních vrzích byl zaznamenán rozdíl ($P < 0,01$) mezi homozygotními genotypy 0,5 selete na vrh. Užitkovost prasnic *AB* genotypu byla téměř intermediární a průkazně rozdílná od užitkovosti prasnic genotypu *BB* s $P < 0,05$. Přestože vztah *ESR* genotypů k fenotypovým hodnotám počtu živě narozených selat na druhém a dalších vrzích nebyl prokázán, je zde podobně jako u užitkovosti na prvních vrzích patrná tendence k vyšší užitkovosti prasnic genotypů *AA* a *AB* v porovnání s prasnicemi genotypu *BB*. Dosažená užitkovost u prasnic genotypů *AA* a *AB* je prakticky na stejné úrovni, rozdíl mezi genotypy *AA* a *BB* je přibližně poloviční v porovnání s rozdílem dosaženým na prvních vrzích.

U vlastností počet všech narozených, živě narozených a dochovaných selat na všech vrzích byla také zjištěna nejvyšší užitkovost u prasnic genotypu *AA*. Výše rozdílu mezi užitkovostí prasnic genotypů *AA* a *BB* dosáhla 0,4 všech narozených a dochovaných selat na vrh ($P < 0,01$) a 0,3 živě narozeného selete na vrh ($P < 0,01$). Hmotnost vrhu při dochovu byla u prasnic genotypu *AA* průkazně vyšší v porovnání s ostatními genotypy. Užitkovost prasnic genotypu *AB* byla u vlastností počet všech a živě narozených selat blízka užitkovosti prasnic genotypu *AA*, u počtu dochovaných selat intermediární. U hmotnosti vrhu při dochovu měly vrhy prasnic genotypu *AB* prakticky stejnou hmotnost jako vrhy prasnic genotypu *BB*.

Tab. 14 Počet pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů pro sledované znaky datového souboru 1 a 2 u plemene Bílé ušlechtilé

Znak	Genotyp	<i>n</i>	Průměr	SE
<i>Datový soubor 1</i>				
Průměrný denní přírůstek (g/den)	AA	307	626	3,3
	AB	607	625	2,4
	BB	339	625	3,2
Libové maso (%)	AA	307	61,3	0,10
	AB	607	61,4	0,08
	BB	339	61,5	0,11
Počet živě narozených selat na prvním vrhu	AA	255	12,20 ^c	0,131
	AB	520	12,05 ^a	0,093
	BB	255	11,70 ^{bd}	0,142
Počet živě narozených selat na druhém a dalších vrzích	AA	801	12,52	0,082
	AB	1312	12,49	0,064
	BB	567	12,28	0,104
<i>Datový soubor 2</i>				
Počet všech narozených selat na všech vrzích	AA	1030	13,22 ^c	0,071
	AB	1775	13,15 ^c	0,057
	BB	792	12,81 ^d	0,088
Počet živě narozených selat na všech vrzích	AA	1030	12,50 ^c	0,068
	AB	1775	12,41 ^a	0,052
	BB	792	12,16 ^{bd}	0,084
Počet dochovaných selat na všech vrzích	AA	1030	11,07 ^c	0,063
	AB	1775	10,82 ^{ad}	0,047
	BB	792	10,65 ^{bd}	0,072
Hmotnost vrhu při dochovu (kg) na všech vrzích	AA	428	60,6 ^a	0,63
	AB	763	58,9 ^b	0,48
	BB	323	58,6 ^b	0,71

Rozdílná písmena mezi genotypy v rámci znaku označují průkazné rozdíly: ^{a,b} P<0,05; ^{c,d} P<0,01.

Podobně jako u fenotypových výsledků nebyl ani jedním z užitých animal modelů zjištěn vztah mezi *ESR* polymorfismem a produkčními vlastnostmi (tabulka č. 15). Odhad aditivního efektu *ESR* na počet živě narozených selat na prvních vrzích dosáhl ve všech čtyřech modelech velmi podobných hodnot, které se průkazně lišily od nuly. Velikost aditivního efektu se pohybovala u modelů s náhodným efektem stádo-rok-období na úrovni $-0,24$ ($P < 0,01$) a u modelů s pevným efektem stádo-rok-období na úrovni $-0,26$ ($P < 0,05$). Dominantní efekt byl v obou modelech neprůkazně rozdílný od nuly. Odhady aditivního a dominantního efektu jsou prakticky totožné s výsledky získanými vyhodnocením fenotypových údajů, kdy rozdíl mezi prasnicemi *AA* a *BB* dosáhl 0,5 živě narozeného selete.

Odhady aditivního efektu *ESR* u počtu živě narozených selat na druhých a dalších vrzích se liší v závislosti na použitém modelu. Zatímco zahrnutím (model 3 a 4) nebo nezahrnutím (model 1 a 2) dominantního efektu do modelu nebyl výsledek odhadu nijak významně ovlivněn, použití efektu stádo-rok-období jako pevného (model 2 a 4) nebo náhodného (model 1 a 3) odhady podstatně ovlivnilo. V obou modelech s náhodným efektem stádo-rok-období byl odhadnutý aditivní efekt ve výši $-0,14$ průkazně rozdílný od nuly a opět velmi podobný výsledkům analýzy fenotypových údajů, zahrnutím pevného efektu stádo-rok-období byl aditivní efekt neprůkazný na úrovni $-0,05$. Podobně jako u počtu živě narozených selat na prvních vrzích byl dominantní efekt neprůkazný.

Přestože jsou si odhady aditivních efektů na vlastnosti reprodukce v jednotlivých modelech s opakováním podobné (tabulka č. 16), je zde patrná tendence k nižším odhadům aditivních efektů modely s pevným efektem stádo-rok-období (model 6 a 8) v porovnání s modely s efektem náhodným (model 5 a 7).

Aditivní efekty počtu všech a živě narozených selat byly odhadnuty na téměř stejné úrovni dosahující cca $-0,16$ selete v modelech s náhodným efektem stádo-rok-období a cca $-0,13$ selete v modelech s pevným efektem stádo-rok-období. U počtu dochovaných selat byly aditivní efekty odhadnuty na $-0,18$ selete v modelech s náhodným efektem stádo-rok-období a na $-0,14$ selete v modelech s pevným efektem stádo-rok-období. Odhady aditivních efektů všech znaků velikosti vrhu byly v modelech s náhodným efektem stádo-rok-období vysoce průkazné, v modelech s pevným efektem stádo-rok-období průkazné pouze u počtu živě narozených a dochovaných selat a těsně pod hranicí této hladiny významnosti u počtu všech narozených selat. Odhady dominantních efektů byly pro tyto vlastnosti statisticky neprůkazné.

U hmotnosti vrhu při dochovu byly aditivní efekty statisticky neprůkazné. Odhady dominantních efektů – 1,3 kg v modelu s náhodným efektem stádo-rok-období a – 1,5 kg v modelu s pevným efektem stádo-rok-období se lišily s $P < 0,01$ od nuly.

Tab. 15 Odhady aditivních a dominantních efektů na produkční vlastnosti a reprodukční vlastnosti zvlášť na prvních a na druhých a dalších vrzích (model 1 až 4)

	Aditivní efekt \pm SE	Dominantní efekt \pm SE
<i>Přírůstek od narození (ADG)</i>		
Model 1 ¹	2,2063 \pm 2,5056	
Model 2	2,1791 \pm 2,5057	
Model 3	2,2183 \pm 2,5072	0,4936 \pm 3,1782
Model 4	2,1907 \pm 2,5072	0,4595 \pm 3,1782
<i>Libové maso (LM)</i>		
Model 1 ¹	0,0047 \pm 0,0982	
Model 2	0,0032 \pm 0,0982	
Model 3	0,0077 \pm 0,0983	0,1008 \pm 0,1178
Model 4	0,0062 \pm 0,0983	0,0989 \pm 0,1178
<i>Počet živě narozených selat na 1. vrhu (NBA1)</i>		
Model 1 ¹	-0,244 \pm 0,0849^b	-
Model 2	-0,262 \pm 0,1031^a	-
Model 3	-0,244 \pm 0,0849^b	0,082 \pm 0,1112
Model 4	-0,261 \pm 0,1031^a	0,000 \pm 0,1301
<i>Počet živě narozených selat na 2. a dalších vrzích (NBA2)</i>		
Model 1	-0,138 \pm 0,0680^a	-
Model 2	-0,051 \pm 0,0744	-
Model 3	-0,139 \pm 0,0680^a	0,035 \pm 0,0868 ^b
Model 4	-0,055 \pm 0,0745	0,071 \pm 0,0917

Efekty průkazně se lišící od nuly: ^a $P < 0,05$, ^b $P < 0,01$.

Tab. 16 Odhady aditivních a dominantních efektů *ESR* na reprodukční vlastnosti na všech vrzích (model 5 až 8)

	Aditivní efekt ± SE	Dominantní efekt ± SE
<i>Počet všech narozených selat (TNB)</i>		
Model 5	-0,164 ± 0,063^b	-
Model 6	-0,127 ± 0,067	-
Model 7	-0,167 ± 0,063^b	0,086 ± 0,079
Model 8	-0,129 ± 0,067	0,080 ± 0,082
<i>Počet živě narozených selat (NBA)</i>		
Model 5 ¹	-0,159 ± 0,059^b	-
Model 6	-0,135 ± 0,063^a	-
Model 7	-0,161 ± 0,059^b	0,048 ± 0,074
Model 8	-0,136 ± 0,063^a	0,039 ± 0,077
<i>Počet dochovaných selat (NW)</i>		
Model 5	-0,187 ± 0,055^b	-
Model 6	-0,138 ± 0,058^a	-
Model 7	-0,184 ± 0,055^b	-0,059 ± 0,069
Model 8	-0,137 ± 0,058^a	-0,040 ± 0,072
<i>Hmotnost vrhu při dochovu (LWW)</i>		
Model 5	-0,67 ± 0,42	-
Model 6	-0,41 ± 0,43	-
Model 7	-0,60 ± 0,42	-1,34 ± 0,52^b
Model 8	-0,35 ± 0,43	-1,49 ± 0,53^b

Efekty průkazně se lišící od nuly: ^a P < 0,05, ^b P < 0,01.

5.2.2. Vztah ESR polymorfismu k užitkovým vlastnostem produkce a reprodukce u plemene Landrase

Výsledky analýzy fenotypových průměrů za jednotlivé genotypy ESR u plemene Landrase jsou uvedeny v tabulce č. 17. Vztah ESR genotypů k produkčním znakům nebyl u vyhodnocovaných plemenic potvrzen. Průměrný denní přírůstek byl sice o 23 g/den vyšší u plemenic genotypu AA, ale vzhledem k nízkému počtu plemenic AB a poměrně vysoké variabilitě jejich přírůstku nebyl tento rozdíl průkazný. Podíl libového masa byl u obou genotypů na stejné úrovni.

Počet živě narozených selat zvlášť na prvním a na druhých a dalších vrzích nebyl mezi genotypy průkazně rozdílný. U prvních vrhů byl počet živě narozených selat u prasnic obou genotypů prakticky stejný, vyššího počtu živě narozených selat na druhých a dalších vrzích dosáhly prasnice genotypu AA.

Vyšší užitkovost prasnic genotypu AA byla zjištěna také při hodnocení reprodukčních znaků na všech vrzích. Rozdíly mezi genotypy v počtu všech a živě narozených selat byly neprůkazné. Prasnice genotypu AA narodily o cca 0,3 selete více než prasnice genotypu AB. Průkazné rozdíly mezi prasnicemi obou genotypů byly zjištěny pro počet dochovaných selat a pro hmotnost vrhu při dochovu. Prasnice genotypu AA dochovaly v porovnání s prasnicemi genotypu AB o téměř 0,7 více selat a jejich vrhy byly o 4,6 kg těžší.

Výsledky fenotypové analýzy u prasnic plemene Landrase jsou s největší pravděpodobností ovlivněny velmi nízkým počtem plemenic genotypu AB. Z důvodu velmi nízkého počtu genotypů AB a nepřítomnosti genotypu BB u Landrase nebyla u tohoto plemene provedena další analýza animal modely.

Tab. 17 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů pro sledované produkční a reprodukční znaky u plemene Landrase

Znak	Genotyp	<i>N</i>	Průměr	SE
<i>Produkční znaky, reprodukční znaky zvlášť na prvním a druhém vrhu</i>				
Průměrný denní přírůstek (g/den)	AA	313	672	4,2
	AB	21	649	16,6
Libové maso (%)	AA	313	61,9	0,10
	AB	21	61,9	0,32
Počet živě narozených selat na prvním vrhu	AA	202	12,50	0,142
	AB	20	12,55	0,596
Počet živě narozených selat na druhém a dalších vrzích	AA	378	13,22	0,115
	AB	50	12,76	0,381
<i>Reprodukční znaky na všech vrzích</i>				
Počet všech narozených selat na všech vrzích	AA	580	13,92	0,099
	AB	70	13,60	0,319
Počet živě narozených selat na všech vrzích	AA	580	12,97	0,091
	AB	70	12,70	0,319
Počet odstavených selat na všech vrzích	AA	580	11,35 ^c	0,078
	AB	70	10,69 ^d	0,221
Hmotnost vrhu při dochovu (kg) na všech vrzích	AA	380	64,7 ^c	0,56
	AB	57	60,1 ^d	1,45

Rozdílná písmena mezi genotypy v rámci znaku označují průkazné rozdíly: ^{a,b} P<0,05; ^{c,d} P<0,01.

5.2.3. Vyhodnocení efektu imprintingu

Vyhodnocení gametického imprintingu *ESR-PvuII* polymorfismu bylo provedeno u heterozygotních prasnic plemene Bílé ušlechtilé se známým původem alely *B*. Analýza fenotypových průměrů (tabulka č. 18) za vyhodnocované vlastnosti reprodukce ani odhady efektu imprintingu animal modelem (tabulka č. 19) neprokázaly gametický imprinting genu *ESR*. Z fenotypových výsledků je zřejmé, že heterozygotní prasnice, které zdědily alelu *B* od otce měly o 0,3 všech narozených selat více než heterozygotní prasnice s alelou *B* od matky. Počet živě narozených selat se u obou skupin prasnic lišil o 0,1 selete. Přestože byl počet dochovaných selat u prasnic s alelou *B* od matky vyšší o 0,1 selete, hmotnost vrhu u prasnic s alelou *B* od otce byla o 3,5 kg vyšší. Pro vlastnosti velikosti vrhu nebyly mezi oběma skupinami prasnic zjištěny průkazné rozdíly, hmotnost vrhu při dochovu se lišila s $P < 0,10$.

Tab. 18 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů reprodukčních vlastností heterozygotních prasnic, které zdědily alelu *B* od otce nebo od matky

Znak	Vrhy prasnic s alelou B od otce			Vrhy prasnic s alelou B od matky		
	n	Průměr	SE	n	Průměr	SE
Počet všech narozených selat	335	13,27	0,131	123	12,95	0,211
Počet živě narozených selat	335	12,56	0,118	123	12,46	0,201
Počet dochovaných selat	335	10,94	0,111	123	11,06	0,198
Hmotnost vrhu při dochovu	128	61,18	1,177	59	57,65	1,781

Odhady efektu imprintingu byly pro všechny vlastnosti neprůkazné a kopírovaly tendence zjištěné analýzou fenotypových hodnot. Přestože výsledky poukazují na celkově vyšší užitkovost prasnic s alelou *B* od otce (alelou *A* od matky), nelze z výsledků stanovit jakékoli závěry vzhledem k velmi nízkému počtu vyhodnocovaných prasnic, který souvisel s nedostatečným zastoupením údajů v jednotlivých úrovních efektů v modelu a také s nízkou příbuzností vyhodnocovaných prasnic.

Tab. 19 Odhady gametického imprintingu *ESR-PvuII* pro vlastnosti velikosti vrhu a hmotnost vrhu v modelu s opakováním

	Efekt imprintingu \pm SE
Počet všech narozených selat (TNB)	0,193 \pm 0,262
Počet živě narozených selat (NBA)	0,083 \pm 0,248
Počet dochovaných selat (NW)	- 0,082 \pm 0,232
Hmotnost vrhu při dochovu (LWW)	1,56 \pm 1,80

5.2.4. *Vztah ESR polymorfismu k produkčním a reprodukčním vlastnostem ve vybraných chovech*

Asociace ESR polymorfismu k produkčním a reprodukčním vlastnostem byla provedena v 10 vybraných chovech splňujících minimální požadavky na počet plemenic známých genotypů ESR. Analýza byla provedena vyhodnocením rozdílů mezi fenotypovými průměry a odhady efektů ESR animal modely za vybrané chovy celkem a také v jednotlivých chovech. Výsledky analýzy fenotypových průměrů mezi genotypy ESR za všechny vybrané chovy jsou uvedeny v tabulce č. 20, pro vyhodnocované vlastnosti v jednotlivých chovech v tabulkách č. 21 až 24.

Při celkovém vyhodnocení dat vybraných chovů nebyly mezi jednotlivými genotypy zjištěny průkazné rozdíly v přírůstku od narození ani v počtu živě narozených selat na prvních a na druhých a dalších vrzích. U přírůstku byla zjištěna tendence k vyšší užitkovosti spojené s alelou *B* (cca 2 g/den), ale zjištěné rozdíly mezi genotypy byly vzhledem k výši střední chyby neprůkazné. U počtu živě narozených selat na prvních vrzích dosáhly nejvyšší užitkovosti prasnice genotypu *AA*, užitkovost u prasnic genotypů *AB* a *BB* byla prakticky na stejné úrovni. Hodnoty fenotypových průměrů pro počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích byly pro všechny genotypy shodné. Nejvyšší procento libového masa bylo zjištěno u plemenic genotypu *BB*. Rozdíl mezi užitkovostí homozygotních genotypů, který dosáhl téměř 0,5 %, byl průkazný s $P < 0,01$. Podíl libového masa plemenic genotypu *AB* byl o 0,1 % nižší než intermediární a průkazně ($P < 0,05$) se lišil od podílu libového masa plemenic *BB*.

Pro přírůstek od narození (tabulka č. 21) byla zjištěna srovnáním užitkovosti homozygotních genotypů v polovině chovů vyšší užitkovost u plemenic genotypu *AA*, v polovině chovů u plemenic genotypu *BB*. Užitkovost heterozygotních plemenic byla v pěti chovech intermediární, ve dvou chovech vyšší a ve dvou chovech nižší než u homozygotních genotypů, v jednom chovu se užitkovost všech genotypů téměř rovnala.

Pouze ve dvou chovech byl rozdíl mezi užitkovostí plemenic genotypu *AA* a *AB* průkazný. V chovu 8 dosáhly plemenice genotypu *BB* průkazně vyšší užitkovosti o 51 g/den v porovnání s plemenicemi genotypu *AA*, užitkovost *AB* plemenic byla téměř intermediární. Naopak v chovu 7 byla zaznamenána nejvyšší hodnota přírůstku u plemenic genotypu *AA*. Rozdíl ($P < 0,05$) mezi plemenicemi homozygotních genotypů dosáhl téměř 30 g/den. Užitkovost plemenic genotypu *AB* se blížila užitkovosti plemenic genotypu *BB*

Tab. 20 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů pro vyhodnocované vlastnosti ve vybraných chovech celkem

Znak	Genotyp	n	Průměr	SE
Průměrný denní přírůstek (g/den)	AA	218	630,6	3,76
	AB	434	632,0	2,81
	BB	230	634,8	3,96
Libové maso (%)	AA	218	61,34 ^c	0,123
	AB	434	61,47 ^a	0,093
	BB	230	61,81 ^{bd}	0,119
Počet živě narozených selat na prvním vrhu	AA	181	12,33	0,163
	AB	367	12,01	0,114
	BB	164	12,05	0,158
Počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích	AA	547	12,64	0,098
	AB	870	12,69	0,079
	BB	326	12,62	0,132

Rozdílná písmena mezi genotypy v rámci znaku označují průkazné rozdíly: ^{a,b} P<0,05; ^{c,d} P<0,01.

Tab. 21 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů za průměrný denní přírůstek od narození v chovech

Chov	n			Průměr ± SE		
	AA	AB	BB	AA	AB	BB
1	9	29	10	628,9 ± 17,63	627,6 ± 10,45	627,1 ± 15,02
2	31	54	17	609,2 ± 10,43^a	636,4 ± 8,17^b	616,8 ± 11,19
3	27	43	33	666,1 ± 8,36	658,1 ± 6,41	660,2 ± 7,80
4	25	42	10	648,0 ± 7,07	665,3 ± 7,23	664,4 ± 16,52
5	11	41	38	660,0 ± 9,72	657,9 ± 9,06	656,0 ± 8,63
6	12	25	7	596,8 ± 12,81	587,0 ± 9,73	612,4 ± 17,04
7	12	43	36	609,8 ± 4,53^a	590,1 ± 8,52^b	580,2 ± 10,78^b
8	19	39	23	569,0 ± 13,71^a	591,7 ± 10,37	620,3 ± 15,05^b
9	30	32	9	631,4 ± 10,88	615,6 ± 7,74	610,2 ± 12,58
10	42	86	47	649,0 ± 7,49	647,3 ± 4,89	658,6 ± 6,51

Rozdílná písmena v řádcích označují průkazné rozdíly: ^{a,b} P<0,05; ^{c,d} P<0,01.

a byla rozdílná od užitkovosti genotypu AA. V chovu 2 dosáhly nejvyšší užitkovosti plemence genotypu AB, jejich přírůstek byl průkazně rozdílný od přírůstku plemenic AA. Ve všech chovech, kde byly zjištěny průkazné rozdíly mezi genotypy byla zaznamenána nižší užitkovost v porovnání s průměrem všech chovů.

U procenta libového masa byla tendence k vyšší užitkovosti plemenic genotypu BB oproti plemenicím AA zjištěna v sedmi chovech (tabulka č. 22). Užitkovost plemenic genotypu AB byla ve třech chovech intermediární, ve dvou chovech vyšší a ve dvou chovech nižší než užitkovost obou homozygotních genotypů, ve dvou chovech se téměř rovnala užitkovosti AA plemenic a v jednom chovu užitkovosti BB plemenic.

Průkazný rozdíl mezi plemenicemi AA a BB byl zjištěn pouze v jednom chovu. V chovu 3 měly plemence genotypu BB o téměř 1,5 % vyšší podíl libového masa než plemence genotypu AA ($P < 0,01$), užitkovost plemenic genotypu AB byla průkazně rozdílná od užitkovosti plemenic genotypu AA. Podobná tendence byla zaznamenána v chovu 5. Plemence genotypu AA a AB dosáhly stejné úrovně libového masa, užitkovost plemenic genotypu AB byla průkazně rozdílná od užitkovosti plemenic genotypu BB.

Tab. 22 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů za podíl libového masa v chovech

Chov	n			Průměr ± SE		
	AA	AB	BB	AA	AB	BB
1	9	29	10	61,11 ± 0,61	60,81 ± 0,41	60,42 ± 0,46
2	31	54	17	61,98 ± 0,28	62,51 ± 0,27	62,71 ± 0,52
3	27	43	33	61,25 ± 0,33^{ac}	62,18 ± 0,29^b	62,72 ± 0,26^d
4	25	42	10	61,43 ± 0,26	60,96 ± 0,19	60,58 ± 0,64
5	11	41	38	60,95 ± 0,61	60,96 ± 0,29^a	62,00 ± 0,29^b
6	12	25	7	59,85 ± 0,75	61,02 ± 0,31	60,96 ± 0,70
7	12	43	36	61,84 ± 0,55	62,37 ± 0,33	62,09 ± 0,27
8	19	39	23	61,35 ± 0,38	60,68 ± 0,26	61,29 ± 0,32
9	30	32	9	61,26 ± 0,28	61,28 ± 0,24	61,32 ± 0,39
10	42	86	47	61,34 ± 0,33	61,31 ± 0,21	61,50 ± 0,27

Rozdílná písmena v rádcích označují průkazné rozdíly: ^{a,b} $P < 0,05$; ^{c,d} $P < 0,01$.

Pro počet živě narozených selat na prvních vrzích byla v šesti z deseti hodnocených chovů zjištěna vyšší užitkovost u prasnic *AA* v porovnání s prasnicemi *BB* genotypu (tabulka č. 23). Prasnice s genotypem *AB* dosáhly nejvyšší užitkovosti ve třech chovech, střední ve dvou chovech a nejnižší ze všech genotypů v pěti chovech. Průkazný rozdíl ($P < 0,05$) mezi genotypy byl zaznamenán pouze v chovu 10, kde prasnice genotypu *AA* narodily o 1,1 živého selete více než prasnice genotypu *BB*.

Na druhých a dalších vrzích byl u prasnic genotypu *BB* zjištěn vyšší počet živě narozených selat v porovnání s prasnicemi genotypu *AA* v polovině chovů, opačné pořadí homozygotních genotypů bylo ve čtyřech chovech (tabulka č. 24). Prasnice genotypu *AB* dosáhly nejvyšší velikosti vrhu ve dvou chovech, střední v pěti chovech a nejnižší v jednom chovu. V jednom chovu se počet selat ve vrhu u prasnic *AB* rovnal počtu selat u prasnic *AA*, užitkovost prasnic všech genotypů se rovnala v jednom chovu

Průkazné rozdíly mezi genotypy byly zaznamenány v polovině hodnocených chovů. Ve dvou chovech (6 a 7) byla s ($P < 0,01$) zjištěna vyšší užitkovost u prasnic genotypu *AA* v porovnání s prasnicemi *BB*. Rozdíl mezi homozygotními genotypy dosáhl 2,1 a 2,9 živého selete na vrh. Užitkovost prasnic genotypu *AB* byla v obou chovech střední, v chovu 6 se blížila užitkovosti prasnic genotypu *AA*, v chovu 7 užitkovosti prasnic *BB* genotypu.

Na rozdíl od většiny zjištění, kdy vyšší užitkovost byla zaznamenána u prasnic s genotypem *AA*, narodily prasnice genotypu *BB* v chovu 3 téměř o 1 sele ve vrhu více než prasnice genotypu *AA*. Užitkovost prasnic genotypu *AB* se lišila od užitkovosti prasnic s *BB* genotypem s $P < 0,05$.

V obou chovech, kde heterozygotní prasnice dosáhly nejvyšší užitkovosti (chovy 5 a 8) měly prasnice *BB* střední a prasnice *AA* nejnižší počet selat. V jednom chovu byl rozdíl mezi prasnicemi *AB* a homozygotními genotypy průkazný, v druhém chovu byl průkazný rozdíl pouze vzhledem k prasnicím genotypu *AA*.

Tab. 23 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů za počet živě narozených selat na prvním vrhu v chovech

Chov	n			průměr ± SE		
	AA	AB	BB	AA	AB	BB
1	8	26	10	14,38 ± 0,73	12,81 ± 0,66	13,30 ± 0,60
2	28	43	14	12,64 ± 0,25	12,84 ± 0,24	12,50 ± 0,51
3	24	38	23	13,04 ± 0,39	13,21 ± 0,29	13,61 ± 0,37
4	24	38	8	11,58 ± 0,63	11,82 ± 0,45	11,25 ± 0,82
5	8	27	20	12,00 ± 0,50	11,85 ± 0,27	12,10 ± 0,24
6	9	23	6	10,33 ± 0,71	11,43 ± 0,42	8,83 ± 1,22
7	7	28	25	11,29 ± 0,61	10,82 ± 0,42	11,36 ± 0,35
8	13	31	14	13,08 ± 0,58	11,68 ± 0,35	12,50 ± 0,39
9	22	30	8	11,59 ± 0,31	11,30 ± 0,23	12,13 ± 0,35
10	38	83	36	12,61 ± 0,37^a	11,88 ± 0,23	11,50 ± 0,33^b

Rozdílná písmena v řádcích označují průkazné rozdíly: ^{a,b} P<0,05; ^{c,d} P<0,01.

Tab. 24 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů jednotlivých genotypů za počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích v chovech

Chov	n			průměr ± SE		
	AA	AB	BB	AA	AB	BB
1	21	66	23	13,48 ± 0,58	13,24 ± 0,35	12,52 ± 0,53
2	49	61	12	13,16 ± 0,22	13,16 ± 0,17	13,50 ± 0,45
3	86	65	40	13,63 ± 0,19^c	13,86 ± 0,22^a	14,68 ± 0,21^{db}
4	113	146	21	12,07 ± 0,27	12,08 ± 0,21	12,05 ± 0,57
5	7	44	23	11,86 ± 0,34^a	13,05 ± 0,28^b	12,22 ± 0,27^a
6	42	66	19	12,64 ± 0,39^c	12,15 ± 0,38^a	10,53 ± 0,81^{db}
7	15	74	60	15,20 ± 0,76^{ac}	13,14 ± 0,29^{bc}	12,32 ± 0,29^d
8	44	123	20	12,27 ± 0,35^a	13,13 ± 0,19^b	12,45 ± 0,39
9	89	81	24	11,61 ± 0,12	11,32 ± 0,14	11,13 ± 0,26
10	81	144	84	12,75 ± 0,24	12,63 ± 0,19	12,94 ± 0,27

Rozdílná písmena v řádcích označují průkazné rozdíly: ^{a,b} P<0,05; ^{c,d} P<0,01.

Odhady aditivních efektů *ESR* za vybrané chovy celkem (tabulka č. 25) jsou, na rozdíl od zjištění prováděného na celém datovém souboru 1, pro všechny sledované vlastnosti neprůkazné. Aditivní efekty *ESR* na přírůstek od narození byly všemi modely odhadnuty na 3 g/den. Efekt *ESR* na procento libového masa zjištěný z fenotypových údajů nebyl na genetické úrovni potvrzen. Aditivní efekty *ESR* na počet živě narozených selat na prvních vrzích byly jednotlivými modely odhadnuty na – 0,17 až – 0,19 selete, s nepatrně vyššími hodnotami odhadů modely s pevnými efekty stádo-rok-období. Aditivní efekty *ESR* na velikost prvních vrhů zjištěné modely 1 a 3 jsou průkazné s $P < 0,1$, u modelů 2 a 4 blízké této úrovni průkaznosti. Na druhých a dalších vrzích jsou aditivní efekty blízké nulovým hodnotám. Odhadnuté efekty *ESR* na přírůstek od narození i na obě vlastnosti velikosti vrhu jsou velmi podobné výsledkům zjištěným z fenotypových průměrů.

Tab. 25 Odhady aditivních a dominantních efektů *ESR* na produkční a reprodukční znaky ve vybraných chovech celkem

	Aditivní efekt ± SE	Dominantní efekt ± SE
<i>Libovéo maso (%)</i>		
Model 1 ¹	-0.001 ± 0.1168	
Model 2	-0.002 ± 0.1168	
Model 3	-0.001 ± 0.1168	0.061 ± 0.1394
Model 4	-0.002 ± 0.1168	0.058 ± 0.1394
<i>Průměrný denní přírůstek</i>		
Model 1	3.10 ± 2.971	
Model 2	3.08 ± 2.971	
Model 3	3.10 ± 2.971	1.32 ± 3.767
Model 4	3.08 ± 2.971	1.30 ± 3.767
<i>Počet živě narozených selat na prvních vrzích</i>		
Model 1	-0.173 ± 0.1024	-
Model 2	-0.185 ± 0.1173	-
Model 3	-0.169 ± 0.1025	-0.131 ± 0.1330
Model 4	-0.180 ± 0.1174	-0.179 ± 0.1480
<i>Počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích</i>		
Model 1	-0.072 ± 0.0827	-
Model 2	-0.027 ± 0.0875	-
Model 3	-0.079 ± 0.0834	0.065 ± 0.1068
Model 4	-0.038 ± 0.0884	0.090 ± 0.1103

Výsledky odhadů efektů *ESR* použitými modely v jednotlivých chovech (tabulka č. 26 až č. 29, graf č. 1 až 8) jsou si celkově poměrně podobné. U produkčních vlastností se však více podobají odhady efektů *ESR* modelů 1 a 2 (bez dominantního efektu) a modelů 3 a 4 (s dominantním efektem). Naopak u reprodukčních vlastností se více podobají výsledky modelů 1 a 3 (efekt sro jako pevný) a modelů 2 a 4 (efekt sro jako náhodný).

Větší rozdíly mezi odhady aditivních efektů přírůstku od narození byly zjištěny na chovech 4 a 6, ani na těchto chovech však nepřesáhly 6 g/den. U procenta libového masa byly rozdíly mezi jednotlivými modely minimální – ve všech chovech nedosáhly ani desetiny procenta. U reprodukčních vlastností byly rozdíly mezi odhady jednotlivými modely větší, ale na většině chovů nepřesáhly střední chyby odhadů. Při vyhodnocení efektu *ESR* na počet živě narozených selat na 1. vrzích byly nejvíce odlišné hodnoty odhadů aditivních efektů v chovech 1, 6 a 7, odhady efektu *ESR* na počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích se nejvíce lišily v chovech 4, 5, 7 a 9. Hodnoty dominantních efektů *ESR* odhadnuté modely 3 a 4 byly u produkčních vlastností prakticky stejné, u počtu selat na prvních vrzích se nejvíce lišily v chovech 1 a 4, na druhých a dalších vrzích v chovech 3, 7 a 9.

Odhady aditivního efektu *ESR* na průměrný denní přírůstek v chovech se pohybovaly v rozmezí -12,9 do 20,3 g/den, odhady dominantního efektu od - 24,4 do 18,6 g/den (tabulka č. 26, graf č. 1 a 2). V jednotlivých chovech byla zjištěna tendence ke kladným odhadům aditivního efektu – negativní aditivní efekt byl odhadnut pouze ve třech chovech. Odhad dominantního efektu *ESR* nabýval negativních hodnot ve třech chovech, hodnot blízkých nule v pěti chovech a pozitivních hodnot ve 2 chovech. Dominantní efekt byl ve všech chovech neprůkazně rozdílný od nuly, průkazný aditivní efekt ve výši 20 g/den byl zjištěn všemi modely v chovu 8.

Na rozdíl od fenotypových průměrů za jednotlivé genotypy celkem a v jednotlivých chovech nebyl žádným z modelů zjištěn průkazný efekt *ESR* na libové maso (tabulka č. 27, graf č. 3 a 4). Hodnoty aditivního efektu se pohybovaly v rozmezí - 0,33 až 0,31 %, hodnoty dominantního efektu mezi -0,23 do 0,33 %. Hodnoty aditivního efektu byly rovnoměrně rozloženy kolem nuly: v polovině chovů byly zjištěny hodnoty blízké nule, ve třech chovech pozitivní a ve dvou chovech negativní aditivní efekty. Dominantní efekt byl pozitivní na pěti chovech, negativní ve dvou chovech a blízký nule ve třech chovech.

Tab. 26 Odhady aditivních a dominantních efektů *ESR* lokusu pro průměrný denní přírůstek v chovech

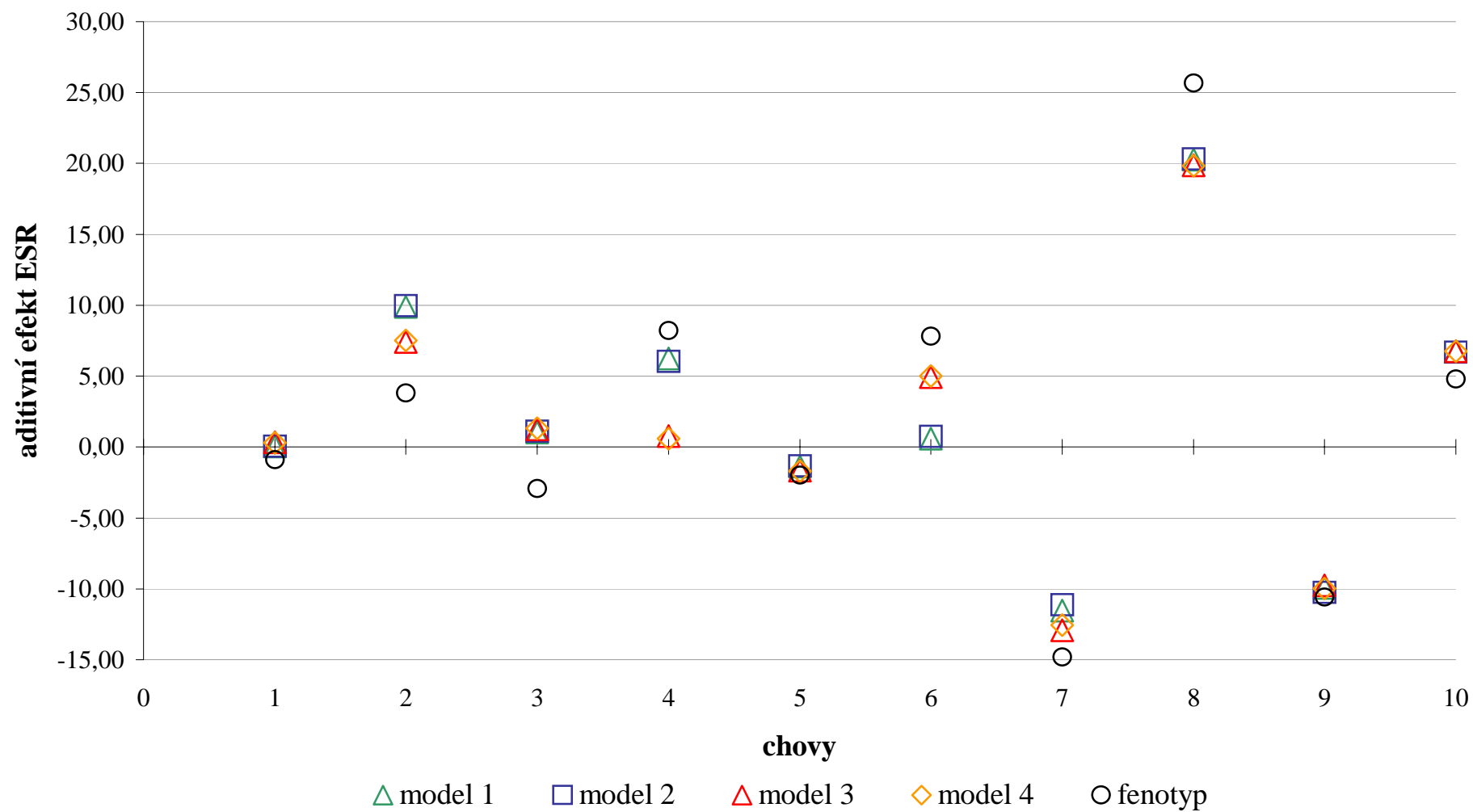
Chov	Model 1	Model 2	Model 3		Model 4	
	Aditivní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Dominantní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Dominantní ef. ± SE
1	0,06 ± 12,03	0,05 ± 12,04	0,35 ± 12,07	-0,25 ± 14,97	0,31 ± 12,08	-0,36 ± 14,97
2	9,89 ± 8,64	9,96 ± 8,64	7,42 ± 8,91	12,23 ± 11,04	7,53 ± 8,91	12,19 ± 11,04
3	1,05 ± 7,50	1,10 ± 7,50	1,24 ± 7,51	1,53 ± 11,22	1,32 ± 7,51	1,66 ± 11,22
4	6,25 ± 10,48	6,02 ± 10,48	0,77 ± 11,00	18,58 ± 12,87	0,61 ± 11,00	18,50 ± 12,87
5	-1,38 ± 8,54	-1,35 ± 8,54	-1,66 ± 8,72	-1,58 ± 12,18	-1,70 ± 8,72	-1,70 ± 12,18
6	0,60 ± 13,29	0,73 ± 13,29	4,92 ± 13,60	-24,41 ± 17,72	5,02 ± 13,60	-24,16 ± 17,72
7	-11,53 ± 8,78	-11,13 ± 8,78	-12,92 ± 9,16	-7,89 ± 12,10	-12,57 ± 9,16	-7,74 ± 12,10
8	20,27 ± 8,96	20,32 ± 8,96	19,86 ± 9,03	1,96 ± 12,21	19,84 ± 9,03	1,93 ± 12,21
9	-9,92 ± 10,00	-10,25 ± 10,0	-9,75 ± 10,65	-0,74 ± 14,08	-9,97 ± 10,65	-0,88 ± 14,08
10	6,76 ± 6,04	6,70 ± 6,04	6,74 ± 6,04	-3,72 ± 7,98	6,74 ± 6,04	-3,78 ± 7,98

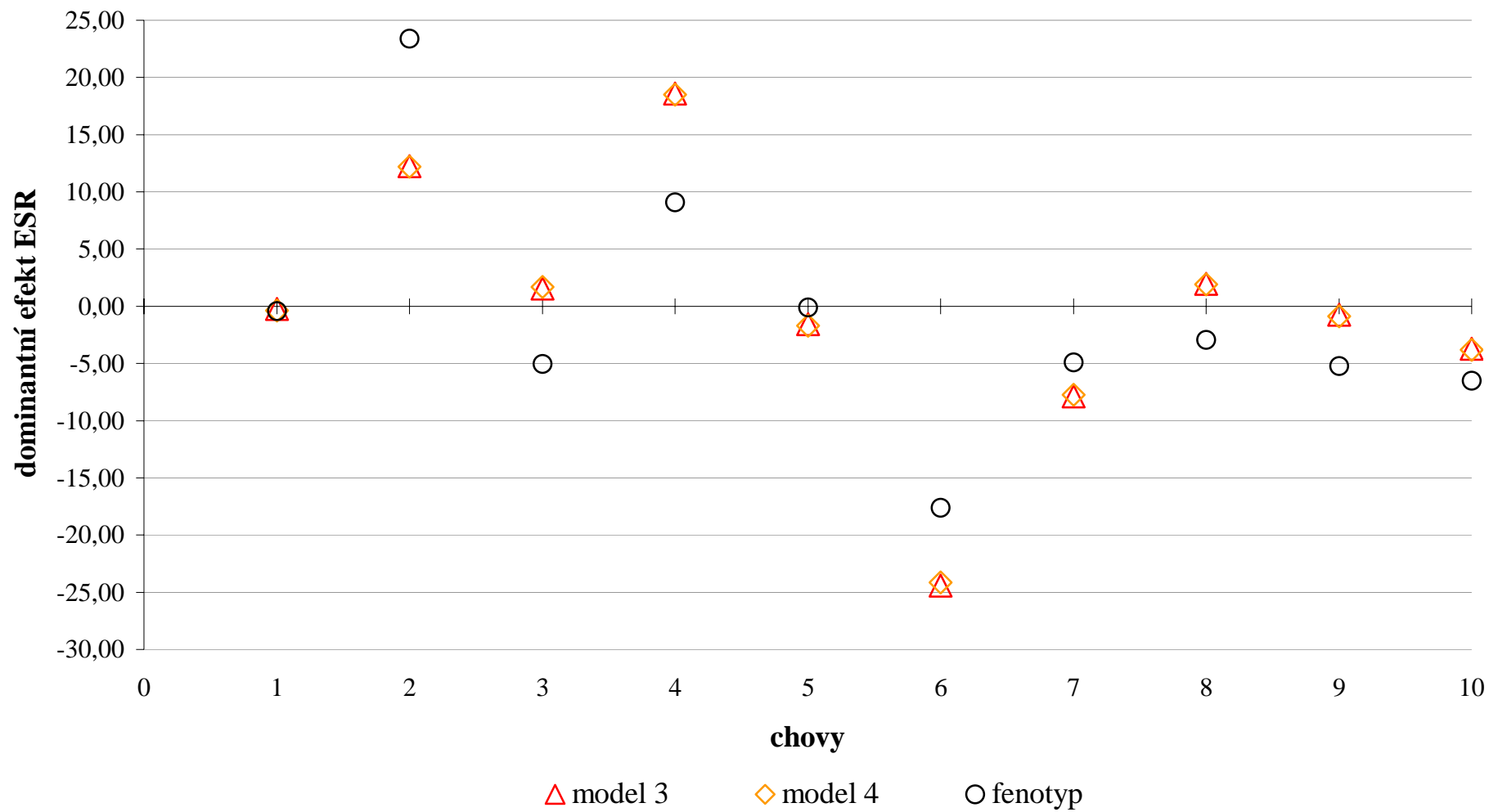
Tučná písmena označují efekty průkazně rozdílné od nuly nejméně s $P < 0,05$.

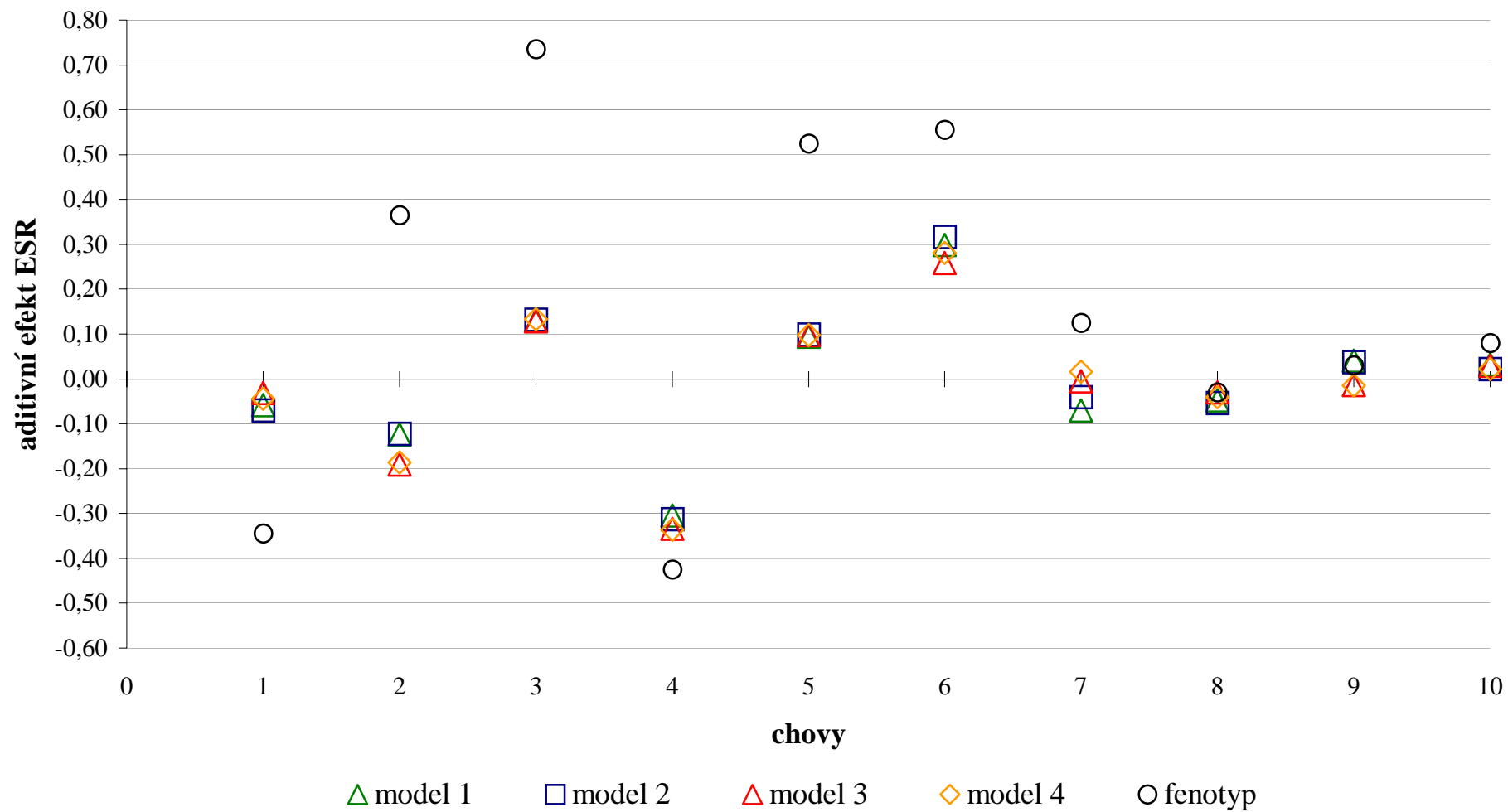
Tab. 27 Odhady aditivních a dominantních efektů *ESR* lokusu pro podíl libového masa v chovech

Chov	Model 1	Model 2	Model 3		Model 4	
	Aditivní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Dominantní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Dominantní ef. ± SE
1	-0,06 ± 0,46	-0,07 ± 0,46	-0,03 ± 0,46	-0,23 ± 0,55	-0,04 ± 0,46	-0,24 ± 0,55
2	-0,12 ± 0,33	-0,12 ± 0,33	-0,19 ± 0,35	0,33 ± 0,41	-0,19 ± 0,35	0,33 ± 0,41
3	0,13 ± 0,30	0,13 ± 0,30	0,13 ± 0,30	-0,09 ± 0,41	0,13 ± 0,30	-0,09 ± 0,41
4	-0,30 ± 0,40	-0,31 ± 0,40	-0,33 ± 0,42	0,11 ± 0,49	-0,34 ± 0,42	0,10 ± 0,49
5	0,09 ± 0,34	0,10 ± 0,34	0,10 ± 0,34	-0,07 ± 0,46	0,10 ± 0,34	-0,07 ± 0,46
6	0,30 ± 0,51	0,32 ± 0,51	0,26 ± 0,52	0,20 ± 0,68	0,28 ± 0,52	0,20 ± 0,68
7	-0,07 ± 0,34	-0,04 ± 0,34	-0,01 ± 0,35	0,30 ± 0,44	0,02 ± 0,35	0,31 ± 0,44
8	-0,05 ± 0,35	-0,05 ± 0,35	-0,03 ± 0,35	0,00 ± 0,46	-0,04 ± 0,35	-0,01 ± 0,46
9	0,04 ± 0,38	0,04 ± 0,38	-0,01 ± 0,41	0,20 ± 0,53	-0,01 ± 0,41	0,19 ± 0,53
10	0,03 ± 0,23	0,02 ± 0,23	0,03 ± 0,23	0,05 ± 0,30	0,02 ± 0,23	0,04 ± 0,30

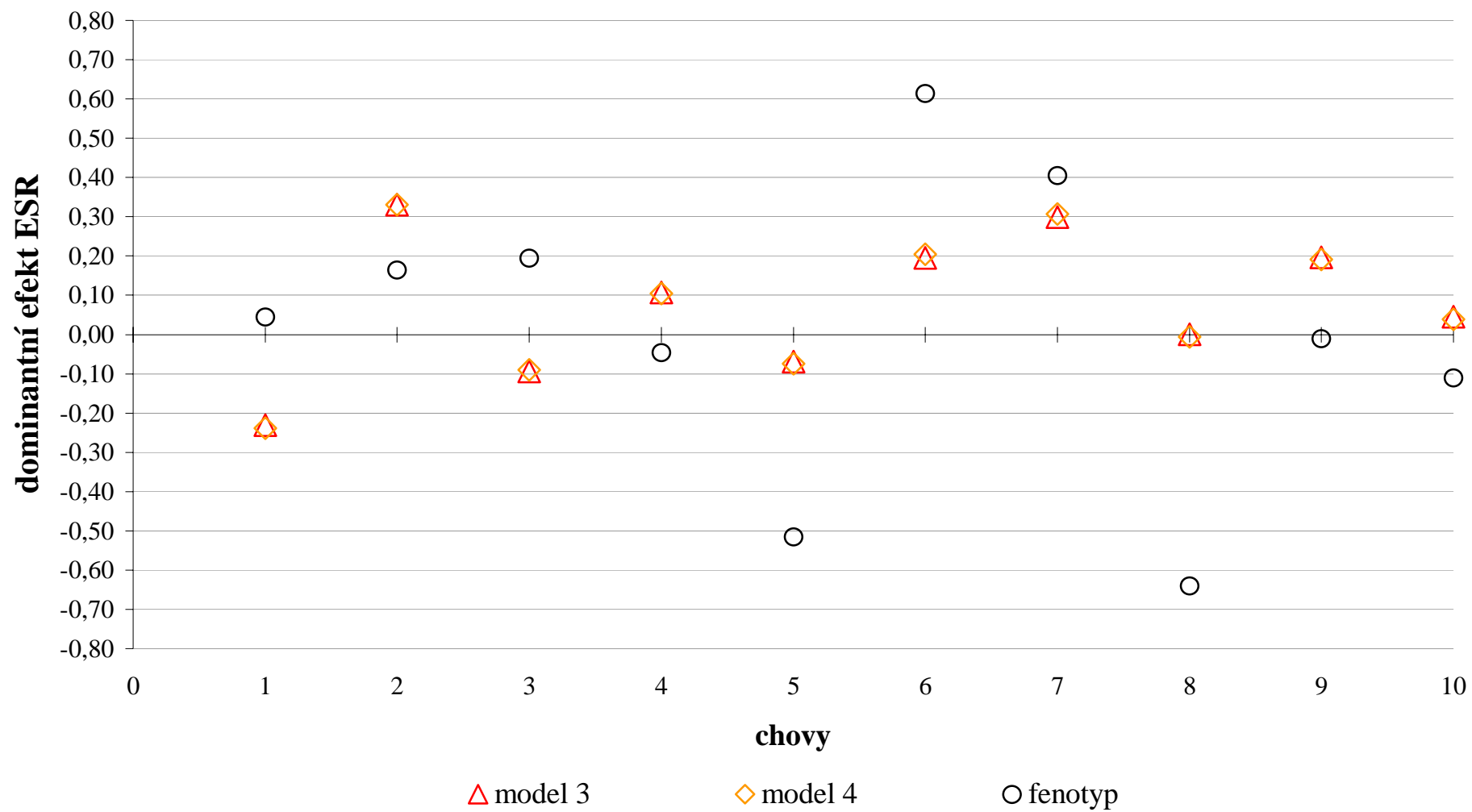
Tučná písmena označují efekty průkazně rozdílné od nuly nejméně s $P < 0,05$.

Graf 1 ADITIVNÍ EFEKT *ESR* NA PRŮMĚRNÝ DENNÍ PŘÍRŮSTEK OD NAROZENÍ V JEDNOTLIVÝCH CHOVECH

Graf 2 DOMINANTNÍ EFEKT *ESR* NA PRŮMĚRNÝ DENNÍ PŘÍRŮSTEK OD NAROZENÍ V JEDNOTLIVÝCH CHOVECH

Graf 3 ADITIVNÍ EFEKT *ESR* NA PODÍL LIBOVÉHO MASA V JEDNOTLIVÝCH CHOVECH

Graf 4 DOMINANTNÍ EFEKT ESR NA PODÍL LIBOVÉHO MASA V JEDNOTLIVÝCH CHOVECH



Odhady aditivního efektu *ESR* na počet živě narozených selat na prvních vrzích (tabulka č. 28, graf č. 5 a 6) se pohybovaly v rozmezí -1,6 do 0,4 selete. Aditivní efekty byly převážně záporné, ve třech chovech dosáhly průkazných záporných hodnot.

V chovu 6 byl průkazný aditivní efekt zjištěn pouze modely s náhodným efektem stádo-rok-období (model 1 a 3). Podobně v chovu 7 dosáhl aditivní efekt průkazné hodnoty při výpočtu modelem 1, aditivní efekt odhadnutý modelem 3 se pohyboval těsně pod hranicí průkaznosti. Aditivní efekt odhadnutý modelem 3 byl v chovu 6 vyšší než efekt odhadnutý modelem 1, v chovu 7 byla situace opačná. Na rozdíl od obou předchozích chovů byly v chovu 10 průkazné hodnoty aditivního efektu odhadnuté modely 2 a 4.

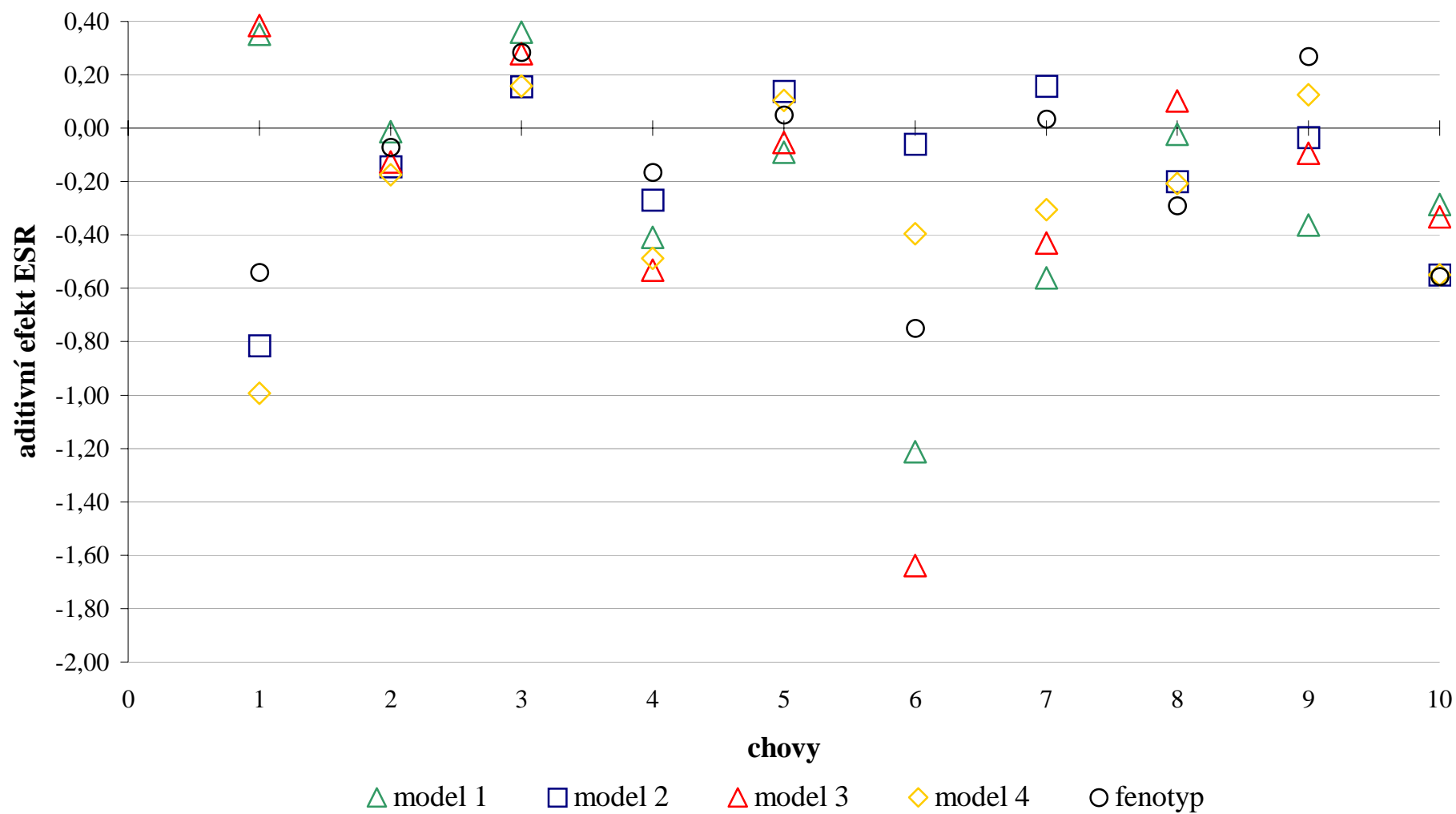
Odhady dominantního efektu se pohybovaly v rozmezí od - 1,2 do 1,2 selete. Ve většině chovů nabývaly záporných hodnot. Průkazný dominantní efekt - 0,89 živě narozeného selete na vrh byl zjištěn v chovu 7 modelem 3, hodnota dominantního efektu odhadnutá modelem 4 byla těsně pod hranicí průkaznosti.

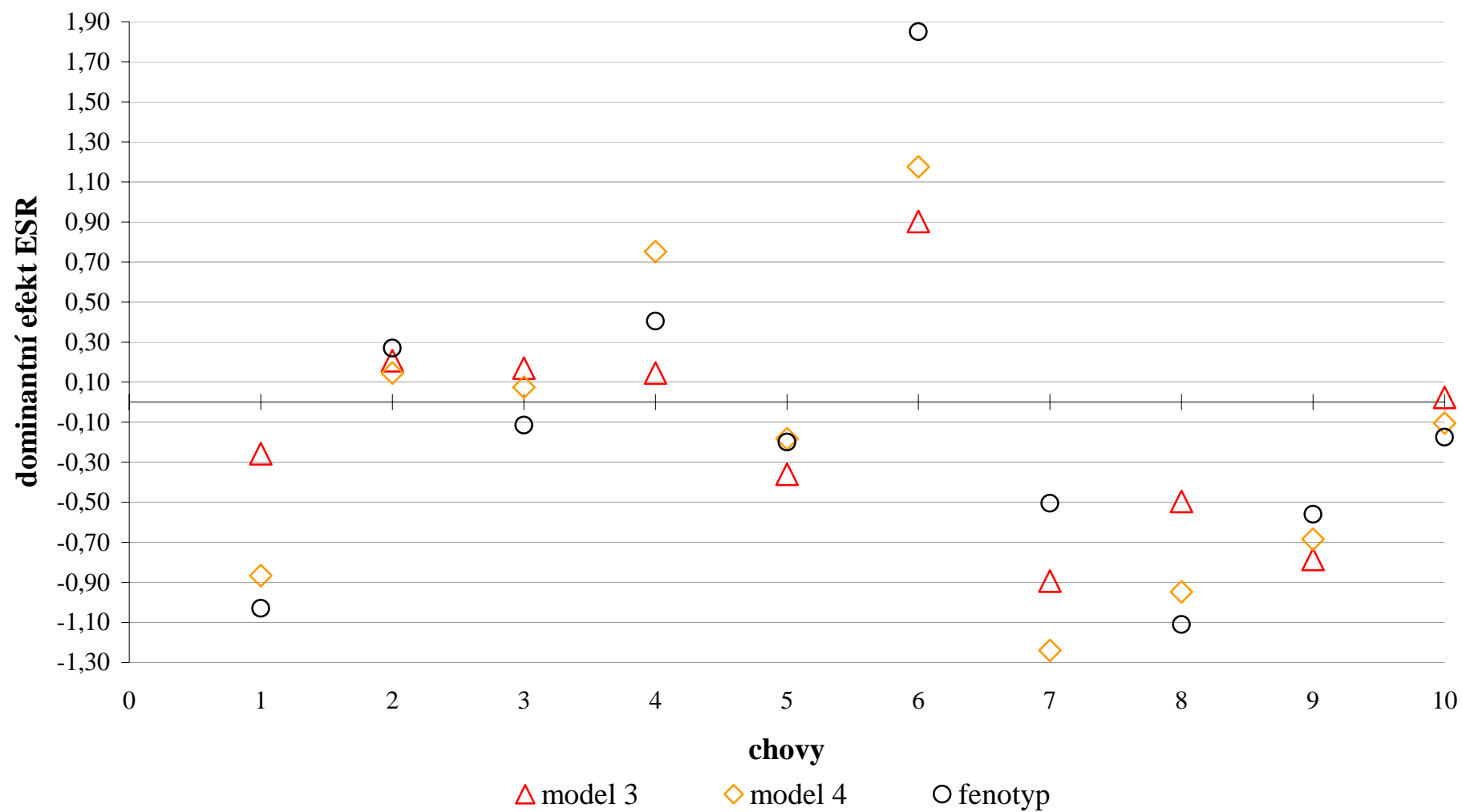
Tab. 28 Odhady aditivních a dominantních efektů *ESR* lokusu pro počet živě narozených selat na prvních vrzích v chovech

Chov	Model 1	Model 2	Model 3		Model 4	
	Aditivní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Dominantní ef. ± SE	Aditivní ef. ± SE	Dominantní ef. ± SE
1	0,35 ± 0,27	-0,82 ± 0,57	0,39 ± 0,31	-0,26 ± 0,46	-0,99 ± 0,58	-0,87 ± 0,63
2	-0,01 ± 0,23	-0,14 ± 0,32	-0,13 ± 0,27	0,21 ± 0,37	-0,17 ± 0,33	0,15 ± 0,41
3	0,36 ± 0,21	0,16 ± 0,30	0,28 ± 0,22	0,17 ± 0,35	0,16 ± 0,30	0,08 ± 0,43
4	-0,41 ± 0,27	-0,27 ± 0,42	-0,53 ± 0,34	0,15 ± 0,44	-0,49 ± 0,44	0,75 ± 0,54
5	-0,09 ± 0,24	0,14 ± 0,38	-0,05 ± 0,25	-0,36 ± 0,42	0,10 ± 0,40	-0,18 ± 0,53
6	-1,21 ± 0,32	-0,06 ± 0,75	-1,64 ± 0,40	0,90 ± 0,57	-0,40 ± 0,80	1,18 ± 0,92
7	-0,56 ± 0,22	0,16 ± 0,47	-0,43 ± 0,23	-0,89 ± 0,40	-0,31 ± 0,53	-1,24 ± 0,65
8	-0,02 ± 0,24	-0,20 ± 0,39	0,10 ± 0,27	-0,50 ± 0,42	-0,21 ± 0,39	-0,95 ± 0,55
9	-0,36 ± 0,27	-0,03 ± 0,38	-0,09 ± 0,33	-0,79 ± 0,46	0,13 ± 0,40	-0,68 ± 0,51
10	-0,29 ± 0,17	-0,55 ± 0,24	-0,33 ± 0,18	0,02 ± 0,26	-0,55 ± 0,24	-0,11 ± 0,29
Celk.	-0,17 ± 0,10	-0,19 ± 0,12	-0,17 ± 0,10	-0,13 ± 0,13	-0,18 ± 0,12	-0,18 ± 0,15

Tučná písmena označují efekty průkazně rozdílné od nuly nejméně s $P < 0,05$.

Graf 5 ADITIVNÍ EFEKT ESR NA POČET ŽIVĚ NAROZENÝCH SELAT NA PRVNÍCH VRZÍCH V JEDNOTLIVÝCH CHOVECH



Graf 6 DOMINANTNÍ EFEKT *ESR* NA POČET ŽIVĚ NAROZENÝCH SELAT NA PRVNÍCH VRZÍCH V JEDNOTLIVÝCH CHOVECH

Aditivní efekt *ESR* na počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích se pohyboval v rozmezí $-1,4$ do $0,5$ selete (tabulka č. 29, graf č. 7 a 8). Pro tento reprodukční ukazatel byly aditivní efekty ve čtyřech chovech odhadnuty všemi modely jako záporné, ve třech chovech jako kladné a ve zbývajících chovech byly hodnoty kladné nebo záporné v závislosti na použitých modelech.

Hodnoty aditivního efektu průkazně rozdílné od nuly byly zjištěny vždy nejméně jedním z modelů ve čtyřech chovech. Průkazné aditivní efekty v chovech 6, 7 a 9 byly záporné a dosahovaly hodnot od $-0,5$ do $-1,15$ selete, v chovu 3 byly hodnoty odhadů $0,5$ selete a byly kladné. V chovu 3 a 9 byly průkazné efekty odhadnuty modely 1 a 3, přičemž odhady modelem 3 byly vyšší než modelem 1. Naopak v chovu 7 byly průkazné aditivní efekty zjištěny modelem 2 a 4 s vyšší hodnotou odhadu modelem 2. V chovu 6 byly průkazné hodnoty aditivních efektů odhadnuty všemi modely.

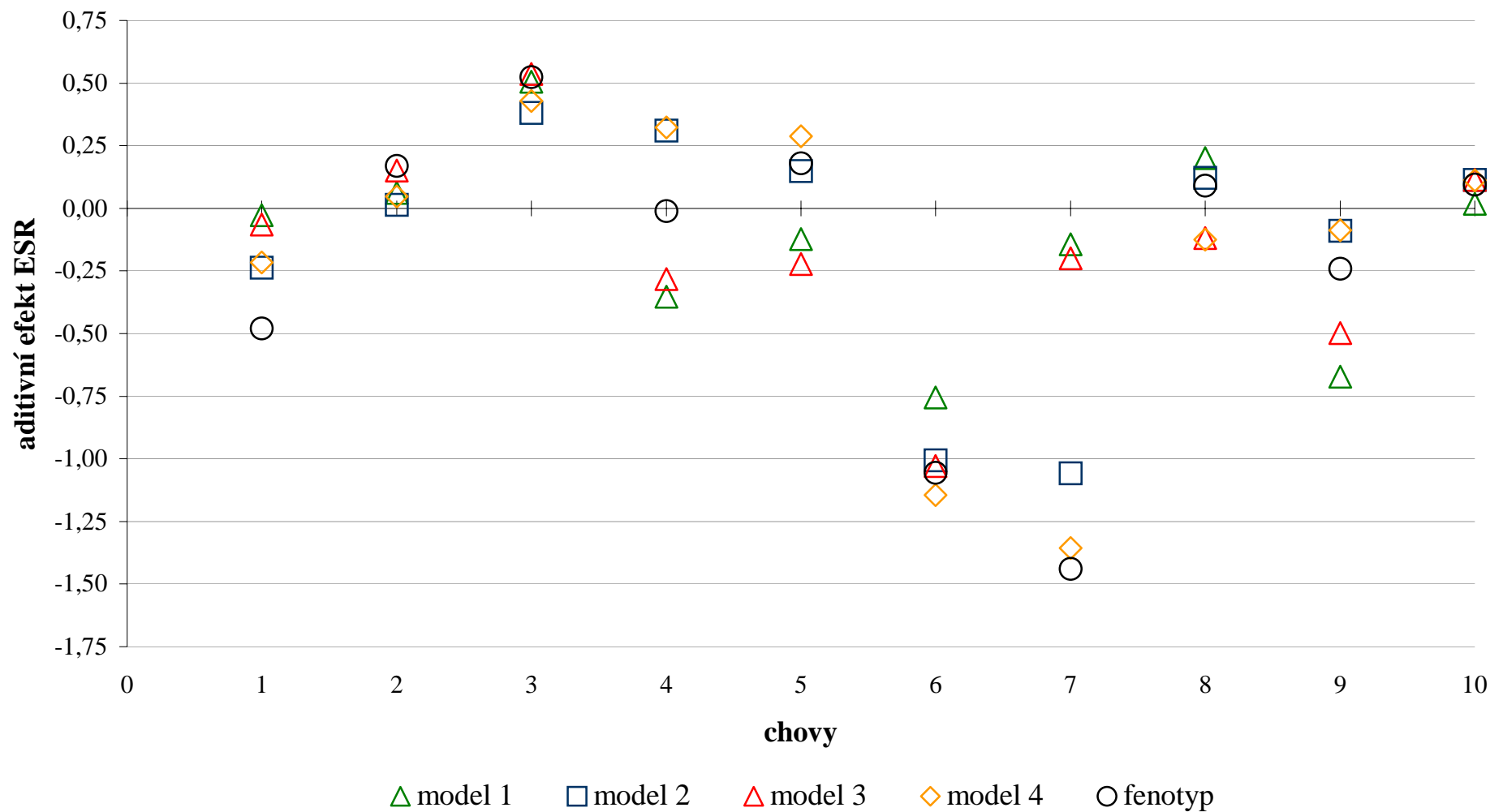
Dominantní efekt v rozmezí $-0,8$ až $0,9$ selete nabýval záporných hodnot v cca polovině chovů, kladných ve čtyřech chovech a kladných nebo záporných v závislosti na použitém modelu v jednom chovu. Ve dvou chovech (6 a 8) byl průkazně rozdílný od nuly, v obou případech byl kladný.

Tab. 29 Odhady aditivních a dominantních efektů *ESR* lokusu pro počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích v chovech

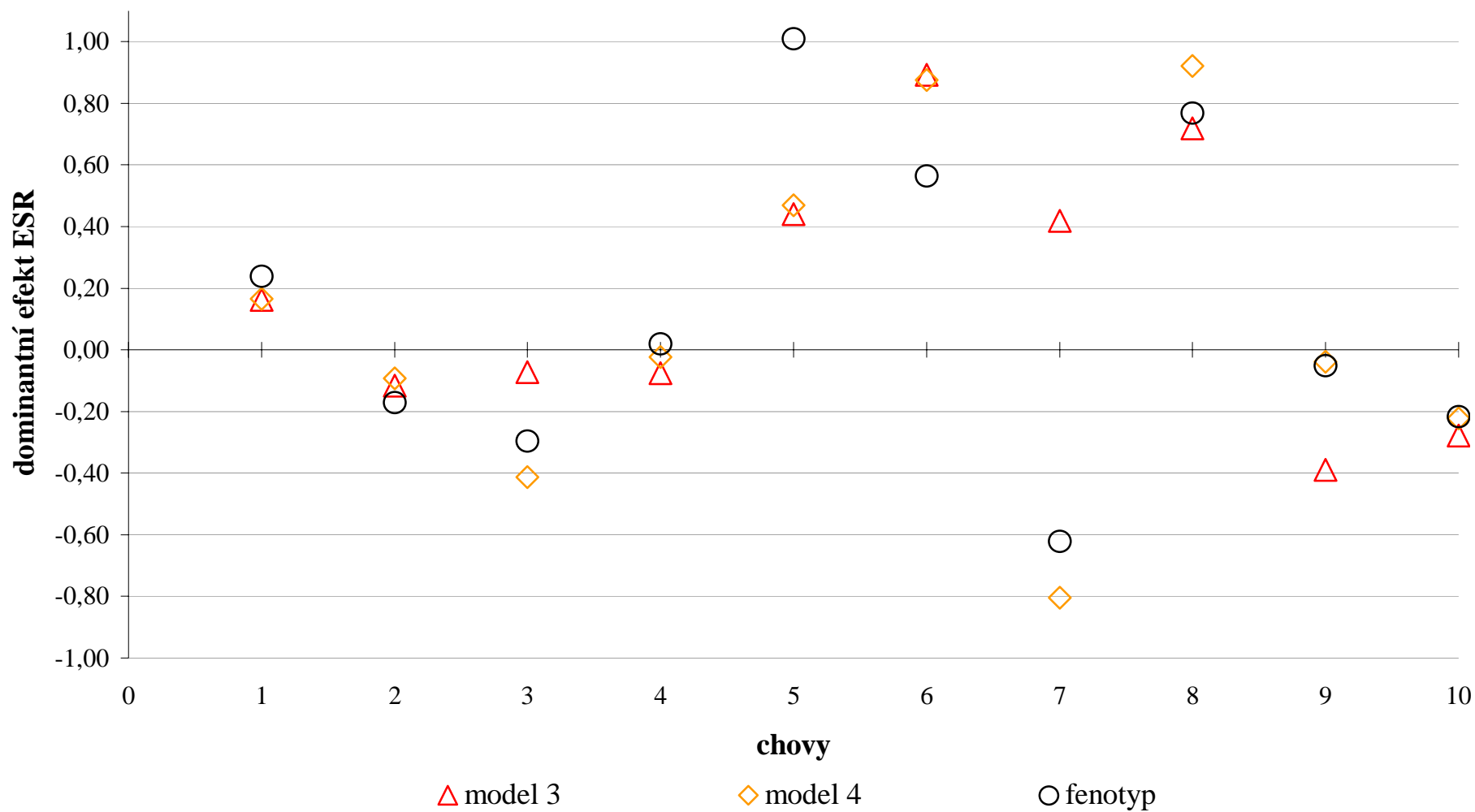
Chov	Model 1	Model 2	Model 3		Model 4	
	Aditivní ef. \pm SE	Aditivní ef. \pm SE	Aditivní ef. \pm SE	Dominantní ef. \pm SE	Aditivní ef. \pm SE	Dominantní ef. \pm SE
1	$-0,03 \pm 0,22$	$-0,24 \pm 0,39$	$-0,06 \pm 0,25$	$0,16 \pm 0,36$	$-0,22 \pm 0,40$	$0,17 \pm 0,44$
2	$0,06 \pm 0,23$	$0,02 \pm 0,31$	$0,15 \pm 0,31$	$-0,12 \pm 0,41$	$0,05 \pm 0,36$	$-0,09 \pm 0,44$
3	$0,50 \pm 0,18$	$0,38 \pm 0,22$	$0,54 \pm 0,20$	$-0,07 \pm 0,32$	$0,43 \pm 0,23$	$-0,41 \pm 0,35$
4	$-0,35 \pm 0,20$	$0,31 \pm 0,25$	$-0,28 \pm 0,25$	$-0,08 \pm 0,31$	$0,32 \pm 0,29$	$-0,02 \pm 0,32$
5	$-0,12 \pm 0,23$	$0,15 \pm 0,42$	$-0,22 \pm 0,24$	$0,44 \pm 0,41$	$0,29 \pm 0,45$	$0,47 \pm 0,58$
6	$-0,76 \pm 0,23$	$-1,01 \pm 0,34$	$-1,03 \pm 0,27$	$0,89 \pm 0,40$	$-1,15 \pm 0,34$	$0,88 \pm 0,44$
7	$-0,14 \pm 0,17$	$-1,06 \pm 0,31$	$-0,20 \pm 0,18$	$0,42 \pm 0,31$	$-1,36 \pm 0,34$	$-0,80 \pm 0,42$
8	$0,20 \pm 0,21$	$0,12 \pm 0,30$	$-0,12 \pm 0,26$	$0,72 \pm 0,33$	$-0,12 \pm 0,31$	$0,92 \pm 0,37$
9	$-0,67 \pm 0,20$	$-0,09 \pm 0,25$	$-0,50 \pm 0,24$	$-0,39 \pm 0,33$	$-0,09 \pm 0,27$	$-0,04 \pm 0,35$
10	$0,02 \pm 0,14$	$0,11 \pm 0,18$	$0,11 \pm 0,15$	$-0,28 \pm 0,22$	$0,11 \pm 0,18$	$-0,22 \pm 0,24$

Tučná písmena označují efekty průkazně rozdílné od nuly nejméně s $P < 0,05$.

Graf 7 ADITIVNÍ EFEKT *ESR* NA POČET ŽIVĚ NAROZENÝCH SELAT NA DRUHÝCH A DALŠÍCH VRZÍCH V JEDNOTLIVÝCH CHOVECH



Graf 8 DOMINANTNÍ EFEKT *ESR* NA POČET ŽIVĚ NAROZENÝCH SELAT NA DRUHÝCH A DALŠÍCH VRZÍCH V JEDNOTLIVÝCH CHOVECH



5.2.5. Asociace genotypů ESR s plemennými hodnotami u plemene Bílé ušlechtilé

Výsledky analýzy asociace genotypů ESR s plemennými hodnotami za přírůstek, hlavní masité části a počet živě narozených selat na 2. a dalších vrzích jsou pro všechny plemenice se známým genotypem ESR uvedeny v tabulce č. 30, plemenné hodnoty za počet živě narozených selat na 2. a dalších vrzích pro všechny prasnice na minimálně prvním vrhu a prasnice na minimálně 2. a dalším vrhu v tabulce č. 31.

Analýza PH poukázala na to, že mezi plemenicemi různých genotypů ESR není průkazný rozdíl v plemenných hodnotách za přírůstek, hlavní masité části ani za reprodukci na druhých a dalších vrzích. Nejvyšší průměrné plemenné hodnoty za přírůstek byly zjištěny u plemenic genotypu BB, následovaly plemenice genotypu AA a plemenice genotypu AB. Zjištěné rozdíly mezi plemennými hodnotami plemenic homozygotních genotypů dosáhly velmi podobných hodnot 3,2 a 3,3 g/den.

Nejvyšší průměrná plemenná hodnota za podíl hlavních masitých částí byla pozorována u plemenic genotypu AA. U plemenných hodnot z dubna 2003 byly zjištěny prakticky stejné hodnoty u plemenic s genotypy AB a BB, u plemenných hodnot z března 2004 měly znatelně nižší plemennou hodnotu plemenice genotypu AB. Rozdíl mezi homozygotními genotypy byl velmi malý a dosáhl 0,015 % a 0,01 %.

Také rozdíly plemenných hodnot za počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích jsou mezi plemenicemi jednotlivých genotypů velmi malé. U plemenných hodnot z dubna 2003 byly nejvyšší plemenné hodnoty zjištěny u plemenic genotypu AB, následovaly plemenice genotypu AA a nakonec BB. Rozdíl mezi homozygotními genotypy dosáhl pouze 0,01 živě narozeného selete, odchylka průměrné plemenné hodnoty heterozygotních prasnic od průměru plemenných hodnot homozygotních prasnic byla na úrovni 0,027. U plemenných hodnot z března 2004 měly také nejvyšší plemennou hodnotu plemenice genotypu AB a nižší, prakticky stejnou plemennou hodnotu plemenice genotypu AA a BB. Rozdíly mezi plemennými hodnotami homozygotních genotypů byly zanedbatelné, plemenice genotypu AB měly o 0,02 selete vyšší plemennou hodnotu než průměr homozygotních prasnic.

Tab. 30 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů plemenných hodnot za jednotlivé genotypy *ESR* u všech plemenic Bílé ušlechtilé

Znak	Genotyp	n	IV. 2003		III. 2004	
			Průměr	SE	Průměr	SE
PH přírůstku	AA	307	26,80	1,047	25,50	1,159
	AB	607	25,12	0,776	23,65	0,814
	BB	339	29,99	0,895	28,79	0,931
PH HRČ	AA	307	0,822	0,024	0,789	0,024
	AB	607	0,808	0,017	0,769	0,017
	BB	339	0,807	0,021	0,781	0,021
PH počtu živě narozených selat na 2. a dalších vrzích	AA	307	1,313	0,038	1,256	0,039
	AB	607	1,333	0,024	1,277	0,026
	BB	339	1,299	0,036	1,259	0,036

Vyhodnocením fenotypových hodnot reprodukčních vlastností animal modely byl zjištěn u analyzovaných datových souborů efekt *ESR* na vlastnosti velikosti vrhu. Proto byla provedena analýza asociace plemenných hodnot reprodukce s genotypy *ESR* pouze u prasnic, jejichž reprodukční užitkovost byla do vyhodnocení animal modely zahrnuta (tabulka č. 31).

Celkově byly rozdíly v plemenné hodnotě reprodukce mezi prasnicemi jednotlivých genotypů opět velmi malé a neprůkazné. Pořadí genotypů podle výše průměru za plemennou hodnotu reprodukce byl u prasnic na minimálně prvním i na druhém a dalším vrhu stejný a shoduje se zjištěními provedenými analýzou reprodukčních údajů. Nejvyšší plemenné hodnoty měly prasnice genotypu *AA*, následovaly prasnice genotypu *AB* a nejnižší plemennou hodnotu za reprodukci měly prasnice genotypu *BB*. Vyšší rozdíly mezi genotypy byly zjištěny u prasnic na všech vrzích. Rozdíl mezi plemennými hodnotami homozygotních genotypů u prasnic na druhých a dalších vrzích dosáhl v dubnu 2003 0,091 selete a byl vyšší než rozdíl 0,058 zjištěný z plemenných hodnot z března 2004. U prasnic na minimálně prvních vrzích byly zjištěny rozdíly homozygotních genotypů v dubnu 2003 a březnu 2004 0,058 a 0,033 selete.

Tab. 31 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů plemenných hodnot prasnic, u kterých byla zjišťována asociace *ESR* s fenotypovými hodnotami reprodukce animal modely

Znak	Genotyp	n	IV. 2003		III. 2004	
			Průměr	SE	Průměr	SE
PH počtu živě narozených selat na 2. a dalších vrzích u prasnic s minimálně 1. vrhem	AA	255	1,315	0,042	1,267	0,043
	AB	520	1,308	0,027	1,259	0,028
	BB	255	1,257	0,043	1,234	0,044
PH počtu živě narozených selat na 2. a dalších vrzích u prasnic s minimálně 2. vrhem	AA	225	1,298	0,046	1,247	0,047
	AB	429	1,275	0,030	1,237	0,032
	BB	197	1,207	0,051	1,189	0,053

5.2.6. Asociace genotypů ESR s plemennými hodnotami u plemene Landrase

Vyhodnocení asociace mezi genotypy ESR a plemennými hodnotami bylo provedeno také u plemene Landrase. Výsledky vyhodnocení jsou uvedeny v tabulce č. 32. U plemenic zahrnutých do vyhodnocení byly zjištěny průkazné rozdíly mezi genotypy v plemenné hodnotě za přírůstek a neprůkazné rozdíly mezi genotypy u ostatních plemenných hodnot. Vyšší plemenné hodnoty za přírůstek byly zjištěny u plemenic genotypů AA. Rozdíl dosáhl téměř 12 g/den a byl vysoce průkazný. Plemenná hodnota za hlavní masité části byla o 0,1 % vyšší u plemenic genotypu AB. Také plemenná hodnota počtu živě narozených selat na 2. a dalších vrzích byla vyšší u plemenic genotypu AB, rozdíl mezi genotypy dosáhl 0,12 živě narozeného selete.

Tab. 32 Počty pozorování, průměry a střední chyby průměrů plemenných hodnot za jednotlivé genotypy plemenic Landrase

Znak	Genotyp	n	IV. 2003		III. 2004	
			Průměr	SE	Průměr	SE
PH přírůstku	AA	313	38,826 ^c	1,135	34,52	1,099
	AB	21	26,967 ^d	3,919	25,63	4,158
PH HRČ	AA	313	0,884	0,022	0,805	0,021
	AB	21	0,982	0,082	0,844	0,079
PH počtu živě nar. selat na 2. a dalších vrzích	AA	313	1,982	0,031	1,921	0,033
	AB	21	1,862	0,113	1,770	0,116

Rozdílná písmena mezi genotypy v rámci znaku označují průkazné rozdíly: ^{a,b} P<0,05; ^{c,d} P<0,01.

6. DISKUSE

6.1. DATOVÉ SOUBORY

Sběr informací o genotypch *ESR-PvuII* byl u prasnic obou plemen spojen především s tvorbou superplodných linií plemene Bílé ušlechtilé a Landrase v České republice. Vzhledem ke způsobu sběru dat se nabízí otázka, do jaké míry frekvence alel a odhady efektů *ESR-PvuII* odráží skutečné frekvence a efekty *ESR* v obou populacích a do jaké míry byly ovlivněny výběrem vyhodnocovaných dat.

Superplodné linie jsou subpopulacemi plemene Bílé ušlechtilé a Landrase. U obou mateřských plemen vznikají ze stávajících populací výběrem prasnic s vynikající plodností (při zařazení TOP plemenné hodnoty za reprodukci maximálně 5 %, celoživotní užitkovost minimálně 12 živě narozených selat) a splňujících další podmínky požadované SCHPČM (počet struků, genotyp *RYR1*, plemenné hodnoty za přírůstek a HMČ). U prasniček musí podmínky fenotypu celoživotní užitkovosti splňovat jejich matka. Znalost *ESR* genotypu byla jednou z podmínek zápisu plemence do superplodné linie.

Do datových souborů, u kterých byl efekt *ESR* vyhodnocován, byly zahrnuty všechny plemence se známým genotypem *ESR* evidovaným v databázi SCHPČM, aniž by byl brán zřetel na jejich aktuální příslušnost k superplodné linii.

Pro vyhodnocované datové soubory prasnic plemene Bílé ušlechtilé je patrná klesající tendence užitkovosti v jednotlivých letech (tabulka č. 33), pravděpodobně způsobená narůstajícím podílem prasnic nepříslušejících k superplodné linii a četností vyhodnocovaných vrhů. Zatímco v roce 1999 představovaly vyhodnocované vrhy 2,2 % ze všech vrhů kontrolovaných v České republice (tabulka č. 35), v roce 2002 to bylo již 14,9 %. Velikost vrhů prasnic zahrnutých do vyhodnocovaných datových souborů byla vyšší než užitkovost v populaci. Pro počty všech, živě narozených a dochovaných selat dosáhl rozdíl 1,9; 1,8 a 1,4 selete v roce 1999 a 1,2; 1,3 a 1,0 v roce 2002. Hmotnost vrhu v 21 dnech v jednotlivých letech podobně jako u vlastností velikosti vrhu klesala.

U plemene Landrase byl podíl vyhodnocovaných vrhů (tabulka č. 34) vztažený ke všem vrhům kontrolovaným v České republice (tabulka č. 36) nižší než u plemene Bílé ušlechtilé. V roce 2001 tento podíl dosáhl 7,2 %, v roce 2002 9,6 %. Také

u vyhodnocovaných dat tohoto plemene byla zjištěna vyšší užitkovost v porovnání s užitkovostí dosaženou v jednotlivých letech v populaci.

U vyhodnocovaných datových souborů plemene Bílé ušlechtilé i Landrase byla pro všechny vlastnosti pozorována nižší variabilita než u dat populace.

Vzhledem k obecně vyšší užitkovosti prasnic ve vyhodnocovaném datovém souboru v porovnání s užitkovostí v populaci se dá předpokládat, že tato užitkovost byla podmíněna výkonnějšími genotypy prasnic a nelze tedy vyloučit ovlivnění odhadů efektů *ESR*. Vzhledem k tomu, že neznáme frekvence genotypů a alel ostatních genů v populaci jsou zjištěné asociace s užitkovostí platné pouze pro analyzovaný výběr zvířat.

Tab. 33 Reprodukční užitkovost prasnic plemene Bílé ušlechtilé zahrnutých do vyhodnocení efektů *ESR* dosažená v jednotlivých letech (datový soubor 2)

Rok	počet vrhů	Počet selat všech			Počet selat živě			Počet selat dochovaných			Hmotnost vrhu při dochovu			
		průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)	vrhů	průměr	SD	V (%)
1996-1998	101	13,5	2,66	19,7	12,7	2,49	19,7	11,3	1,99	17,6	59	60,0	11,62	19,4
1999	250	13,5	2,21	16,4	12,6	2,05	16,3	11,1	1,81	16,4	119	63,9	11,57	18,1
2000	564	13,3	2,35	17,6	12,7	2,23	17,6	11,1	1,94	17,5	251	62,9	11,87	18,9
2001	1167	12,9	2,44	18,9	12,2	2,26	18,5	10,7	1,99	18,6	517	58,4	13,62	23,3
2002	1492	13,1	2,34	17,9	12,4	2,22	18,0	10,8	2,07	19,2	564	57,6	13,18	22,9
2003	23	13,7	1,83	13,4	12,6	1,47	11,7	11,0	1,12	10,2	4	53,9	8,10	15,0
Celkem	3597	13,1	2,38	18,2	12,4	2,24	18,1	10,9	2,01	18,5	1514	59,3	13,14	22,2

Tab. 34 Reprodukční užitkovost prasnic plemene Landrase zahrnutých do vyhodnocení efektů *ESR* dosažená v jednotlivých letech

Rok	počet vrhů	Počet selat všech			Počet selat živě			Počet selat dochovaných			Hmotnost vrhu při dochovu			
		průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)	vrhů	průměr	SD	V (%)
1997-2000	123	14,5	2,37	16,3	13,7	2,08	15,2	12,1	1,76	14,5	92	67,4	10,73	15,9
2001	221	13,5	2,39	17,8	12,6	2,15	17,1	10,9	1,90	17,5	141	61,3	11,57	18,9
2002-2003	306	13,9	2,40	17,2	12,9	2,30	17,8	11,2	1,83	16,3	204	64,6	10,31	16,0
Celkem	650	13,9	2,42	17,4	12,9	2,24	17,3	11,3	1,89	16,8	437	64,1	11,02	17,2

Tab. 35 Vývoj fenotypových hodnot reprodukčních ukazatelů u plemene Bílé ušlechtilé (Ročenka SCHPČM, 1999 – 2003)

Rok	Počet prasnic ¹	počet vrhů ²	Počet selat všech nar.			Počet selat živě nar.			Počet selat dochovaných			Hmotnost vrhů v 21 dnech		
			průměr	SD ³	V (%) ⁴	průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)
1999	6879	11248	11,6	2,5	21,6	10,8	2,2	20,4	9,7	2,0	20,6	55,7	14,1	25,3
2000	6180	10097	11,7	2,5	21,4	11,0	2,3	20,9	9,8	2,0	20,4	56,5	13,9	24,6
2001	6143	10138	11,7	2,6	22,2	11,0	2,4	21,8	9,8	2,1	21,4	56,0	14,2	25,4
2002	6061	10001	11,9	2,6	22,7	11,1	2,5	22,5	9,8	2,2	22,4	57,7	14,7	25,5
2003	5198	8601	12,0	2,7	22,5	11,2	2,5	22,3	9,9	2,1	21,2	57,3	12,8	22,3

¹ počet prasnic kontrolovaných v daném roce, ² počet vrhů kontrolovaných v daném roce

Tab. 36 Vývoj fenotypových hodnot reprodukčních ukazatelů u plemene Landrase (Ročenka SCHPČM, 1999 – 2003)

Rok	Počet prasnic ¹	počet vrhů ²	Počet selat všech nar.			Počet selat živě nar.			Počet selat dochovaných			Hmotnost vrhů v 21 dnech		
			průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)	průměr	SD	V (%)
1999	2413	3679	11,5	2,6	22,6	10,7	2,4	22,4	9,8	2,2	22,4	59,2	14,3	24,2
2000	2121	3363	11,7	2,6	22,2	10,9	2,4	22,0	9,9	2,1	21,2	59,6	13,8	23,2
2001	1941	3064	12,0	2,6	21,7	11,1	2,5	22,5	9,9	2,1	21,2	57,5	13,4	23,3
2002	1984	3184	12,4	2,6	21,0	11,4	2,4	21,0	10,1	2,2	21,8	58,9	13,9	23,6
2003	1888	2996	12,6	2,7	21,4	11,7	2,5	21,4	10,3	2,1	20,4	59,0	12,4	21,0

¹ počet prasnic kontrolovaných v daném roce, ² počet vrhů kontrolovaných v daném roce

6.2. STATISTICKÁ ANALÝZA

Při tvorbě modelu použitého ke statistickému vyhodnocení datových souborů je nutné vycházet z modelu, který co nejpřesněji popisuje reálnou situaci. Vzhledem ke struktuře datových souborů a výpočetním možnostem hardware a software musí být stanoveny zjednodušení a předpoklady, které tento model více či méně odchyľují od jeho ideální podoby. Přes veškeré aproximace však musí model reprezentovat povahu výběru dat a odrážet biologii řešeného problému (Schaeffer, 1993).

K analýze efektů *ESR* na reprodukční a produkční vlastnosti v různých populacích byly využity především lineární modely s pevnými efekty - především procedura GLM v programovém balíku SAS[®] (Legault *et al.*, 1996; Gibson *et al.*, 2002), sire modely (Rothschild *et al.*, 1995, 1996; v modelech pro produkční vlastnosti Short *et al.*, 1997; Southwood *et al.*, 1998, 1999) nebo animal modely (Rothschild *et al.*, 1994; Southwood *et al.*, 1995; v modelech pro reprodukční vlastnosti Short *et al.*, 1997; Noguera *et al.*, 2003). Struktura modelových rovnic byla mezi jednotlivými studii velmi podobná. Modelové rovnice většinou zahrnovaly fixní efekty podmínek chovatelského prostředí v době oprasení nebo konce testu (sdružené nebo jednotlivé efekty stádo, rok, období), genotyp *ESR*, typ přípuštění, pořadí vrhu, případně efekt linie, doprovodné proměnné věk při oprasení v rámci pořadí vrhu nebo efekt generace u meziplemenných křížení. Animal modely obsahovaly aditivně genetický efekt jedince, sire modely efekt otce.

Na měřeném fenotypu užitkových vlastností se podílí efekt vyhodnocovaného OTL (v tomto případě kandidátního genu pro QTL), efekty ostatních genů a efekty prostředí. Z tohoto důvodu je vhodné využít k vyhodnocení takových metod, pomocí kterých je možné odhadnout efekty ostatních genů a tyto oddělit od efektu vyhodnocovaného genu.

Přes narůstající počet známých markerů nejsme (zatím) schopni odhadnout přesnou hodnotu genotypu, ale pouze jeho aditivní části. Weller (2001) stanovil obvyklé předpoklady, za kterých může být zjištěný výsledek efektu QTL považován za správný. Jedním z těchto předpokladů je neexistence interakce mezi analyzovaným QTL a ostatními lokusy (epistaze) a neexistence interakce mezi QTL a ostatními negenetickými faktory. Vzhledem k tomu, že při současné úrovni poznání není možné objektivně stanovit platnost těchto předpokladů, je třeba vyslovit otázku, do jaké míry je výsledek odhadu efektu vyhodnocovaného genu způsoben samotným genem a do jaké míry je ovlivněn efekty alel ostatních genů přítomných

v dané populaci (vyhodnocovaném datovém souboru) nebo interakcemi alel vyhodnocovaného genu s ostatními geny genetického pozadí.

Z hlediska snahy o eliminaci efektu genotypů genetického pozadí byly ve studiích vyhodnocujících efekt *ESR* nalezeny dvě zajímavé strategie. První z nich se opírá o metody mapování genomu. Rothschild *et al.* (1995, 1996) vyhodnocoval pomocí animal modelu pouze datové soubory tvořené skupinami sester, kdy v každé skupině byly pouze reprodukční údaje sester s nejméně dvěma různými genotypy *ESR*. Pro zajištění dostatečného počtu sester využili autoři záměrné připařování rodičů se známým genotypem *ESR* (*AAxAB*, *ABxAB*, *ABxBB*). Tento experiment byl sice využit pouze u kříženců Large White s Mesihanem, ale mohl by vést ke zpřesnění výsledků odhadů efektu analyzovaného markeru nejen u meziplenných křížení, ale i v rámci populací.

Naopak Short *et al.* (1997) zvyšoval počet genotypovaných zvířat zahrnutých do analýzy, až byly výsledky efektu *ESR* konstantní. V práci byla vyhodnocena data 4262 prvních vrhů a 4753 druhých a dalších vrhů k odhadu efektů *ESR* na velikost vrhu a data více než 26000 kanečků a prasniček k odhadu efektů *ESR* na produkční vlastnosti. Autoři uvádějí, že statistická průkaznost efektů *ESR* se s zvětšujícím se rozsahem genotypovaných prasnic zvyšovala. Autoři na základě výsledků předpokládali, že k odhadu stabilního efektu vyhodnocovaného genu 0,4 selete na vrh je třeba vyhodnotit data o rozsahu nejméně 1000 vrhů.

Podle mého názoru je velký rozsah dat zárukou přesnějšího odhadu efektu vyhodnocovaného genu vzhledem k tomu, že u velkého počtu vyhodnocovaných příbuzných zvířat je možné považovat odchylku mezi odhadovanými aditivními efekty a skutečnými efekty genetického pozadí za minimální. Také odchylka mezi odhadovanými a skutečnými efekty prostředí se s narůstajícím počtem zvířat minimalizuje. Výhody přesnějšího odhadu efektu kandidátního genu jsou však dosaženy za cenu vysokých nákladů na stanovení genotypů.

Na základě rozsahu datových souborů využitých v této analýze je pravděpodobně možné vysvětlit také poměrně vysokou podobnost odhadnutých efektů *ESR* s hodnotami efektů zjištěných analýzou fenotypových údajů. U velkého rozsahu dat dochází v konečném důsledku k eliminaci odchylek způsobených nevybalancovaností dat v identifikovatelných efektech prostředí i k eliminaci odchylek v odhadech aditivně genetické složky způsobených nepřítomností příbuzných jedinců. U malého počtu vyhodnocovaných zvířat, jako například při vyhodnocení efektů *ESR* v jednotlivých chovech, nemusí tento vztah mezi fenotypovými

průměry a efekty vyhodnocovaného genu ani při vybalancovaných datech platit. Velkou roli pravděpodobně sehrává také fakt, že *ESR* má pouze 3 úrovně.

Datové soubory plemenic vyhodnocovaných v České republice sice nedosahovaly rozsahu práce Shorta *et al.* (1997), ale po pracích Rothschilda *et al.* (1995, 1996) a Shorta *et al.* (1997) byly svým rozsahem čtvrtými největšími ze všech publikovaných prací. Důležitost velkého rozsahu dat k odhadu poměrně malých efektů hodnoceného genu byla pozorována i v této práci. Vyhodnocením všech dat prasnic se stanoveným genotypem *ESR* byly zjištěny průkazné a vysoce průkazné efekty na vlastnosti velikosti vrhu jak na prvních, na druhých a dalších i na všech vrzích. Vyhodnocením dat vybraných 10 chovů, které představovaly cca 70 % dat původních však průkazné efekty nebyly zjištěny, ačkoli u počtu živě narozených selat byla tendence k vyšší velikosti vrhu spojená s alelou *A* přesto pozorována.

Z hlediska vyhodnocení asociací kandidátních genů s užitkovostí je ale nutné uvažovat také o tom, že vyhodnocovaný polymorfismus nemusí být příčinnou mutací, ale segreguje společně s alelami vázaného QTL. V tomto případě není možné rozlišit mezi velikostí QTL efektu a jeho genetickou vzdáleností k vyhodnocovanému polymorfismu kandidátního genu, která může být rozdílná i v rámci populace.

6.2.1. Modelové rovnice využité k odhadům efektů *ESR*

Pro odhad efektů genotypů a alel *ESR* – *PvuII* k produkčním vlastnostem a k počtu živě narozených selat na prvních a na druhých a dalších vrzích byly použity animal modely se strukturou rovnic odvozených od rovnic využívaných v České republice k odhadům plemenné hodnoty (Wolf *et al.*, 1999). Pro vyhodnocení asociací *ESR* s vlastnostmi reprodukce na všech vrzích byl použit čtyřznakový animal model podle Wolfa *et al.* (2002a, b). Oba animal modely byly využity ve čtyřech variantách lišících se zahrnutím nebo nezahrnutím dominantního efektu a typem efektu stádo-rok-období (pevný nebo náhodný).

Důvodem zahrnutí pevného nebo náhodného efektu stádo-rok-období byl nízký počet pozorování v rámci jednotlivých úrovní tohoto efektu (tabulka č. 37). Použití efektu stádo-rok-období jako náhodného snižuje velikost chyby odhadu aditivně genetických efektů způsobené nízkým počtem pozorování v rámci jednotlivých úrovní tohoto efektu. Frey *et al.* (1997) testovali vliv efektu stádo-rok-období na přesnost odhadu po náhodném vyloučení údajů z datových souborů. Zjistili, že model s náhodným efektem v porovnání s pevným

efektem stádo-rok-období poskytuje přesnější predikce v případě 10 a méně pozorování v úrovních tohoto efektu, rozdíly v přesnosti predikce u modelů s vyšším počtem pozorování v rámci úrovní efektu stádo-rok-období byly velmi malé. Také Oikawa a Sato (1997) nezjistili rozdíly v přesnosti odhadu plemenných hodnot s použitím pevného nebo náhodného efektu chovu v případě, že vyhodnocovaný soubor dat byl tvořen početně velkými chovy, u malých chovů byly predikce přesnější v případě použití náhodného efektu chovu.

Na druhé straně ale při použití stádo-rok-období jako náhodného efektu v případě, že σ^2 tohoto efektu je blízká 0 dochází podle Götze (1998) (cit. Peškovičová, 2000) prakticky k vynechání tohoto efektu z modelu. Při odhadech efektů *ESR* v této práci byly využity genetické parametry podle Wolfa *et al.* (1999, 2002a, 2002b). Ve všech těchto pracích byla zjištěna velmi nízká úroveň podílů variance tohoto efektu k celkové fenotypové varianci. Pro odhady efektů *ESR* v datovém souboru 1 byly využity podíly variance 0,05 pro počet živě narozených selat na prvním vrhu a 0,01 pro počet živě narozených selat na druhém a dalších vrzích (Wolf *et al.*, 1999), pro vyhodnocení efektu *ESR* v modelech s opakováním podobně nízké hodnoty 0,02 pro počet všech narozených, 0,03 pro počet živě narozených, 0,04 pro počet dochovaných selat a 0,12 pro hmotnost vrhu při dochovu (Wolf *et al.*, 2002a, b).

Podle Visschera a Goddarda (1993) může použití náhodného efektu tzv. „contemporary groups“ (sdružených efektů modelujících efekty času a chovatelského prostředí) způsobit chyby v predikci plemenných hodnot v případě, že existuje nenáhodný vztah mezi plemeníky a těmito efekty prostředí. Také Oikawa a Sato (1997) doporučuje použití efektu stádo-rok-období jako pevného v případě nenáhodného rozložení v rodinách nebo za předpokladu nenáhodného připařování plemeníků v chovech. Podle Wolfa a Wolfové (1999) by z praktických důvodů měl být sdružený efekt stádo-rok-období považován za náhodný tam, kde je velký počet úrovní s malou četností pozorování, ale rozhodnutí o typu efektu musí být stanoveno vždy zvlášť pro určitou konkrétní situaci.

Pro vyhodnocované datové soubory vlastní užítkovosti a reprodukce bylo charakteristické velmi různorodé zastoupení zvířat v úrovních efektů stádo-rok-období. U datových souborů reprodukce bylo nutné provést slučování některých úrovní, aby byl zajištěn aspoň minimální počet pozorování v rámci úrovní efektu. Slučování jednotlivých úrovní efektu stádo-rok-období bylo provedeno vždy v rámci chovu přes jednotlivé roky s respektováním čtvrtletí, ve kterém byl vrh původně evidován. Po úpravě pozorování v rámci efektu stádo-rok-období se více než 10 % dat nacházelo v úrovních sro s méně než pěti pozorováními a téměř 35 % dat v úrovních sro s méně než 10 pozorováními (tabulka č. 37).

Tab. 37 Četnosti pozorování v rámci úrovní efektu stádo-rok-odobí pro vlastnosti reprodukce (datový soubor 2)

Celkový počet vrhů (n)	3597
Počet úrovní sro	375
Počet vrhů u úrovní sro s $n < 5$	383
Počet vrhů u úrovní sro s $n \leq 10$	1256
Počet vrhů u úrovní sro s $n > 10$	2341
Průměrný počet vrhů v rámci sro	9,59

Poměrně nízký počet pozorování v některých úrovních efektu stádo-rok-období byl způsoben celkově nízkým počtem genotypovaných zvířat v některých chovech a sběrem dat rozloženým do delšího časového období. Z tohoto hlediska by bylo vhodnější při plánování experimentu vedoucího k vyhodnocení efektu *ESR* nebo jakéhokoli jiného markeru provést v jednotlivých chovech stanovení genotypu většího počtu jedinců a tuto testaci provést v několika různých chovech.

Z hlediska odhadu efektu *ESR* a jeho eliminaci od efektů ostatních genů a od efektu prostředí by bylo také ideální, kdyby byly mezi příbuznými jedinci i v rámci jednotlivých úrovní efektů stádo-rok-období zastoupeny všechny genotypy. Ve vyhodnocovaném datovém souboru reprodukce (datový soubor 2) byly všechny genotypy pozorovány ve 151 (54,9 %) úrovních efektu stádo-rok-období se 67,1 % všech vrhů.

Výsledky predikce aditivně genetických hodnot jedinců (efekt animal) se mezi modely s pevnými a náhodnými efekty stádo-rok-období lišily. Korelace predikovaných aditivně genetických hodnot mezi modely s náhodnými efekty sro (modely 1 a 3) i pevnými efekty sro (modely 2 a 4) dosahovaly úrovně 99,9 %, mezi modely s pevnými a náhodnými efekty sro 66,8 %. U modelů s pevným efektem stádo-rok-období byla úroveň predikovaných aditivních genetických efektů nižší než u modelů s náhodným efektem. Aditivně genetické hodnoty u modelů s náhodnými efekty sro byly podobnější plemenným hodnotám (duben 2003) v porovnání s aditivně genetickými hodnotami modelů s pevnými efekty sro. Korelační koeficienty dosáhly 74,5 % a 47,9 %.

Přestože se predikce aditivně genetické složky mezi modely s různým typem efektu stádo-rok-období lišily, odhadované efekty *ESR* v obou datových souborech i při vyhodnocení za vybrané chovy celkem si byly pro všechny modely velmi podobné a vzhledem k výši jejich středních chyb statisticky nerozdílné. Větší rozdíly byly zjištěny pouze při vyhodnocení počtu živě narozených selat na druhých a dalších vrzích, ale ani u této vlastnosti nebyly odhadnuté

výsledky mezi sebou rozdílné, přestože znamenaly prokázání, respektive neprokázání efektu *ESR*. Prakticky stejné výsledky odhadů efektů *ESR* mezi modely lišícími se typem efektu stádo-rok-období byly zaznamenány také při celkovém vyhodnocení dat za vybrané chovy.

Větší rozdíly byly zjištěny při vyhodnocení efektu *ESR* na reprodukční vlastnosti v jednotlivých chovech. Poměrně velké rozdíly mezi modely lišícími se typem efektu stádo-rok-období (modely 1 a 3 versus 2 a 4) byly zjištěny při vyhodnocení aditivních efektů *ESR* na počet živě narozených selat na prvních vrzích v chovech 1, 5, 6 a 7, při vyhodnocení aditivních efektů *ESR* na počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích v chovech 4, 7 a 9. Tyto rozdíly mohly být způsobeny celkově nižším počtem pozorování pro počet narozených selat na prvních vrzích (např. chovy 1 a 6) nebo nerovnoměrnou distribucí jednotlivých genotypů. Například v chovech 5 a 7 byl počet prasnic genotypu *AA* asi třetinový v porovnání s počtem prasnic genotypů *BB*, v chovu 4 a 9 byl poměr homozygotních genotypů opačný.

Zahrnutím (modely 3 a 4) nebo nezahrnutím (modely 1 a 2) dominantního efektu *ESR* nebyly celkové výsledky aditivních efektů *ESR* (vyhodnocení datového souboru 1 a 2 a vyhodnocení výsledků za vybrané chovy celkem) rovněž ovlivněny. Větší rozdíly byly zjištěny na některých chovech, tyto rozdíly však byly nižší než rozdíly způsobené typem efektu stádo-rok-období. Při vyhodnocení efektu *ESR* na přírůstek byly značné rozdíly zjištěny na chovu 4 a 6, u počtu živě narozených selat na prvních vrzích na chovu 6, 7 a 9, u počtu živě narozených selat na druhých a dalších vrzích především na chovech 6, 7 a 8. Téměř na všech chovech, kde byly mezi modely pozorovány rozdíly v aditivních efektech *ESR*, byly dominantní efekty průkazné nebo blízké hladině statistické průkaznosti. Z tohoto důvodu je možné se domnívat, že nezahrnutí dominantního efektu je možné pouze za předpokladu aditivního působení vyhodnocovaného genu. Dominantní efekt by tedy měl být při analýze efektů genetických markerů do modelových rovnic zahrnut.

6.3. ČETNOSTI GENOTYPŮ A ALEL *ESR* - *PvuII* V MATEŘSKÝCH POPULACÍCH PRASAT

V genotypových a alelických frekvencích byl zjištěn mezi hlavními mateřskými plemeny v České republice významný rozdíl. Zatímco u plemene Landrase četnost alely *A* 0,97 výrazně převýšila četnost alely *B*, u plemene Bílé ušlechtilé se četnosti obou alel téměř rovnaly. U všech genotypovaných plemenic byla zjištěna četnost alely *A* 0,49, u žijících plemenic nepatrně nižší frekvence na úrovni 0,48. Hodnotíme-li frekvence alel u mateřských plemen v České republice, zajímavá je studie Novákové (2003) u plemene Přeštické černostrakaté. Četnost alely *A* 0,86 byla vyšší než u plemene Bílé ušlechtilé a nižší než u plemene Landrase. Očekávané četnosti genotypů odpovídaly četnostem skutečným *AA* 73,2 %, *AB* 24,7 % a *BB* 2,1 %.

Frekvence alel u plemene Bílé ušlechtilé a Landrase jsou podobné výsledkům zjištěným v jiných populacích. U plemene Large White a v populacích odvozených od plemene Large White se frekvence alely *B* pohybovala od 0,35 do 0,72 (Rothschild *et al.*, 1995; Southwood *et al.*, 1995; Short *et al.*, 1997; Vrtková *et al.*, 1999; Vrtková a Dvořák, 2001; Leeds *et al.*, 2002). V porovnání s četností alel u námi vyhodnocovaného souboru zjistil velmi blízkou četnost alely *B* Short *et al.* (1997).

Na rozdíl od plemene Large White nebyla u plemene Landrase alela *B* vůbec nalezena nebo její frekvence dosahovala poměrně nízkých hodnot. Žádný polymorfismus *ESR-PvuII* nenalezli u plemene Landrase v Německu Drögemüller *et al.* (1999) u 709 prasniček po 27 kancích a 542 prasnicích, Drögemüller *et al.* (2001) u 1672 plemenic ani Steinhauer *et al.* (2002) u 125 prasnic. Na rozdíl od jejich zjištění byl v jiných populacích plemene Landrase *ESR* polymorfismus dokumentován. V těchto pracích byla četnost alely *B* stabilnější než u plemene Large White – pohybovala se od 0,03 do 0,10. U plemene Landrase v Polsku zjistili Kmiec *et al.* (2002) četnost alely *B* ve výši 0,06 u 207 prasnic, podobné hodnoty 0,03 až 0,10 publikovali Natoloczna-Kotara (2002) u 178 plemenic ze tří chovů. Omelka (2003) zjistil četnost alely *B* 0,08 u 132 plemenic Landrase na Slovensku. Také v České republice publikovali velmi podobnou četnost alely *B* 0,08 Vrtková *et al.* (1999) u 660 prasnic a 34 kanců, četnost 0,03 a 0,10 u 157 prasnic ze dvou chovů (Putnová *et al.*, 2001) a četnost 0,09 u 284 prasnic plemene Landrase ze čtyř chovů (Vrtková a Dvořák, 2001). Frekvenci alely *B* 0,10 včetně výskytu genotypu *BB* stanovil Noguera *et al.* (2003) u 235 prasnic dvou linií Landrase ve Španělsku.

Změny alelických četností v populaci lze očekávat v důsledku mutace, migrace

a selekce. V populacích plemen Bílé ušlechtilé a Landrase, které jsou téměř uzavřeny jakékoli imigrací, se dá přepokládat posun alelických četností především v důsledku selekce, případně genetického driftu. Z porovnání mezi studii, které by mohly naznačit jak je vývoj populace v čase kopírován změnou frekvencí alel, u kterých předpokládáme vliv na úroveň některého ze selekčních kritérií, je u Bílého ušlechtilého a Landrase patrný rozdílný vývoj ve frekvencích alel.

Vývoj v četnostech alel u zvířat narozených v jednotlivých letech dokládá, že u sledovaného souboru plemene Bílé ušlechtilé došlo k mírnému zvyšování frekvence alely *B* způsobeném pravděpodobně záměrnou selekcí zvířat nesoucích tuto alelu. U prasnic narozených před rokem 1999 dosáhla četnost alely *B* 0,37, frekvenci alely *B* na podobné úrovni publikovala i Vrtková *et al.* (1999) a Vrtková a Dvořák (2001). U plemenic narozených v letech 1999 až 2001 došlo ke zvýšení četnosti alely *B* na úroveň, která odpovídá celkovým, přibližně intermediárním výsledkům. Výrazně vyšší četnost alely *B* byla nalezena u plemenic narozených v roce 2002. Nárůst zvířat *BB* genotypů, který je pravděpodobně příčinou průkazného rozdílu mezi očekávanými a skutečnými četnostmi genotypů, podporuje domněnku o změně četností alel *ESR* z důvodu selekce.

Domněnku o změně četností alel *ESR* z důvodu selekce podporuje nárůst zvířat *BB* genotypů, který způsobuje průkazný rozdíl mezi očekávanými a skutečnými četnostmi genotypů. U kanců plemene Bílé ušlechtilé se četnost alely *B* v jednotlivých letech pohybovala na intermediární úrovni a frekvence nekopírovaly změny v populaci plemenic.

Přes nízký počet prasnic genotypu *AB* u plemene Landrase se zdá být trend ve vývoji frekvence alely *B* opačný než u plemene Bílé ušlechtilé. Z porovnání četností u zvířat narozených v letech 1999 až 2002 je patrná klesající tendence četnosti alely *B*. Tento trend potvrzuje porovnání četnosti alely *B* 0,03, zjištěné u vyhodnocovaných prasnic v této práci, s četností alely *B* 0,08, publikované Vrtkovou *et al.* (1999), a s četností alely *B* 0,09, publikovanou Vrtkovou a Dvořákem (2001). Podobné snížení frekvence alely *B* dokládá i vývoj alelických četností u kanců.

Genotypové a alelické frekvence byly zjišťovány u prasniček a kaneček po výběru do plemenitby i u prasnic na prvním nebo vyšším vrhu. Odpovídají tedy stavu populace po selekci (užitkovost, konstituce, zevnějšek, zdraví apod.), ať už selekci při odchovu, po unifikované testaci, základním výběru a u prasnic na vyšších vrzích také po selekci na reprodukční užitkovost. Pro zodpovězení otázky, zda trend ve vývoji četností alel odráží vývoj v celé populaci, nebo zda dochází ke změně v četnosti pouze u zvířat, které již byly selektovány, by bylo nutné provést plošný screening frekvencí alel v různých věkových

kategoriích. Zmapování situace počínaje narozenými selaty by přineslo také odpověď na otázku o přítomnosti nebo nepřítomnosti genotypu *BB* v populacích Landrase.

Plemenice genotypu *BB* byly u plemene Landrase nalezeny pouze ve dvou studiích (Vrtková *et al.*, 1999; Noguera *et al.*, 2003), přestože hodnoty četnosti alely *B* byly v těchto pracích velmi podobné se zjištěními ostatních autorů. Nepřítomnost genotypu *BB* je možné vysvětlit nízkou frekvencí alely *B* a počtem genotypovaných zvířat. Nelze však vyloučit ani možnost, že zvířata genotypu *BB* jsou u plemene Landrase selektována. Důvodem takovéto selekce by mohla být skutečnost, že alela *B* buď přímo nebo v interakci s jinými geny genového pozadí negativně ovlivňuje některé ze selekčních kritérií využívané při základním výběru samičí populace, zapojení do reprodukce nebo je přímo spojena s fitness zvířat.

Rothschild *et al.* (1996) předpokládal přítomnost *PvuII ESR* polymorfismu především u plemene Large White a komerčních linií s Large White jako důsledek křížení předků tohoto plemene s čínskými plemeny v Anglii v 18. století. Noguera *et al.* (2003) na základě podobnosti mitochondriální DNA mezi zvířaty plemene Landrase ve Španělsku a mezi čínskými plemeny soudil, že podobně jako u Large White pochází alela *B* od čínských plemen. Mnohé práce dokázaly, že u plemene Landrase je *ESR-PvuII* restriční místo polymorfní. Pouze u plemenic Landrase v Německu nebyl *ESR* polymorfismus nalezen (Drögemüller *et al.*, 1999; Drögemüller *et al.*, 2001). Vzhledem k počtu genotypovaných zvířat nebyla s největší pravděpodobností nepřítomnost *ESR* polymorfismu způsobena výběrovou chybou. Na jedné straně by bylo možné vysvětlit nepřítomnost *ESR* polymorfismu tím, že obě kategorie genotypovaných zvířat jsou kategorie, které již byly selektovány, a proto nelze vyloučit přítomnost *ESR* polymorfismu u selat. Druhou možností je nepřítomnost *ESR* polymorfismu u celé populace. Steinhauer *et al.* (2002) také nenalezl u mnohem menšího počtu 125 plemenic Landrase v Německu alelu *B*. V této práci byl ale zjišťován genotyp také u 12 kanců plemene Landrase a ačkoli autoři neuvádějí žádné frekvence alel u těchto kanců, pocházelo 5 z 216 analyzovaných vrhů po kancích genotypu *AB*. S přihlédnutím k faktu, že alela *B* byla nalezena v populacích Landrase v Polsku, Slovensku, Španělsku i České republice a nakonec i v práci Steinhauera *et al.* (2002) a vzhledem ke klesající četnosti alely *B* u plemene Landrase v České republice, je možné se domnívat, že alela *B* byla u prasnic plemene Landrase v Německu odselektována.

Příčinu nízké frekvence alely *B* a možnost jejího dalšího snižování u plemene Landrase není možné na dnešní úrovni poznání jednoznačně vysvětlit. Dosud není jasné, se kterou komponentou reprodukce by mohl být polymorfismus *ESR-PvuII* asociován.

Z literárních údajů je patrné, že *ESR-PvuII* nebyl asociován s počty žlutých tělísek (Van Rens *et al.*, 2002; Gibson *et al.*, 2002) ani počty vitálních 35-36 denních embryí (Van Rens *et al.*, 2002). Van Rens *et al.* (2000) zjistili mezi prasnicemi rozdílných genotypů rozdílné velikosti placent, přestože hmotnost a délka embryí byla mezi genotypy stejná, rozdílné genotypy neměly vliv na délku estru, parametry hladin lutropinu, estradiolu a progesteronu ani hmotnost ovarií. Isler *et al.* (2002) nezjistil průkazné asociace mezi *ESR-PvuII* a fyziologickými znaky prasnic zabívaných 75. den březosti, ale přežitelnost plodů, celková délka dělohy, celková hmotnost plodů, celkový počet mumifikovaných, počet plodů na roh, délka rohů a rozmístění plodů vykazovaly s každou kopií alely *B* vyšší, ale neprůkazné hodnoty.

Tyto výsledky byly podobné jako v pracích analyzujících vztah *ESR* k užitkovosti zjištěny v různých populacích a z pochopitelných důvodů také na nižších počtech prasnic. Ani jedna z uvedených prací se nazabývala vztahem polymorfismu *ESR-PvuII* k uvedeným fyziologickým znakům u plemene Landrase.

Analýzou vztahu alel *ESR* k užitkovým vlastnostem byl pro hodnocené prasnice plemene Bílé ušlechtilé v této práci zjištěn vliv *ESR* na reprodukční ukazatele počtu všech narozených, živě narozených a dochovaných selat. Pro tytéž prasnice plemene Bílé ušlechtilé ani pro plemeno Landrase nebyla zjištěna odchylka mezi skutečnými a očekávanými četnostmi podle Hardy-Weinberga. Průkazná odchylka od očekávaných četností byla pozorována pouze u prasnic Bílé ušlechtilé narozených v roce 2002, u kterých zřetelný posun k vyšším četnostem genotypů *BB* spíše signalizuje záměrný výběr zvířat tohoto genotypu.

Podobné výsledky zjistil Legault *et al.* (1996). V INRA hyperplodné a kontrolní linii nezjistili průkazné rozdíly mezi skutečnými a očekávanými frekvencemi genotypů, ačkoliv obě linie se průkazně lišily ve velikosti vrhu. Také frekvence alely *B* byla v obou liniích podobná. Linville *et al.* (2001) také nezaznamenal vliv selekce na frekvence *ESR* genotypu. Obě studie byly provedeny pouze u nízkého počtu zvířat.

V případě, že polymorfismus genu *ESR*, ať již přímo nebo jako marker vázaný k funkční mutaci, ovlivňuje variabilitu v počtu narozených selat, je možným vysvětlením přítomnosti rovnovážného stavu genotypů tohoto lokusu fakt, že efekt pozitivní alely *ESR* pleiotropně negativně působí na jinou užitkovou vlastnost, která je také selektována, nebo obě alely ovlivňují pozitivně, ale každá jinou vzájemně negativně korelovanou komponentu reprodukce (Van Rens, 2001).

6.4. ASOCIACE *ESR-PvuII* S UŽITKOVÝMI VLASTNOSTMI

6.4.1. *Vztah ESR-PvuII polymorfismu k užitkovým vlastnostem u plemene Bílé ušlechtilé*

U plemene Bílé ušlechtilé nebyl odhady efektů animal modely zjištěn žádný vztah mezi *ESR* genotypy a produkčními znaky. Rozdíly mezi fenotypovými průměry za jednotlivé genotypy byly u průměrného denního přírůstku velmi malé, tendence k vyššímu podílu libového masa byla zjištěna u plemenic genotypu *BB* v porovnání s plemenicemi genotypu *AA*. Odhady aditivních i dominantních efektů dosáhly pro obě vlastnosti ve všech modelech kladných, neprůkazných hodnot.

Podobné výsledky byly zaznamenány také při vyhodnocení efektů *ESR* na produkční vlastnosti v chovech. Při celkovém vyhodnocení dat za deset vybraných chovů byl sice z fenotypových údajů zjištěn průkazně vyšší podíl libového masa plemenic *BB*, ale tento efekt nebyl ani jedním modelem na genetické úrovni potvrzen a byl tedy pravděpodobně způsoben efekty prostředí zahrnutými do modelu. Hodnoty odhadů efektů *ESR* na obě vlastnosti v jednotlivých chovech byly více méně rovnoměrně rozloženy okolo nuly. Aditivní a dominantní efekty na produkční vlastnosti byly ve většině chovů neprůkazné. Výjimkou byl pouze průkazný aditivní efekt na přírůstek v chovu 8. Průkazný aditivní efekt na přírůstek byl pravděpodobně způsoben velkým rozdílem ve výši přírůstku zařazovaných plemenic v jednotlivých letech, kdy v mladších kategoriích byly zařazovány prakticky pouze plemenice genotypu *BB*.

Nepřítomnost efektu *ESR* na výši průměrného denního přírůstku zjištěná u plemenic Bílé ušlechtilé souhlasí s výsledky dříve publikovaných prací. Rothschild *et al.* (1995, 1996), Short *et al.* (1997) i Leeds *et al.* (2002) nenalezli průkazný efekt *ESR* na přírůstek. Výsledky těchto autorů nelze zcela srovnávat s výsledky zjištěnými u plemene Bílé ušlechtilé vzhledem k tomu, že tito autoři hodnotili efekt *ESR* na průměrný denní přírůstek v testu, zatímco u plemenic Bílé ušlechtilé byl hodnocen přírůstek od narození. Van Rens a van der Lende (2002) publikovali negativní vztah mezi alelou pozitivně ovlivňující počet selat (v této práci alela *A*) a předodstavovým růstem selat. Ve dvou pracích byl také naznačen vliv *ESR* polymorfismu na individuální porodní hmotnost selat (Van Rens a Van der Lende, 2002; Leeds *et al.*, 2002). Z publikovaných výsledků nelze vyloučit efekt *ESR* na některou z růstových fází jedince. Měnicí se poměr mezi hlavními komponentami přírůstku ovlivňuje tvar a sklon růstové křivky v jednotlivých fázích života jedince. Průměrný denní přírůstek je

celkovým ukazatelem procesu růstu a z tohoto důvodu nebyly pravděpodobně mezi ním a genotypy *ESR* zjištěny žádné asociace.

Žádná ze studií zabývajících se efektem *ESR* na produkční znaky nehodnotila vztah polymorfismu tohoto markeru k procentickému podílu libového masa, někteří autoři však publikovali efekt *ESR* na výšku hřbetního tuku. Short *et al.* (1997) odhadl z údajů více než 27000 zvířat malý, ale průkazný negativní aditivní efekt alely *B* na výšku hřbetního tuku. Naopak Rothschild *et al.* (1995) a Leeds *et al.* (2002) našli pozitivní efekt alely *B* na výšku hřbetního tuku. Zatímco výše aditivního efektu v práci Shorta *et al.* (1997) dosáhla pouze – 0,11 mm a v práci Rothschilda *et al.* (1995) 0,25 mm, Leeds *et al.* (2002) publikoval mnohem vyšší efekt 0,155 cm. Je pravdou, že i absolutní hodnoty výšky hřbetního tuku v poslední jmenované práci byly poměrně vysoké – u homozygotních genotypů dosáhly hodnot cca 2,4 a 2,6 cm. Rothschild *et al.* (1996) nenalezl žádný efekt na výšku hřbetního tuku, přestože hodnoty aditivního efektu dosáhly podobné výše jako v předchozí práci těchto autorů. Výsledky uvedených prací neposkytují také zcela jednoznačnou odpověď na existenci pleiotropního efektu *ESR* na výšku hřbetního tuku. Při hodnocení výsledků je nutné zohlednit, že efekty *ESR* byly převážně velmi malé a byly zjištěny v poměrně početných datových souborech. Short *et al.* (1997) vyhodnotil efekt u 27000 prasniček a kanečků, Leeds *et al.* (2002) u mnohem menšího počtu 724 prasniček a kanečků. Podobně jako v naší práci Rothschild *et al.* (1995) a Rothschild *et al.* (1996) hodnotil efekt *ESR* na produkční znaky u prasnic ($n=2538$ a 2576) již zařazených do stáda a tedy již po selekci. Vzhledem k počtům hodnocených zvířat v těchto pracích je možné, že *ESR* polymorfismus je ve vazbě s major genem ovlivňujícím výšku hřbetního tuku. Síla vazby a vazbová fáze se liší mezi populacemi.

Při konfrontaci efektů alel *ESR* v populaci Bílé ušlechtilé v České republice a v ostatních populacích plemene Large White je na první pohled patrný rozdíl v označení alely pozitivně ovlivňující velikost vrhu i ve velikosti jejího efektu. Pro prasnice plemene Bílé ušlechtilé zahrnuté do vyhodnocení byl potvrzen vztah *ESR* ke znakům velikosti vrhu na prvních, na druhých a dalších i na všech vrzích. Všechny znaky velikosti vrhu vykazovaly vyšší užitkovost prasnic *AA* v porovnání s prasnicemi *BB*, což se odrazilo v záporném odhadu aditivního efektu alely *B*. Velikost dominantního efektu byla u všech znaků velikosti vrhu poměrně nízká a neprůkazná, přestože fenotypové údaje prasnic genotypu *AB* pro počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích i pro počet všech a živě narozených selat na všech vrzích byly vyšší než průměr obou homozygotních genotypů.

Z literárních údajů analyzujících efekt *ESR* u plemene Large White publikoval pozitivní efekt alely *A* na velikost vrhu pouze Southwood *et al.* (1995) u tří linií. Záporný aditivní efekt alely *A* byl zjištěn pro počet narozených selat na prvních vrzích u všech linií, pro počet selat na druhých a dalších vrzích pouze u jedné linie. Aditivní i dominantní efekty *ESR* byly u všech linií pro sledované znaky velikosti vrhu neprůkazné. U F_2 prasnic Large White x Meishan našli neprůkazný pozitivní efekt alely *A* na velikost vrhu Gibson *et al.* (2002), průkazný Van Rens *et al.* (2002).

Z publikovaných prací je zřejmé, že vztah *ESR* k reprodukční užitkovosti u plemene Large White není jednoznačný. Rothschild *et al.* (1995) a Short *et al.* (1997) odhadli statisticky významné aditivní i dominantní efekty *ESR* na velikost vrhu. Výše aditivních efektů byla v obou pracích poměrně vyrovnaná. Rothschild *et al.* (1995) zjistil aditivní efekt 0,4 všech a živých selat na prvních vrzích a 0,5 všech a 0,4 živých selat na druhých a dalších vrzích. Aditivní efekty odhadnuté Shortem *et al.* (1997) na prvních vrzích dosáhly stejných hodnot 0,4 všech a živých selat jako v práci Rothschilda *et al.* (1995), na druhých a dalších vrzích byly nižší (0,3 všech i živě narozených selat). Průkazné hodnoty dominantních efektů byly kladné a byly pozorovány v obou studiích na druhých a dalších vrzích.

V ostatních pracích byl vztah *ESR* k vlastnostem velikosti vrhu neprůkazný, ale s tendencí k vyšší (např. Rothschild *et al.*, 1996; Legault *et al.*, 1996) nebo nižší (např. Southwood *et al.*, 1995) plodnosti prasnic genotypu *BB* v porovnání s plodností prasnic genotypu *AA*.

V porovnání s výsledky zjištěnými Rothschildem *et al.* (1995, 1996) a Shortem *et al.* (1997) byl v této práci dokumentován nejen rozdíl v označení alely asociované s vyšší velikostí vrhu, ale i rozdílná velikost efektu *ESR*. Velikost aditivního efektu *ESR* v populaci Bílé ušlechtilé je přibližně poloviční v porovnání s pracemi těchto autorů. Na rozdíl od předchozích zjištění v zahraničních populacích, kde byly na druhých a dalších vrzích dominantní efekty průkazně rozdílné od nuly (Rothschild *et al.*, 1995; Short *et al.*, 1997) byly u plemene Bílé ušlechtilé efekty alel *ESR* spíše aditivní, velikost dominantních efektů byla u všech hodnocených vlastností velikosti vrhu zanedbatelná. Naopak u hmotnosti vrhu při dochovu na všech vrzích byly zjištěny průkazné dominantní efekty *ESR* ve výši podle použitého modelu $-1,3$ a $-1,5$ kg, které vysoce převyšují hodnoty fenotypových údajů.

U studií zahrnujících syntetické linie Meishana nebo křížence Meishana x Large White se, podobně jako u plemene Large White, efekty *ESR* na velikost vrhu liší. Rothschild

et al. (1995), Southwood *et al.* (1995) a Southwood *et al.* (1998) publikovali pozitivní průkazné efekty alely *B* u prvních vrhů od 1,4 do 0,5 všech a živě narozených selat. Na druhých a dalších vrzích (Rothschild *et al.*, 1995; Southwood *et al.*, 1998) nebo na všech vrzích (Rothschild *et al.*, 1996) byly pozitivní efekty alely *B* nižší a neprůkazné. Pouze v práci Southwooda *et al.* (1995) byly odhady efektu *ESR* na druhých a dalších vrzích průkazně rozdílné od nuly. Na rozdíl od předchozích prací Van Rens *et al.* (2002) a Gibson *et al.* (2002) publikovali vyšší plodnost prasnic genotypu *AA* v porovnání s prasnicemi genotypu *BB*.

Odhady aditivních i dominantních efektů *ESR* u kříženců s Meishanem byly ve většině prací vyšší než výsledky odhadů u plemene Large White, pravděpodobně v důsledku odlišného genového pozadí. Na základě tohoto rozdílu je možné předpokládat přítomnost i jiných polymorfních genů významně ovlivňujících velikost vrhu, jejichž distribuce je mezi plemeny Meishan a Large White rozdílná. Výše efektů *ESR* ale mohla být ovlivněna i interakcemi mezi rozdílnými alelami genů obou plemen, případně výběrovou chybou způsobenou počtem prasnic zahrnutých do studií.

Odhady aditivního efektu *ESR* na počet živě narozených selat u plemene Bílé ušlechtilé byl nejvyšší u prvních vrhů. Tato skutečnost je v souladu s dříve publikovanými výsledky studií zahrnujících prasnice syntetických linií Meishana nebo linií Large White (u linií Meishana Rothschild *et al.*, 1995; Southwood *et al.*, 1995; Legault *et al.*, 1996; u linií Meishana Rothschild *et al.*, 1996; Short *et al.*, 1997; Southwood *et al.*, 1998). Rothschild *et al.* (1995, 1996) naopak u plemene Large White publikovali vyšší nebo prakticky stejnou užitkovost na druhých a dalších vrzích.

Rothschild *et al.* (1996) předpokládal, že příčinou nižších aditivních efektů na počet selat na druhých a dalších vrzích může být snížení užitkovosti geneticky plodnějších prasnic efekty prostředí a stresem spojeným s vyšší velikostí prvních vrhů. Vzhledem k faktu, že reprodukční užitkovost je výsledkem efektů celé řady genů, je možné vysvětlit nižší aditivní efekt na druhých a dalších vrzích i jako důsledek selekce. Selekcí dochází ke změnám alelických frekvencí nejen genu *ESR*, ale i jiných genů ovlivňujících užitkovost. Změna ve frekvencích prospěšných alel ostatních genů genetického pozadí může změnit odhad efektu *ESR*.

Literární výsledky dokládají rozdílný vztah *ESR* k reprodukčním i produkčním vlastnostem v různých populacích prasat. Rozdíly ve velikosti efektu *ESR* mohou být důsledkem efektu genetického pozadí (ať už jsou způsobeny major genem nebo major geny, které jsou nebo nejsou s *ESR* ve vazbě) v různých populacích, případně epistatickými

interakcemi mezi genotypem *ESR* a alelami genetického pozadí. Výsledky mohou být ovlivněny také výběrovou chybou, především u prací zahrnujících nižší počet prasnic. Označení alely pozitivně působící na velikost vrhu je však rozdílné nejen při srovnání efektu *ESR* mezi populacemi, ale také v rámci populace plemene Bílé ušlechtilé.

Při vyhodnocení efektů *ESR* na jednotlivých chovech nebyl zjištěn jednoznačný vztah mezi analyzovaným polymorfismem *ESR* a vyhodnocovanými reprodukčními vlastnostmi. Vzhledem k počtu vyhodnocovaných dat na jednotlivých chovech mohly být výsledky ovlivněny výběrovou chybou. Při vyhodnocení počtu živě narozených selat na prvních vrzích animal modely byla zjištěna průkazná asociace *ESR* s tímto ukazatelem ve třech chovech, ale ve dvou z těchto chovů (6 a 7) mohly být výsledky ovlivněny nerovnoměrnou distribucí genotypů mezi vyhodnocovanými prasnicemi nebo celkově nižším počtem prasnic. K podobnému ovlivnění výsledků mohlo dojít při vyhodnocení efektu *ESR* na počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích, kdy průkazné záporné efekty *ESR* byly zjištěny na chovech 6, 7 a 9. Kladný aditivní efekt byl zjištěn na chovu 3, na kterém bylo vyhodnoceno více než 80 prasnic s více než 190 vrhy.

Vyšší užitkovost prasnic genotypu *BB* na tomto chovu je v rozporu s vyšší užitkovostí, případně s tendencí k vyšší užitkovosti prasnic genotypu *AA* zjištěné na celém datovém souboru nebo celkem za vybrané chovy. Podobný rozdíl v označení alely pozitivně ovlivňující velikost vrhu mezi chovy plemene Bílé ušlechtilé v České republice zjistili Křížová *et al.* (1999) i Matoušek *et al.* (2003).

Efekt imprintingu nebyl pro žádnou z hodnocených vlastností reprodukce průkazně rozdílný od nuly. Hodnoty odhadů naznačují, že vyšší užitkovost by mohla být spojena s alelou *B* pocházející od otce. Odhady však byly vzhledem k velikosti jejich středních chyb velmi nízké. Tendenci k vyšší užitkovosti u heterozygotních prasnic s alelou *B* pocházející od otce našla také Králová (2003). Jak v této práci, tak v práci Králové byly však vyhodnocované počty heterozygotních prasnic velmi malé.

ESR-PvuII polymorfnní restriční místo leží v intronu genu *ESR* (Van Rens, 2001; Gibson *et al.*, 2002). Pomíneme-li možnost alternativního sestřihu, je možným vysvětlením asociací *ESR-PvuII* s užitkovostí u plemene Bílé ušlechtilé vazba tohoto polymorfismu ke QTL pro velikost vrhu. Rozdíl v označení alely asociované s ukazateli velikosti vrhu v této práci a ve většině ostatních studií podporují tento předpoklad.

PvuII polymorfismus genu *ESR* je jedním z neprostudovanějších polymorfismů kandidátních genů vztahujících se k reprodukci vzhledem k jeho asociacím k reprodukci zjištěným v humánní oblasti (Georgiou *et al.*, 1997) i ke zjištěným asociacím k velikosti vrhu ve studiích zahrnujících početné soubory dat prasnic. Z důvodu předpokládaných vztahů *ESR* k reprodukci je proto poměrně zarážející, že se pozornost genetiků soustředila na *PvuII* polymorfismus (v intronu) a ostatní dva polymorfismy genu *ESR*, ležící v exonu, téměř pominula. Vzhledem ke vzdálenosti všech polymorfních míst by se dalo předpokládat, že tvoří vazbovou skupinu a asociace *ESR-PvuII* k užitkovosti by mohla být tedy vysvětlena nejen vazbou *ESR* na neznámý QTL, ale také vazbou *PvuII* polymorfního místa s ostatními polymorfismy tohoto genu.

Na základě současných znalostí však nelze zdůvodnit rozdíly v efektu *ESR* mezi populacemi a uvnitř populací pouze rozdílnou vazbou s neznámým QTL. Obecně platí, že komplexní znaky, mezi které velikost vrhu patří, jsou determinovány velkým počtem genů s různými interakcemi produktů na různých úrovních biologické organizace. Proto je dosud velmi obtížné odhadnout efekt jednotlivých genů bez jakékoliv znalosti efektů ostatních alel genetického pozadí. V současnosti je známá celá řada genů s potenciálním efektem na velikost vrhu (Rothschild a Plastow, 1999; Kirkpatrick, 2002; Putnová, 2002; Van der Lende *et al.*, 2002). V asociačních studiích kandidátních genů by proto měly být simultánně analyzovány efekty většího počtu genů, aby mohly být zjištěny přímé efekty těchto genů, jejich interakce a aby bylo možné tyto efekty oddělit od efektů ostatních genů genetického pozadí. Izolované vyhodnocení pouze jednoho genu poskytne vždy pouze omezené informace, které budou jednoznačné pouze v případě, že efekt tohoto genu bude velký a relativně nezávislý na zbytku genomu a prostředí.

Asociační studie kandidátních genů poskytují informace o asociaci analyzovaného polymorfismu s užitkovostí, ale z jejich výsledků již není zřejmé, zda jsou zjištěné asociace způsobeny samotným vyhodnocovaným genem nebo QTL ve vazbě s vyhodnocovaným polymorfismem. Simultánní vyhodnocení efektů kandidátních genů doplněné o poziční informace těchto genů může přinést další znalosti o architektuře znaků na úrovni genomu i o mechanismech genových účinků.

6.4.2. Vztah *ESR* polymorfismu k plemenným hodnotám u plemene Bílé ušlechtilé

Při vyhodnocení asociací *ESR* k plemenným hodnotám jsme vycházeli z předpokladu, že předpovězené plemenné hodnoty jsou součtem efektů všech genů a tedy součtem efektu *ESR* a ostatních genů. Vyhodnocením vztahu *ESR-PvuII* polymorfismu k plemenným hodnotám za přírůstek, hlavní masité části i počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích nebyly mezi plemennými hodnotami jednotlivých genotypů u všech genotypovaných plemenic zjištěny průkazné rozdíly.

Při analýze asociace plemenných hodnot reprodukce s genotypy *ESR* pouze u prasnic, z jejichž reprodukční užitkovosti byl animal modely odhadnut efekt *ESR* na vlastnosti velikosti vrhu byly mezi genotypy zjištěny také pouze neprůkazné rozdíly plemenných hodnot, pořadí genotypů podle výše plemenných hodnot však odpovídalo analýze efektu *ESR* animal modely. Rozdíly mezi plemennými hodnotami prasnic homozygotních genotypů byly znatelně nižší než výsledky odhadů efektů *ESR* animal modely s náhodným efektem stádo-rok-období a pouze nepatrně nižší než výsledky odhadů animal modely s pevným efektem stádo-rok-období.

Rozdíl efektu *ESR* mezi analýzou plemenných hodnot a výsledky odhadů z fenotypových dat animal modely mohl být způsoben jednak nižší přesností odhadu aditivně genetické složky plemenic při odhadu efektů *ESR* animal modely z důvodu menšího počtu příbuzných jedinců vyhodnocovaných zvířat, případně nerovnoměrnou distribucí genotypů *ESR* mezi příbuznými zvířaty.

Plemenné hodnoty představují odhad aditivně genetické složky genotypu jedince přenášené z rodičů na potomstvo. K jejich odhadu se využívají informace o užitkovosti jedince (v případě, že má pro sledovaný znak měřenou užitkovost) a užitkovosti všech jeho příbuzných. U víceznakových animal modelů má na předpověď plemenné hodnoty vliv i úroveň korelovaných vlastností. Vzhledem k této skutečnosti není možné vyloučit ani ovlivnění úrovně plemenných hodnot měřenou užitkovostí příbuzných zvířat. U těchto příbuzných jedinců nebyly genotypy *ESR* zjišťovány a není ani možné vyslovit jakýkoli předpoklad ohledně jejich distribuce.

Právě tato skutečnost je pravděpodobným důvodem, proč rozdíl mezi plemennými hodnotami prasnic homozygotních genotypů byl v březnu 2004 nižší než dubnu 2003, i když nelze vyloučit ani vliv reprodukční užitkovosti měřené u vyhodnocovaných prasnic mezi dubnem 2003 a březnem 2004.

6.4.3. Vztah *ESR* polymorfismu k užitkovým vlastnostem a plemenným hodnotám u plemene Landrase

U plemene Landrase byla provedena pouze analýza fenotypových průměrů za jednotlivé genotypy. Podobně jako u plemene Bílé ušlechtilé nebyl nalezen žádný vztah mezi produkčními vlastnostmi a *ESR* genotypy. Reprodukční užitkovost na druhých a dalších vrzích a na všech vrzích byla vyšší u prasnic genotypu *AA*, průkazné rozdíly mezi genotypy byly zaznamenány pouze u počtu dochovaných selat a hmotnosti vrhu při dochovu. Počet živě narozených selat na prvních vrzích byl shodný u obou genotypů. Rozdíly v plemenných hodnotách byly mezi prasnicemi obou genotypů neprůkazné.

Na rozdíl od výsledků vyhodnocovaného souboru prasnic této práce byla ve studiích s podobně nízkým počtem prasnic genotypu *AB* naopak zjištěna vyšší užitkovost (Natoloczna-Kotara, 2002; Omelka, 2003) nebo neprůkazná tendence k vyšší užitkovosti u prasnic genotypu *AB* (Southwood *et al.*, 1999; Putnová *et al.*, 2001).

Frekvence genotypů (nízký počet prasnic genotypu *AB* a chybějící genotypy *BB*) však bohužel nedovoluje objektivní vyhodnocení vztahu tohoto polymorfismu k užitkovým vlastnostem u plemene Landrase a nelze tedy vyslovovat jakékoli závěry o asociaci *ESR* polymorfismu k velikosti vrhu u tohoto plemene.

7. SOUHRN

Cílem disertační práce bylo vyhodnotit asociaci *ESR-PvuII* polymorfismu k produkčním a reprodukčním vlastnostem u plemen Bílé ušlechtilé a Landrase v České republice a stanovit vhodnost jeho využití k selekci mateřské populace ve šlechtitelském programu obou plemen. V práci byl analyzován vztah *ESR-PvuII* k přírůstku od narození, podílu libového masa, počtu živě narozených selat zvlášť na prvních a zvlášť na druhých a dalších vrzích, počtu všech narozených, živě narozených a dochovaných selat na všech vrzích a k hmotnosti vrhu při dochovu na všech vrzích. Vyhodnocován byl také vztah k plemenným hodnotám za přírůstek, hlavní masité části a počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích. U obou plemen byly také hodnoceny frekvence genotypů a alel *ESR* a jejich vývoj. Informace o genotypoch *ESR*, produkční a reprodukční užitkovosti plemenic i o plemenných hodnotách byly získány z databáze Svazu chovatelů prasat v Čechách a na Moravě.

Do vyhodnocení bylo zahrnuto 1253 plemenic a 396 kanců plemene Bílé ušlechtilé a 334 plemenic a 318 kanců plemene Landrase. U kanců plemene Bílé ušlechtilé byla zjištěna frekvence alely *B* 0,506 a u prasnic 0,513. Genotypové frekvence ($AA=24,3\%$, $AB=49,2\%$ a $BB=26,5\%$) nevykazovaly průkaznou odchylku od očekávaných frekvencí podle Hardy-Weinberga. U plemene Landrase dosáhla frekvence alely *B* hodnoty 0,022 u kanců a 0,032 u prasnic. Podle zjištěných genotypových frekvencí ($AA=94,6\%$, $AB=5,4\%$ a $BB=0\%$) byl také vyhodnocovaný výběr zvířat plemene Landrase pro tento lokus v rovnovážném stavu podle Hardy-Weinberga. Pro zvířata obou plemen byl zjištěn opačný trend ve vývoji frekvencí alel. U plemenic Bílé ušlechtilé došlo v průběhu let 1996 až 2003 ke zvýšení frekvence alely *B* způsobeném pravděpodobně záměrným výběrem zvířat s genotypem *BB*. U kanců plemene Bílé ušlechtilé nebyly podobné změny ve frekvencích alel zaznamenány. U analyzovaných zvířat plemene Landrase se frekvence alely *B* snižovala. Mezi plemenicemi a kanci narozenými v roce 2002 nebyl žádný z jedinců nositelem této alely.

U plemene Bílé ušlechtilé bylo vyhodnocení efektu *ESR* provedeno u produkčních i reprodukčních dat napříč chovy a také v rámci vybraných chovů splňujících požadavky na počet plemenic se stanoveným genotypem *ESR*. K odhadům efektů *ESR* byly využity dva čtyřznakové animal modely. V prvním animal modelu byl hodnocen vztah *ESR* k vyhodnocovaným produkčním znakům a reprodukčním znakům zvlášť na prvních a na druhých a dalších vrzích, ve druhém modelu pouze k reprodukčním znakům na všech vrzích. Oba animal modely byly využity ve čtyřech variantách lišících se zahrnutím

nebo nezahrnutím dominantního efektu a typem efektu stádo-rok-období (pevný nebo náhodný).

Odhady efektů *ESR* animal modely byl u plemene Bílé ušlechtilé zjištěn vztah tohoto polymorfismu k reprodukčním vlastnostem. Vyšší užitkovost byla u všech reprodukčních vlastností spojena s alelou *A*. Prasnice genotypu *AA* narodily na prvních vrzích o cca 0,5 živého selete více než prasnice genotypu *BB*. Rozdíl mezi homozygotními genotypy na druhých a dalších vrzích byl odhadnut na 0,10 živě narozeného selete ($P > 0,05$) modely s pevným efektem stádo-rok-období a na 0,28 ($P < 0,05$) modely s náhodným efektem stádo-rok-období. U všech hodnocených vlastností velikosti vrhu byl modely s opakováním (na všech vrzích) zjištěn rozdíl mezi prasnicemi genotypu *AA* a *BB* dosahující cca 0,3 selete ($P < 0,05$). Účinek alel *ESR* byl u všech hodnocených vlastností velikosti vrhu aditivní, odhadnuté dominantní efekty byly velmi malé a neprůkazné. U hmotnosti vrhu při dochovu nebyly aditivní efekty průkazně rozdílné od nuly, ale byly zjištěny průkazné negativní dominantní efekty $-1,3$ a $-1,5$ kg.

Vyhodnocením efektu *ESR* za vybrané chovy celkem (asi 70 % původních dat) nebyl efekt *ESR* na velikost vrhu potvrzen. Na prvních vrzích byla také zjištěna tendence k vyšší užitkovosti prasnic genotypu *AA*, které narodily o cca 0,3 živého selete na vrh více než prasnice genotypu *BB*. Aditivní efekty odhadnuté modely s náhodným efektem stádo-rok-období byly průkazné s $P < 0,1$, modely s pevným efektem stádo-rok-období blízké úrovni této průkaznosti. U druhých a dalších vrhů byla užitkovost prasnic všech genotypů stejná.

Efekty *ESR* na reprodukční vlastnosti v rámci chovů byly převážně neprůkazné. Na více než polovině chovů byl zjištěn vyšší počet živě narozených selat na prvních i na druhých a dalších vrzích u prasnic genotypu *AA* v porovnání s prasnicemi genotypu *BB*. U prvních vrhů dosáhly rozdíly mezi homozygotními genotypy průkazných hodnot ve třech chovech, vyšší užitkovost v těchto chovech byla zaznamenána u prasnic genotypu *AA*. Rozdíly v počtu živě narozených selat na druhých a dalších vrzích byly průkazné ve čtyřech chovech: ve třech chovech narodily více selat prasnice genotypu *AA*, v jednom chovu prasnice genotypu *BB*. U počtu živě narozených selat na prvních vrzích byly v jednom a na druhých a dalších vrzích ve dvou chovech zjištěny průkazné dominantní efekty *ESR*.

Vztah *ESR* k produkčním vlastnostem nebyl prokázán ani analýzou dat přes chovy, ani uvnitř chovů. Gametický imprinting genu *ESR* nebyl u vybraných heterozygotních prasnic prokázán. Neprůkazně vyšší užitkovosti dosáhly prasnice, které zdědily alelu *B* od otce.

Pro sledovaný datový soubor plemenic Bílé ušlechtilé nebyly zjištěny průkazné asociace mezi genotypy *ESR* a plemennými hodnotami za přírůstek, hlavní masité části ani za počet živě narozených selat na druhých a dalších vrzích.

U plemene Landrase byla vzhledem k velmi nízké četnosti genotypů *AB* a absenci genotypu *BB* provedena pouze analýza fenotypových průměrů doplněná o vyhodnocení asociací *ESR* s plemennými hodnotami. Počty plemenic genotypu *AB* byly však příliš nízké ke stanovení objektivních závěrů o efektu *ESR* u tohoto plemene.

Rozsahem vyhodnocovaných dat se tato práce řadí k nejobsáhlejšími studiím zkoumajícím efekt *ESR-PvuII* polymorfismu. Na rozdíl od odhadnutých efektů *ESR* v těchto studiích zahrnujících různé populace Large White, byla u vyhodnocovaných plemenic Bílé ušlechtilé za alelu pozitivně ovlivňující velikost vrhu označena alela *A*. Na základě rozdílu v označení alely pozitivně asociované s velikostí vrhu v této práci a v ostatních experimentech i z lokalizace *PvuII* restrikčního místa v intronu genu *ESR* je možné se domnívat, že *ESR-PvuII* polymorfismus je pouze markerem pro QTL velikosti vrhu. Rozdíl v označení alely v jednotlivých chovech naznačuje, že vazbová fáze se pravděpodobně liší i v rámci analyzované populace plemene Bílé ušlechtilé.

U plemene Landrase v dané době *PvuII* polymorfismus prakticky neexistuje, a proto nemá žádný význam z hlediska selekce na velikost vrhu. Vzhledem ke zjištěným výsledkům asociace *ESR-PvuII* polymorfismu k reprodukčním vlastnostem u plemene Bílé ušlechtilé by bylo možné tento polymorfismus považovat za marker využitelný ve šlechtitelském programu tohoto plemene. Existuje však ještě celá řada nevyjasněných otázek, pro které nelze zaručit úspěch takovéto selekce. Zodpovězeny by měly být především otázky týkající se lokalizace příčinného polymorfismu QTL vázaného s tímto markerem a s tím související síly vazby uvnitř populace plemene Bílé ušlechtilé, případně o mechanismu účinku tohoto QTL a o jeho interakci s ostatními geny. Při současné úrovni znalostí nelze tedy využití *ESR* pro selekci na velikost vrhu u plemene Bílé ušlechtilé jednoznačně doporučit.

8. SUMMARY

The aim of this Ph.D. thesis was to evaluate the association of the *ESR-PvuII* polymorphism with production and reproduction traits in Czech Large White and Landrace. Furthermore, a conclusion on the possible use of the polymorphism for selection in the breeding programme of both breeds was to be made. In the study, the association of the *ESR PvuII* polymorphism with average daily gain from birth to the test end, lean meat percentage, number of piglets born alive in 1st and in 2nd and later parities, number of piglets born, born alive and weaned over all parities and litter weight at weaning over all parities was analysed. Genotype and allele frequencies and their development were estimated in both breeds as well. The genotype and phenotype data were obtained from the Czech and Moravian Pig Breeders Association database.

1253 females and 396 boars of Large White and 334 females and 318 boars of Landrace breed were involved into the evaluation. In Large White, the frequency of allele *B* was 0,506 for boars and 0,513 for females. The genotype frequencies ($AA=24.3\%$, $AB=49.2\%$ and $BB=26.5\%$) were not different from the expected frequencies according to the Hardy-Weinberg equilibrium. In Landrace, the frequency of allele *B* was only 0.022 for boars and 0.032 for females. From the observed genotype frequencies ($AA=94.6\%$, $AB=5.4\%$ and $BB=0\%$), Hardy-Weinberg equilibrium could be assumed as well. Opposite trends in the development of the allele frequencies were found for females and boars of both breeds. In Large White females, the frequency of allele *B* raised probably due to preferring females with *BB* genotype. In Large White boars, this trend in frequency development was not observed. For the analysed Landrace animals, the frequency of allele *B* decreased. Among females and boars born in the year 2002, no carrier of this allele was observed.

The evaluation of the *ESR* effects to production and reproduction traits in Large White females was carried out over herds and also within selected herds which fulfilled the requirement of a minimal number of genotyped sows. Two types of animal models were used. In the first animal model, both production and reproduction traits were involved whereas the reproduction trait number of piglets born alive was separately treated for the 1st parities and for the 2nd and later parities. The second animal model was a repeatability model only for reproduction traits over all parities. Both animal models were run in four variants differing by considering the herd-year-season effect as random or fixed and by including or not including the dominance effect.

The *ESR* gene showed a mostly significant effect ($P < 0.05$) on litter size traits in favour of allele *A*. In the first parity, litters of *AA* sows outnumbered litters of *BB* sows by approximately 0.5 piglets born alive. The difference in the subsequent parities was around 0.10 piglets born alive (not significant) for fixed herd-year-season models and 0.28 ($P < 0.05$) for random herd-year-season models. For all evaluated litter size traits in the repeatability model (over all parities), the difference between *AA* and *BB* sows was approximately 0.3 piglets ($P < 0.05$). No significant dominance effect was found for litter size traits. For litter weight at weaning no significant additive effect was observed, but a significant negative dominance effect (-1.3 to -1.5 kg) was estimated.

When considering only selected herds (approximately 70 % of all reproduction and production data), the overall *ESR* effect was not significant. In the first litters, there was also observed a tendency to better prolificacy of *AA* genotyped sows. Additive effects estimated by models with random herd-year-season effects were significant with $P < 0.1$ whereas in models with fixed herd-year-season effects the *ESR* effect was a little under this significance level. Litter size in second and later parities did not differ between genotypes.

ESR effects on litter size traits within particular herds were mostly not significant. In most of the herds, a better prolificacy of *AA* genotyped sows compared *BB* sows was observed. For number of piglets born alive in first litters, the differences between homozygote genotypes were significant in three herds. In all of these herds the better prolificacy reached *AA* sows. The differences between homozygote genotypes for number of piglets born alive in second and later litters were significant in four herds: in three herds was observed a better prolificacy of *AA* sows and in one herd of *BB* sows. A significant dominance effect for *ESR* was calculated in one herd for number of piglets born alive in first litter and in two herds for number of piglets in second and later litters.

An association of the *ESR* polymorphism with production traits was not detected by the analysis over herds neither within herds. There was no evidence for an imprinting effect of the *ESR* gene. This result might be influenced by the small sample size of heterozygote sows with known origin of allele *B*.

For Large White sows, no significant association between *ESR* genotypes and breeding values for average daily gain, valuable cuts and number of piglets born alive in second and later litters was found.

For Landrace sows, only analyses of *ESR* genotype association with phenotypic data of evaluated traits and breeding values were made due to the low frequency of *AB* sows

and the absence of *BB* sows. But the number of *AB* genotyped Landrace sows was too low for drawing objective conclusions about the *ESR* effect in this breed.

Appart from Rothhschild *et al.* (1996) or Short *et al.* (1997) the present study is the largest study in which the *ESR-PvuII* effect was evaluated. Differently from these two studies which involved various Large White populations, a better prolificacy of sows carrying allele *A* was found. From this difference in the favourable allele and also from the localization of the *PvuII* restriction site in an intron, it could be concluded that the *PvuII* polymorphism of *ESR* is only marker for an unknown QTL for litter size. From different results in individual herds, different linkage phases might be possible also within the Czech Large White population.

In the Czech Landrace breed, recently there is nearly no *ESR-PvuII* polymorphism and therefore the *ESR* gene is of no practical importance for selection on litter size. For the Large White breed in the Czech Republic, the *ESR-PvuII* polymorphism might be of some use as a marker for the breeding programme of this breed. However, on the give stage of knowledge, the use of this marker will not ensure clear and unique results. Before applying the *ESR-PvuII* polymorphism in a breeding programme, questions about the localisation of the causative mutation and the strength of linkage within the Large White population should be answered. Furthermore, knowledge on the mechanism of this QTL effect and its interaction with other genes is desirable. Before answering these questions the use of the *ESR* gene for selection on litter size in the Czech Large White breed seems to be of questionable benefit and cannot be recommended.

9. SEZNAM LITERATURY

- Andersson L., Haley C. S., Ellegren H., Knott S. A., Johansson M., Andersson K., Andersson-Eklund L., Edfors-Lilja I., Fredholm M., Hansson I., Hakansson J., Lundstrom K. (1994): Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pig. *Science*, 263, 1771-4.
- Andersson L. (2001): Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. *Nature Rev. Genet.*, 2, 130-138.
- Bayer C. (1999): Estrogen and the developing mammalian brain. *Anat. Embryol.*, 199, 379-390.
- Bishop M. D., Hawkins G. A., Keefer C. L. (1995): Use of DNA markers in animal selection. *Theriogenology*, 43, 61-70.
- Bokenkamp D., Jungblut P. W., Thole H. H. (1994): The C-terminal half of the porcine estradiol receptor contains no post-translational modification: determination of the primary structure. *Mol. Cell. Endocrinol.*, 104, 163-72.
- Bovenhuis H., Spelman R. J. (1998): Marker Assisted Selection in Dairy Cattle Breeding Schemes. 49th Annual Meeting, European Association for Animal Production, Warsaw, Poland.
- Brinkmann A. O. (1994): Steroid hormone receptors: activators of gene transcription. *J. Pediatr. Endocrinol.*, 7, 275-282.
- Carson-Jurica M.A., Schrader W.T., O'Malley B.W. (1990): Steroid receptor family: structure and functions. *Endocr. Rev.*, 11, 201-220.
- Čepica S. (2002): Současná genomika hospodářských zvířat. In: Sborník referátů z mezinárodní vědecké konference „XX. Genetické dny“, 12. - 13. září, Brno, 12-18.
- Čítek J., Řehout V., Košvanec K. (2002): Molekulární markery v hodnocení genetické diverzity skotu. In: Sborník referátů z mezinárodní vědecké konference „XX. Genetické dny“, 12. - 13. září, Brno, 36-39.
- Davis G. P., DeNise S. K. (1998): The Impact of Genetic Markers on Selection. *J. Anim. Sci.*, 76, 2331-9.
- Dekkers J. C. M., Rothschild M. F., Malek M. M. (2001): Potential and Application of marker assisted selection for meat quality. Second International Virtual Conference on Pork Quality, 5. 11.- 6. 12. via Internet [on line], [únor 2002]. Dostupný z: <http://www.conferencia.uncnet.br/pork/seq/pal/anaiso1p2_deckkers_en.pdf>
-

- Dekkers J. C. M., Hospital F. (2002): The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Reviews Genetics* [on line], 3, 22–32 [únor 2002].
Dostupný z: <<http://www.nature.com/>>.
- Depuydt J., De Smet S., Grijspeerdt K., Herman L. (1999): Association study of an *AvaI* and *PvuII* polymorphism at the porcine estrogen receptor (ESR) gene with litter size. *Arch. Tierz, Dummerstorf*, 42, 172-174.
- Driscoll M. D., Sathya G., Muyan M., Klinge C. M., Hilf R., Bambara R. A. (1998): Sequence requirements for estrogen receptor binding to estrogen response elements. *J. Biol. Chem.*, 273, 29321-30.
- Drögemüller C., Thieven U., Harlizius, B. (1997): An *AvaI* and a *MspAII* polymorphism at porcine oestrogen receptor (ESR) gene. *Animal Genetics*, 28, 58-71.
- Drögemüller C., Hamann H., Thieven U., Krieter J., Distl O., Harlizius B. (1999): Influence of the genome region surrounding the estrogen receptor (ESR) gene on litter size in a German Landrace population. *Archiv für Tierzucht*, 42, 175-7.
- Drögemüller C., Hamann H., Distl O. (2001): Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *Journal of Animal Science*, 79, 2565-70.
- Dvořák J., Kahánková L., Nebola M., Hradil R., Vrtková I. (1996): Genetické markery u prasat. Variabilita genu RYR u prasat v ČR. Mendelova zemědělská a lesnická univerzita v Brně, 47 pp.
- Flak P. (2002): Niektoré problémy odhadu plmееnej hodnoty při MAS. In: Sborník referátů z mezinárodní vědecké konference „XX. Genetické dny“, 12. – 13. září, Brno, 121-125.
- Frey M., Hofer A., Künzi N. (1997): Comparison of models with a fixed or a random contemporary group effect for the genetic evaluation for litter size in pigs. *Livestock Production Science*, 48, 135-141.
- Geisert R. D., Zavy M. T., Moffatt R. J., Blair R. M., Yellin T. (1990): Embryonic steroids and the establishment of pregnancy in pigs. *Journal of Reproduction and Fertility*, 40, 293-305.
- Geldermann, H., Pieper, U., Roth, B. (1985): Effects of marker chromosome sections on milk performances in cattle. *Theor. Appl. Genet.*, 70: 138-146
- Georgiou I., Konstantelli M., Syrrou M., Messinis I. E., Lolis D. E. (1997): Oestrogen receptor gene polymorphisms and ovarian stimulation for in-vitro fertilization. *Human Reproduction*, 12, 1430-1433.

- Gibson J. P., Jiang Z. H., Robinson J. A. B., Archibald A. L., Haley C. S. (2002): No detectable association of the ESR PvuII mutation with sow productivity in a Meishan x Large White F₂ population. *Animal Genetics*, 33, 448-450.
- Groeneveld E., Kovac M., Wang T. (1990): PEST, a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. In: *Proceedings of the 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edinburgh 23 – 27 July 1990, Vol. XIII*, 488 – 491.
- Guthrie H. D., Rexroad C. E. (1981): Endometrial prostaglandin F release in vitro and plasma 13, 14 dihydro-15 ketoprostaglandin F_{2α} in pigs with luteolysis blocked by pregnancy, estradiol benzoate or human chorionic gonadotropin. *Journal of Animal Science*, 52, 330-337.
- Haley C. S., Archibald A. L. (1994): Pig gene identification – review. In: *Pork Quality: Genetic and metabolic factors*, 37-57.
- Haley C. S. (1999): Advances in quantitative trait locus mapping. In: *From Jay Lush to genomics: visions for animal breeding and genetics* [ed. J. C. M. Dekkers, S. J. Lamont and M. F. Rothschild] *AgBiotechNet[©] Proceedings*, May 16. – 18 [on line], [únor 2002].
Dostupný z: <http://www.agbiotech.net/proceedings/3_haley.pdf>.
- Hillel J., Schaap T., Haberfield A., Jeffreys A. J., Plotzky Y., Cahaner A., Lavi, U. (1992): DNA fingerprints applied to gene introgression in breeding programs. *Genetics*, 124, 783-789.
- Hoffmann B., Schuler G. (2000): Receptor blockers – general aspects with respect to their use in domestic animal reproduction. *Animal Reproduction Science*, 60-61, 295-312.
- Hospital F., Chevalet C., Mulsant P. (1992): Using markers in gene introgression breeding programs. *Genetics*, 132, 1199-1210.
- Humeny A., Bokenkamp D., Thole H. H. (1999): The HDQVH-motif in domain E of the estradiol receptor alpha is responsible for zinc-binding and zinc-induced hormone release. *Mol. Cell Endocrinol.*, 153(1-2), 71-78.
- Chowdhary B. P., de la Sena C. A., Gustavsson I. (1994): In situ hybridization mapping in pigs: a summary of results from Upsala. In: *Proceedings of the 11th European Colloquium on Cytogenetics of Domestic Animals, Copenhagen*, 17-19.
- Isler B. J., Irvin K. M., Neal S. M., Moeller S. J., Davis M. E., Meeker D. L. (2002): Examination of the Relationship Between the Estrogen Receptor Gene and

- Reproductive Tract Components in Swine. Ohio State University Extension Bulletin [on line], [únor 2002]. Dostupný z: <http://ohioline.osu.edu/sc171/sc171_8.html>.
- Ivell R., Walther N. (1999): The role of steroids in the oxytocin hormone systém. *Mol. Cell. Endocrinol.*, 71, 95-101.
- Jakubec V., Říha J., Golda J., Majzlík I. (1999): Odhad plemenné hodnoty hospodářských zvířat. Asociace chovatelů masných plemen v Rapotíně, Výzkumný ústav pro chov skotu v Rapotíně, s.r.o. a Česká zemědělská univerzita v Praze, Rapotín, 176 pp.
- Jakubec V., Říha J., Matoušek V., Pražák Č., Majzlík I. (2002): Šlechtění prasat. Asociace chovatelů masných plemen, Rapotín, 218 pp.
- Kirkpatrick B. W. (2002): QTL and candidate gene effects on reproduction in livestock: progress and prospects. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 19. - 23. 8., Montpellier, France.
- Kmiec M., Dvořák J., Vrtková I. (2002): Study on a relation between estrogen receptor (ESR) gene polymorphism and some pig reproduction performance characters in Polish Landrace breed. *Czech Journal of Animal Science*, 47, 189-193.
- Knoll A., Urban T. (2002): Aktuální metody používané v molekulární genetice zvířat. In: Sborník referátů z mezinárodní vědecké konference „XX. Genetické dny“, 12. - 13. září, Brno, 31-36.
- Králová P. (2003): Šlechtění superplodných linií mateřských plemen prasat. PhD. Thesis, České Budějovice, 184 pp.
- Křížová H., Nováková J., Matoušek V., Dvořák J. (1999): Analýza vlivu genotypů ESR2 na počet narozených selat u prasnic plemene BU. In: Collection of Sciences Papers, Faculty of Agriculture in České Budějovice Series for Animal Sciences 16., 2, 111-117.
- Leeds T.D., Irvin K.M., Moeller, S. J. (2002) The association between the estrogen receptor locus and growth, carcass and developmental traits in pigs. In: Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (CD-ROM), Montpellier, Communication 03-26.
- Legault C., Gruand J., Lebost J., Garreau H., Ollivier L., Messer L.A., Rothschild M. F. (1996): Fréquence et effet sur la prolificité du gène ESR dans deux lignées Large White en France. *Journées Rech. Porcine en France*, 28, 9-14.
- Lindzey J., Korach K. S. (1999): Estrogen action on the female reproductive tract. In: Encyclopedia of reproduction, 2, Academic Press, 79-86.

- Linville R. C., Pomp D., Johnson R. K., Rothschild M. F. (2001): Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine. *Journal of Animal Science*, 79, 60-67.
- Matoušek V., Kernerová N., Kolaříková O., Křížová H., Urban T., Vrtková I. (2003): Effect of RYR1 and ESR genotypes on the fertility of sows of Large White breed in elite herds. *Czech J. Anim. Sci.*, 48, 129-133.
- Montaldo H. H., Meza-Herrera C. A. (1998): Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement of livestock. *Electronic Journal of Biotechnology* [on line], vol. 1, no. 2 [březen 2002]. Dostupný z: <http://ejb.ucv.cl/content/vol1/issue2/full/4/index.html>.
- Mosselman S., Polman J., Dijkema R. (1996): ER beta: identification and characterization of a novel human estrogen receptor. *FEBS Lett.*, 392 (1),49-53.
- Natołoczna-Kotara A. (2002): Polimorfizm fragmentów restrykcyjnych w locus receptora estrogenowego (ESR) świń użytkowanych w Polsce i jego związek z Cechami reprodukcyjnymi oraz tucznymi i rzeźnymi loch rasy PBZ i WBP [PhD. Thesis], Agricultural University of Wrocław, 135 pp.
- Noguera J. L., Varona L., Gómez-Raya L., Sánchez A., Babot D., Estany J., Messer L. A., Rothschild M., Pérez-Enciso M. (2003): Estrogen receptor polymorphism in Landrace pigs and its association with litter size performance. *Livestock Production Science*, 82, 53-9.
- Nováková J. (2003): Hybridizace prasat s využitím přeštického černostrakatého plemene [Ph.D. thesis], University of South Bohemia České Budějovice, 98 pp.
- Oikawa T., Sato K. (1997): Treating small herds as fixed or random in an animal model. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 114, 177-183.
- Omelka R. (2003): Analýza vybraných genetických polymorfizmů vo vzťahu k reprodukčným vlastnostiam ošípaných [Ph.D. thesis], Constantine the Philosopher University in Nitra, 130 pp.
- Peškovičová, D. (2000): Odhad plemenných hodnot ošípaných v SR metódou viacznakového animal modelu [Ph.D. Thesis], VÚŽV Nitra, 146 pp.
- Peškovičová D., Wolf J., Groeneveld E., Wolfová M. (2002) Simultaneous estimation of the covariance structure of traits from field test, station test and litter recording in pigs. *Livestock Production Science*, 77, 155-66.
- PFAM (2002): Oestrogen receptor. PFAM - Protein families database of alignments and HMMs [on line], [únor 2002].

- Dostupný z: <<http://www.sanger.ac.uk/cgi-bin/Pfam/getacc?PF02159>>.
- Pomp D., Geisert R. (1998): Developmental Genetics. In: Rothschild M. F., Ruvinsky A.: The genetics of the pig. Cab International, New York, 375-403.
- Ponglikitmongkol M., Green S., Chambon P. (1998). Genomic organization of the human oestrogen receptor gene. *EMBO Journal*, 7: 3385-3388. <http://www.nature.com>
- Pope W. F. (1994): Embryonic mortality in swine. In: Zavy M. T., Geisert R. D.: Embryonic mortality in domestic species. CRC Press, Boca Raton, USA, 53-77.
- Pražák (2002): Šlechtění prasat v praktických podmínkách. In: Asociace chovatelů masných plemen, Rapotín, 164-208.
- Pusateri A. E., Rothschild M. F., Warner C. M., Ford S. P. (1990): Changes in morphology, cell number, cell size and cellular estrogen content of individual littermate pig conceptuses on days 9 to 13 of gestation. *Journal of Animal Science*, 68, 3727-3735.
- Putnová L., Kolaříková O., Knoll A., Dvořák J. (2001): Association study of osteopontin (SPP1) and estrogen receptor (ESR) genes with reproduction traits in pigs. In: *Acta univ. agric. et silvic. Mendel. Brun.*, 4, 69-74.
- Putnová L. (2002): Molekulárně genetická variabilita v kandidátních QTL pro reprodukci prasat [Ph.D. thesis], Mendelova zemědělská a lesnická univerzita v Brně, 126 pp.
- Reece W. O. (1998): Fyziologie domácích zvířat. Granada Publishing, spol. s r. o.
- Ribeiro R. C., Kushner P. J., Baxter J. D. (1995): The nuclear hormone receptor gene superfamily. In: *Annu. Rev. Med.*, 443-453.
- Ročenka (1999). Svaz chovatelů prasat v Čechách a na Moravě, Českomoravská společnost chovatelů, Praha, 36 pp.
- Ročenka (2000). Svaz chovatelů prasat v Čechách a na Moravě, Českomoravská společnost chovatelů, Praha, 36 pp.
- Ročenka (2001). Svaz chovatelů prasat v Čechách a na Moravě, Českomoravská společnost chovatelů, Praha, 36 pp.
- Ročenka (2002). Svaz chovatelů prasat v Čechách a na Moravě, Českomoravská společnost chovatelů, Praha, 36 pp.
- Ročenka (2003). Svaz chovatelů prasat v Čechách a na Moravě, Českomoravská společnost chovatelů, Praha, 36 pp.
- Roderick D. B. (2001): Bayesian Methods for Quantitative Trait Loci Mapping Based upon Model Selection: Approximate Analysis Using the Bayesian Information Criterion. *Genetics*, 159, 1351-1364.

- Rohrer G. A., Alexander L. J., Hu Z., Smith T. P. L., Keele J. W., Beattie C. W. (1996): A comprehensive map of the porcine genome. *Genome Res.*, 6, 371.
- Rothschild M. F., Larson R. G., Jacobson C., Pearson P. (1991): PvuII polymorphisms at the porcine estrogen receptor locus (ESR). *Animal Genetics*, 22, 448.
- Rothschild M. F., Jacobson C., Vaske D. A., Tuggle C. K., Short T. H., Sasaki S., Eckardt G. R., McLaren D. G. (1994): A major gene for litter size in pigs. *Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, 21, 225-228.
- Rothschild M. F., Vaske D. A., Tuggle C. K., Messer L. A., McLaren D. G., Short T. H., Eckardt G. R., Mileham A. J., Plastow G. S., Southwood O. I., van der Steen H. A. M. (1995): Estrogen receptor locus is a major gene for litter size in the pig. In: *Proceedings of the European Association of Animal Production*, Prague.
- Rothschild M., Jacobson C., Vaske D., Tuggle C., Wang L., Short T., Eckardt G., Sasaki S., Vincent A., McLaren D., Southwood O., van der Steen H., Mileham A., Plastow G. (1996): The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 93, 201-5.
- Rothschild M. F., Messer L. A., Vincent A. (1997): Molecular approaches to improved pig fertility. *Journal of Reproduction and Fertility Supplement*, 52, 227-236.
- Rothschild M. F., Plastow G. S. (1999): Advances in pig genomics and industry applications. *AgBiotechNet* [on line], paper ABN007.
Dostupný z: <<http://www.agbiotech.net/reviews/available.asp>>.
- Rothschild M. F. (2003): Advances in pig genomics and functional gene discovery. *Comparative and Functional Genomics* [on line], [listopad 2002].
Dostupný z: <<http://www.interscience.wiley.com>>
- Rothschild M. F. (2004): Brief summary of the pig genome coordination program for 2003. *Swine Genome Map, U.S. Pig Gene Mapping Coordination Program* [on line], [únor 2004]. Dostupný z: <<http://www.genome.iastate.edu/newsletter/update2003.html>>.
- Schaeffer L. R. (1993): *Linear Models and Computing Strategies in Animal Breeding*. University of Guelph, Ontario, 168 pp.
- Slomczynska M., Wozniak J. (2001): Differential distribution of estrogen receptor-beta and estrogen receptor-alpha in the porcine ovary. *Experimental and clinical endocrinology & diabetes*, 109 (4), 238-244.
- Smith C., Smith D. B. (1993): The need for close linkages in marker-assisted selection for economic merit in livestock. *Animal Breeding Abstracts*, 61, 197-204.
-

- Smith C. L. (1999): Estrogens, overview. In: Encyclopedia of reproduction, 2, Academic Press, 119-126.
- Short T. H., Rothschild M. F., Southwood O. I., McLaren D. G., de Vries A., van der Steen A., Eckardt G. R., Tuggle C. K., Helm J., Vaske D. A., Mileham A. J., Plastow, G. S. (1997): Effect of the estrogen receptor locus in reproduction and production traits in four commercial pig lines. *Journal of Animal Science*, 75, 3138-42.
- Southwood O. I., van der Steen H. A. M., Mileham A. J., Cuthbert-Heavens D. (1995): Evaluation of the estrogen receptor (ESR) gene in Meishan synthetic and Large White pigs. In: Proceedings of the European Association of Animal Production, Prague.
- Southwood O. I., Short T. H., Plastow G. S. (1998): Genetic markers for litter size in commercial lines of pig. In: Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Vol. 26, 453-6.
- Southwood O. I., Short T. H., Plastow G. S., Rothschild M. F. (1999): A genetic marker for litter size in landrace based pig lines. In: Proceedings of the European Association of Animal Production, Zurich.
- Spelman R. J., Bovenhuis, H. (1998): Moving from QTL experimental results to the utilization of QTL in breeding programmes. *Animal Genetics*, 29, 77-84.
- Steinheuer R., Drogemuller C., Hamann H., Distl O. (2002): Estimation of candidate gene effects on number of piglets born alive for German Landrace sows and boars. *Zuchtingkunde*, 74, 276-287.
- Sundarrajan C., Liao W. X., Roy A. C., Ng S. C. (1999): Association of oestrogen receptor gene polymorphisms with outcome of ovarian stimulation in patients undergoing IVF. *Molecular human reproduction*, 9, 797-802.
- USDA-MARC (2004): Swine Genome Map, U.S. Pig Gene Mapping Coordination Program [on line], [březen 2004]. Dostupný z: <http://www.marc.usda.gov/genome/swine/htmls/Chromosome01.html>.
- Van Arendonk J. A. M., Bink M., Bijma P., Bovenhuis H., de Koning D., Brascamp E. W. (1999): Use of Phenotypic and Molecular data for genetic evaluation of livestock. In: From Jay Lush to genomics: visions for animal breeding and genetics [ed. J. C. M. Dekkers, S. J. Lamont and M. F. Rothschild] AgBiotechNet[®] Proceedings [on line], May 16. – 18., [únor 2002]. Dostupný z: http://www.agbiotech.net/proceedings/4_johan.pdf

- Van der Lende T., Knol E. F., van Rens B. T. T. M. (2002): New developments in genetic selection for litter size and piglet survival. *Thai Journal of Veterinary Medicine*, 32, 33-46.
- Van Rens B. T. T. M. (2001): Physiological aspects of two candidate genes for litter size in pigs [Ph.D. thesis], University of Wageningen, 210 pp.
- Van Rens B. T. T. M., de Groot P. N., van der Lende T. (2002): The effect of estrogen receptor genotype on litter size and placental traits at term in F2 crossbred gilts. *Theriogenology*, 57, 1635-49.
- Van Rens B. T. T. M., Hazeleger W., van der Lende T. (2000): Perioovulatory hormone profiles and components of litter size in gilts with different estrogen receptor (ESR) genotypes. *Theriogenology*, 53, 1375-87.
- Van Rens B. T. T. M., van der Lende T. (2002): Piglet and placental traits at term in relation to the estrogen receptor genotype in gilts. *Theriogenology*, 57, 1651-67.
- Visscher P. M., Goddard M. E. (1993): Fixed and Random Contemporary Groups. *Journal of Dairy Science*, 76, 1444-1454.
- Visscher P., Haley Ch. (1998): Marker assisted selection in commercial pig breeding programmes. In: *Progress in Pig Science*. Nottingham University Press, Nottingham, 57-76.
- Visscher P., Haley Ch. (2002): Strategies for marker-assisted selection in pig breeding programmes, [březen 2002].
Dostupný z: <<http://elib.tiho-hannover.de/publications/6wccgalp/papers/23503.pdf>>
- Visscher P. M., Haley C. S., Thompson R. (1996): Marker Assisted introgression in backcross breeding programs. *Genetics*, 144, 1923-1932.
- Vrtková I., Dvořák J., Mlynek J., Jasek S., Kmiec M. (1999): Frekvence genotypů estrogenového receptoru (ESR) u prasat plemen Large White a Landrase. In: *Vedecká konference s mezinárodní účastí. Ako smerovať chov ošípaných do 21. storočia*, 206-209.
- Vrtková I., Dvořák J. (2001): Genetic variability in the ESR locus in pigs the Landrace and Large White breeds kept in the Czech Republic. *Czech J. Anim. Sci.*, 46, 185-187.
- Welch, B.L. (1947): The generalization of Student's problem when several different population variances are involved. *Biometrika*, 34, 28-35.
- Weller J. I. (2001): *Quantitative trait loci analysis in animals*. CABI Publishing, Oxon, UK, 253 pp.

- Wolf J., Groeneveld E., Peškovičová D., Wolfová M., Jelínková V., Pražák Č., Fiedler J. (1999): Odhad plemenné hodnoty u prasat v České republice – aktuální stav a perspektivy dalšího vývoje. In: Odhad plemenné hodnoty u prasat v Česku a na Slovensku – aktuální stav a perspektivy dalšího vývoje, Research Institute of Animal Production, Prague-Uhřetěves, 15-39.
- Wolf J., Peškovičová D., Groeneveld E., Wolfová M. (2002a) Genetische Parameter für Fruchtbarkeitsmerkmale beim Schwein – eine detaillierte Analyse der ersten vier Würfe unter Verwendung verschiedener Modelle mit zufälligem HYS-Effekt. 1. Mitteilung: Varianzanteile der zufälligen Effekte für die einzelnen Modelle. Züchtungskunde, 74, 32-45.
- Wolf J., Peškovičová D., Groeneveld E., Wolfová M. (2002b) Genetische Parameter für Fruchtbarkeitsmerkmale beim Schwein – eine detaillierte Analyse der ersten vier Würfe unter Verwendung verschiedener Modelle mit zufälligem HYS-Effekt. 2. Mitteilung: Korrelationen zwischen den Merkmalen und den Würfen. Züchtungskunde, 74, 46-55.
- Wolf J., Wolfová M. (1999): Which model to choose for genetic evaluation of production traits in pig? Czech J. Anim. Sci., 44, 377-384.
- Wolfová M., Wolf J. (1999): Současný mezinárodní stav odhadu plemenné hodnoty prasat. Czech J. Anim. Sci., 44, 555-560.
- Yuan W., Giudice L. C. (1999): Insulin-like growth factor-II mediates the steroidogenic and growth promoting actions of follicle stimulating hormone on human ovarian pre-antral follicles cultured in vitro. J. Clin. Endocrinol. Metab., 84: 1479-1482.
- Zavy M. T., Bazer F. W., Thatchet W. W., Wilcox C. J. (1980): A study of prostaglandin F_{2α} as the luteolysin in swine. V. Comparison of prostaglandin F_{2α}, progestins, estrone and estradiol in uterine flushings from pregnant and nonpregnant gilts. Prostaglandins, 20, 837-851.

10. SEZNAM ZKRATEK

AFLP	amplified fragment length polymorphism
BLUP	best linear unbiased prediction
ER	estrogenový receptor
<i>ESR</i>	gen estrogenového receptoru
FSH	folikuly stimulující hormon (folitropin)
<i>FSHB</i>	gen beta podjednotky folikuly stimulujícího hormonu (follicle-stimulating hormone, beta subunit)
GAS	selekce s využitím genotypů (Genotype Assisted Selection)
LH	luteinizační hormon (lutropin)
MAI	introgrese s využitím markerů (marker assisted introgression)
MAS	selekce s využitím markerů (marker assisted selection)
<i>MTNRIA</i>	gen pro melatoninový receptor 1A (melatonin receptor 1A)
<i>OPN</i>	gen pro osteopontin
PCR	polymerázová řetězová reakce (polymerase chain reaction)
<i>RBP4</i>	retinol-binding protein 4
RAPD	náhodně amplifikovaná polymorfní DNA (random amplified polymorphic DNA)
RFLP	polymorfismus restrikčních fragmentů (restriction fragment length polymorphism)
<i>PRLR</i>	gen pro prolaktinový receptor
<i>RYR1</i>	gen ryanodinového receptoru
QTL	lokusy kvantitativních znaků (quantitative trait loci)
SE	střední chyba průměru
SD	směrodatná odchylka
SCHPČM	Svaz chovatelů prasat Čech a Moravy
SNP	Jednoduchý nukleotidový polymorfismus (single nucleotide polymorphism)
sro	efekt stádo-rok-období
SSC	chromozom <i>Sus scrofa</i>
SSCP	konformační polymorfismus jednořetězců (single-stranded conformation polymorphism)

11. ŽIVOTOPIS

Jméno: Ing. Eliška Goliášová
Datum narození: 30. května 1976
Místo narození: Kyjov
Trvalé bydliště: Vlkošská 176, 696 42 Vracov

Ukončené vzdělání:

- **střední:** Střední zemědělská škola ve Vyškově, studium ukončeno maturitou v roce 1994, délka studia 4 roky
- **vysoké:** Mendelova zemědělská a lesnická univerzita v Brně, specializace Genetika a šlechtění hospodářských zvířat, studium ukončeno státní závěrečnou zkouškou v roce 1999, délka studia 5 let (10 semestrů)

Zaměstnání:

- od 1. 9.1999 Českomoravská plemenářská unie, a. s., nejprve jako šlechtitel pro chov prasat, v současnosti jako odborný pracovník řídicí úsek kontroly užitkovosti prasat

Seznam publikovaných prací na konferencích:

- Goliášová E. (1997): Fragmentace PCR produktu genu *RYR1*. In: Sb. "XVII. Miedzynarodowa konferencja Sejmiku Studenckich Kol Naukowych AR we Wroclawiu, 14. 5., Wroclaw, Polsko, 147.
- Goliášová E., Vrtková I. (1997): Metody detekce bodové mutace v lokusu *RYR1*, frekvence genotypů alel *RYR1* u plemene Duroc. In: Sb. "II. Konference doktorandů a studentů "Genetika a šlechtění zvířat". 3. 6., MZLU Brno, 25.
- Goliášová E., Coufalová M., Dvořák, A. (1998): Analýza lokusů *RYR1* a *ESR* u prasat. In: „IV. Vedecká konferencia študentov a doktorandov“, 23. 4., Nitra, 35.
- Goliášová E., Dvořák A. (1998): Diagnostika genotypů genu *RYR1* u prasat s využitím restričních enzymů *Alw21I* a *Hin6I*. In: Sb. "15th International Conference of Student Scientific Circles", 14. 5., Wroclaw, Polsko, 145.
- Dvořák J., Vrtková I., Kolaříková O., Goliášová E. (1998): Možnosti použití genetických markerů při šlechtění prasat na plodnost. In: Sb. "XVIII. Genetické dny", České Budějovice, 8. – 10. 9., 98.
- Goliášová E. (2001): Effects of estrogen receptor (*ESR*) gene in purebred and crossbred herds of pigs. In: Sb. "10th International Symposium of Biotechnology, České Budějovice, 25. - 26. 10., 65.
- Goliášová E. (2003): Efekt genu estrogenového receptoru (*ESR*) v mateřských populacích prasat v České republice. In: Genetika a šlechtění zvířat: V. konference studentů a doktorandů. Přerov, 23-25.

Ostatní publikace

- Goliášová E. (2000): Molekulární genetika ve šlechtění prasat. Plemenářský zpravodaj. Holding Českomoravská plemenářská unie, k.s., 4, 25.
- Goliášová E. (2003): Budeme šlechtit „podle zkumavky“? Plemenářský zpravodaj. Českomoravská plemenářská unie, a.s., 3, 34-35.
- Goliášová E. (2003): Ověřování původu kanců působících ve šlechtitelských chovech. Plemenářský zpravodaj. Českomoravská plemenářská unie, a.s., 4, 46-47.