

**SLOVENSKÁ POĽNOHOSPODÁRSKA UNIVERZITA V
NITRE
FAKULTA AGROBIOLÓGIE A POTRAVINOVÝCH
ZDROJOV**

2122217

DIVERZITA POPULÁCIE PINZGAUSKÉHO PLEMENA

2011

Bc. Ivan Pavlík

**SLOVENSKÁ POĽNOHOSPODÁRSKA UNIVERZITA V
NITRE
FAKULTA AGROBIOLÓGIE A POTRAVINOVÝCH
ZDROJOV**

DIVERZITA POPULÁCIE PINZGAUSKÉHO PLEMENA

Diplomová práca

Študijný program:	Manažment živočíšnej výroby
Študijný odbor:	4179800 Živočíšna produkcia
Školiace pracovisko:	Katedra genetiky a plemenárskej biológie
Školiteľ:	prof. Ing. Ondrej Kadlečík, CSc.

Nitra, 2011

Bc. Ivan Pavlík

Čestné vyhlásenie

Podpísaný Ivan Pavlík vyhlasujem, že som záverečnú prácu na tému „Diverzita populácie pinzgauského plemena“ vypracoval samostatne s použitím uvedenej literatúry.

Som si vedomý zákonných dôsledkov v prípade, ak uvedené údaje nie sú pravdivé.

V Nitre 8. apríla 2011

.....

Pod'akovanie

Touto cestou vyslovujem poďakovanie vedúcemu diplomovej práce pánovi prof. Ing. Ondrejovi Kadlečíkovi, CSc. za pomoc, odborné vedenie, cenné rady a pripomienky pri vypracovaní mojej diplomovej práce.

V Nitre 8. apríla 2011

Abstrakt

Cieľom našej práce bolo zhodnotiť genetickú diverzitu v populácii pinzgauského plemena na Slovensku. Na hodnotenie sme využili metódy rodokmeňovej analýzy. Rodokmeňové informácie sme získali z databáz Plemenárskych služieb SR, š. p., ÚPZ Žilina. Analýza sa robila v populácii 2 399 žijúcich zvierat (2 373 kráv a 26 býkov). K výpočtu hodnotených ukazovateľov sme použili program Endog v. 4.8 pre monitorovanie genetickej diverzity populácií zvierat (Gutiérrez a Goyache, 2005).

V referenčnej populácii sme zistili maximálny počet nájdených generácií 5, počet úplných generácií 2,05 a ekvivalentný počet generácií 3,16. Kompletnosť rodokmeňov mala so stúpajúcim počtom generácií klesajúci charakter. V sledovanej populácii sme hodnotili ukazovatele diverzity odvodené od spoločného predka. Priemerná hodnota koeficientu inbrídingu (F_i) dosiahla hodnotu 0,57 %, pričom priemerný ročný individuálny prírastok inbrídingu (ΔF_i) bol 0,25 %. Koeficient priemernej príbuznosti (AR) bol na úrovni 1,16 %. Z uvedených hodnôt môžeme v budúcnosti predpokladať nárast inbrídingu v populácii, nakoľko sa budú medzi sebou páriť príbuznejšie zvieratá. Realizovaná efektívna veľkosť populácie ($\overline{N_e}$) bola 194,64.

V práci sme hodnotili aj ukazovatele diverzity odvodené od pravdepodobnosti pôvodu génov. V referenčnej populácii sme zistili 2 496 základných predkov (f), efektívny počet základných predkov (f_e) bol 2 276, efektívny počet predkov (f_a) 141 a 50 % genetickej diverzity vysvetľovalo 21 predkov. Z dátumov narodenia rodičov a ich potomkov sme počítali generačný interval. V referenčnej populácii bol najdlhší generačný interval pri gametickej ceste OS (8,02 roka) a najkratší pri ceste MD (6,45 roka). Za všetky gametické cesty bol priemerný generačný interval 7 rokov. Uvedenú populáciu pinzgauského plemena môžeme považovať za ohrozenú. V populácii vzniká vysoké riziko straty genetickej diverzity.

Kľúčové slová: pinzgauské plemeno, genetická diverzita, rodokmeňová analýza, inbríding

Abstract

The aim of our work was to evaluate the genetic diversity in Slovak pinzgauer cattle population. For evaluating of diversity we used the methods of pedigree analysis. The pedigree informations were obtained from The Breeding Services of Slovak Republic, s. e., Department Žilina. The analysis were done in the population of 2 399 living animals (2 373 cows and 26 bulls). For computing of parameters we used the programme Endog v. 4.8 for monitoring of genetic diversity in livestock populations (Gutiérrez and Goyache, 2005).

In a reference population we found out the maximum number of generations traced 5, number of complete generations 2.05 and equivalent number of generations traced 3.16. The completeness of pedigrees had a decreasing trend with increasing number of generations of ancestors. In a reference population we evaluated the parameters based on the probability of identity-by-descent of genes. The coefficient of inbreeding (F_i) was 0.57 %, individual increase in inbreeding (ΔF_i) was 0.25 % and coefficient of average relatedness (AR) was 1.16 %. From this results we suppose that in a future we can expect an increase in inbreeding, because more related animals will be mate together. The realised effective population size ($\overline{N_e}$) was 194.64.

In our work we also evaluated the parameters based on probability of gene origin. There were 2 496 founders (f) in reference population, the effective number of founders (f_e) was 2 276, the effective number of ancestors (f_a) was 141 and 50 % of genetic diversity was described by 21 ancestors. From the date of birth of parents and their offsprings we computed the generation intervals. The longest generation interval was observed in pathway father-son (8.02 years) and the least generation interval was in pathway mother-daughter (6.45 years). The average generation interval for all pathways was 7 years. This observed population we can consider as endangered. There is a high risk of genetic diversity loss in this population.

Key words: pinzgauer cattle, genetic diversity, pedigree analysis, inbreeding

Obsah

Obsah	6
Zoznam skratiek a značiek.....	7
Úvod	8
1 Súčasný stav riešenej problematiky	10
1.1 Pinzgauské plemeno	10
1.2 Živočíšne genetické zdroje	16
1.3 Genetická diverzita a ukazovatele jej hodnotenia	18
1.4 Analýza rodokmeňov.....	20
1.5 Kompletnosť rodokmeňov.....	22
1.6 Príbuznosť	23
1.7 Príbuzenská plemenitba.....	25
1.8 Efektívna veľkosť populácie	29
2 Cieľ práce.....	32
3 Materiál a metodika práce	33
4 Výsledky práce a diskusia	35
4.1 Charakteristika hodnotených súborov	35
4.2 Kompletnosť rodokmeňov hodnotených súborov	35
4.3 Ukazovatele diverzity odvodené od spoločného predka	41
4.4 Ukazovatele diverzity odvodené od pravdepodobnosti pôvodu génu.....	44
4.5 Trend vývoja inbrídingu, prírastku inbrídingu a priemernej príbuznosti	46
4.6 Generačný interval v populácii.....	49
4.7 Najdôležitejší predkovia populácie	51
5 Záver.....	54
6 Zoznam použitej literatúry.....	56

Zoznam skratiek a značiek

AR	priemerná príbuznosť
f	počet základných predkov
f_a	efektívny počet predkov
f	efektívny počet základných predkov
F_i	koeficient intenzity príbuzenskej plemenitby (inbrídingu)
HD	hovädzí dobytok
KÚ	kontrola úžitkovosti
MD	cesta prenosu génov matka – dcéra
MS	cesta prenosu génov matka – syn
n	počet
N_e	efektívna veľkosť populácie
$\overline{N_e}$	realizovaná efektívna veľkosť populácie
OD	cesta prenosu génov otec – dcéra
OS	cesta prenosu génov otec – syn
s	smerodajná odchýlka
\bar{x}	aritmetický priemer
x_{\max}	maximálna hodnota
x_{\min}	minimálna hodnota
ΔF_i	individuálny prírastok inbrídingu

Úvod

Chov hospodárskych zvierat na Slovensku prešiel za ostatné roky významnými zmenami. Uplynulé dve desaťročia priniesli okrem rapídneho poklesu početných stavov aj zvýšenie úžitkovosti zvierat. V ostatnom období trpel slovenský agrosektor vysokou cenovou nestabilitou, čo primälo mnoho chovateľov k likvidácii svojich stád. Snaha chovateľov priblížiť sa čo najviac k hranici rentability pri výrobe mlieka či mäsa, vyvolala aj silný tlak na zmenu úžitkového typu chovaných zvierat. To do značnej miery ohrozuje existenciu málopočetných plemien resp. populácií hospodárskych zvierat.

Pinzgauské plemeno chované na Slovensku môžeme označiť za ohrozené. Ostatné obdobie výrazne zdecimovalo čistokrvnú populáciu plemena, nakoľko väčšina chovateľov pristúpila k prevodnému kríženiu s červeným holštajnským dobytkom. Pinzgauské plemeno nedokáže svojimi priamymi úžitkovými vlastnosťami konkurovať špecializovaným mliekovým plemenám, avšak v nepriamych úžitkových znakoch ich mnohokrát vysoko prekoná. Obzvlášť cenná je jeho dlhovekosť, plodnosť, odolnosť voči chorobám, chodivosť a pastevná schopnosť. Vzhľadom k tomu, že sa chová predovšetkým v horských oblastiach s vysokým podielom trvalých trávnych porastov, vysokou svahovitosťou a dlhším obdobím zimného krmenia, sú jeho sekundárne vlastnosti vysoko cenené.

U nás sa najväčšia časť populácie stále chová v kombinovanom úžitkovom type. Ukázalo sa, že pri dobrých podmienkach výživy sa pinzgauské kravy dokázali svojou úžitkovosťou priblížiť výkonnejšiemu holštajnskemu plemenu. V ostatných rokoch prešlo viacero chovateľov pinzgauského plemena k systému chovu dojčiacich kráv. To len potvrdzuje plasticosť plemena, pretože dokáže dosahovať výborné výsledky mäsovej úžitkovosti, a to aj bez prídavku jadrového krmiva. Mäso pinzgauských zvierat je v krajine jeho pôvodu považované za jedno z najkvalitnejších. U nás, žiaľ, mnoho výkupcov ponúka za zástavový dobytok tohto plemena nižšie ceny, čo neopodstatnene obhajujú nižšou kvalitou mäsa. Viacero zahraničných, ale aj domácich výskumov dokázalo pravý opak. Do budúcnosti bude potrebné zachovať plemeno nielen v mäsovom, ale predovšetkým v kombinovanom type, ktorého chov bol u nás vždy rozhodujúci.

Z dôvodu znižujúcich sa stavov pinzgauských kráv vznikajú problémy pri realizácii šľachtiteľského programu plemena. Klasická schéma testácie mladých býkov je už dnes prakticky nerealizovateľná. Preto musia chovatelia spolu s chovateľským zväzom nájsť nové cesty ako zabezpečiť šľachtiteľskú prácu. Obzvlášť dôležitá je medzinárodná spolupráca s krajinami, kde sa pinzgauský dobytok chová. Ide predovšetkým o Rakúsko a Rumunsko, čiastočne Taliansko a Nemecko. V ostatnom období boli na Slovensko importované inseminačné dávky pinzgauských býkov z Kanady či Austrálie. Uvedené plemenníky pochádzali z nedojených populácií, čo je do určitej miery riziko pre zachovanie požadovaných vlastností kombinovaného typu, ale jednalo sa o býky nepríbuzných línií, ktoré sú veľmi žiadané vzhľadom na zvyšujúcu sa úroveň inbrídingu. Aby sa eliminovali negatívne dôsledky inbrédnej depresie je potrebné veľkú pozornosť venovať dôkladnému príparovaciemu výberu a precíznemu zostavovaniu príparovacích plánov.

V záujme zachovania populácie pinzgauského dobytká treba vynakladať veľkú pozornosť podpore jeho chovu. Je potrebné, aby čo najviac chovateľov spĺňalo podmienky finančnej podpory na záchranu vzácneho genofondu zvierat. Nemenej dôležitá je ochrana genofondu in situ aj ex situ metódami. Vysoké opodstatnenie má uchovávanie inseminačných dávok a embryí.

Prípadné ďalšie znižovanie veľkosti populácie by mohlo vážne ohroziť existenciu plemena. Preto treba veľkú pozornosť venovať ochrane jeho genofondu a aktívne ho rozvíjať tak, aby sa stalo vhodnou alternatívou pre farmárov, ktorí chcú pri menej intenzívnych systémoch chovu dosahovať solídnu úžitkovosť pri čo najnižších nákladoch.

1 Súčasný stav riešenej problematiky

1.1 Pinzgauské plemeno

Pinzgauský dobytok patrí medzi horské plemená kombinovaného úžitkového typu. História jeho vývoja má dlhé časové obdobie. Väčšina autorov hodnotiacich jeho pôvod sa zhoduje v názore, že je to pôvodné (autochtónne) plemeno rakúskych Álp, ktoré vzniklo splynutím rôznych plemien. Za prvotný dobytok týchto oblastí sa považuje dobytok chovaný Keltmi, ovplyvňovaný po roku 500 n. l. jednofarebným červeným dobytkom nemeckých kmeňov Markomanov, ktorí sa v období sťahovania národov usadili v oblasti Salzburgu, pozdĺž pobrežia riek Enns a Mur, v častiach Horného Rakúska, v severnom, východnom a južnom Tirolsku a v Korutánsku. Tieto územia sa považujú za pôvodnú oblasť chovu pinzgauského plemena. V období medzi 14. – 18. storočím, podľa iných prameňov najmä po roku 1690 – 1740, bol charakter pinzgauského dobytká farebne ovplyvnený tux-zillertálskym dobytkom, od ktorého pinzgauský dobytok získal gaštanové sfarbenie s typickou bielou kresbou na chrbte, krížoch, bruchu, ako aj na predkolení a predlaktí (Pšenica, 1990).

Pôvodne bolo plemeno trojstrannej úžitkovosti. Ešte v roku 1957 bolo v Rakúsku najpočetnejším plemenom hovädzieho dobytká. Po druhej svetovej vojne jeho stavy podstatne poklesli. V posledných rokoch je prekrižované na červenostrakatý holštajnský dobytok (Sambras, 2006).

Pinzgauský dobytok bol v minulosti veľmi obľúbený a rozšírený takmer v celej strednej Európe, juhovýchodnej a juhozápadnej Európe. Dnes sa chová len v oblastiach s najtvrdšími chovateľskými podmienkami. Je veľmi skromný, odolný, dobre chodivý a prispôsobivý tvrdým klimatickým podmienkam (Gabriš a i., 1987).

Pinzgauský dobytok možno pokladať za skromný, stredne raný, strednej veľkosti a živej hmotnosti, zdravý, otužilý, dobre chodivý, vhodný na chov v podhorských a horských oblastiach. Má pravidelný postoj s častejším výskytom šablovitých panvových končatín. Paznechty sú tvrdé, dobre uzavreté. Má typické sfarbenie : základná farba je červená až červenohnedá s bielym pásom tiahnucim sa od kohútika cez chrbát, panvu, medzinožie, panvové a hrudníkové končatiny, nad päťovými a zápästnými kĺbmi, kde vytvára tzv. manžety. Spodná časť brucha je biela.

Rohy sú tmavožlté, v hornej tretine tmavosivé, paznechty sú žltohnedé (Botto et al., 1988).

Pinzgauské plemeno je rozšírené hlavne v Rakúsku (2,5 % počtu kráv zapojených do kontroly úžitkovosti v roku 2004) a štátoch východnej Európy najmä na Slovensku a v Rumunsku. V malom počte sa vyskytuje v juhovýchodnej časti Horného Bavorska a v Južnom Tirolsku (Sambraus, 2006).

Vďaka svojim vlastnostiam sa pinzgauské plemeno rozšírilo mimo Európy aj na iné kontinenty. V Severnej Amerike, Afrike a Austrálii sa chová ako mäsový dobytok, pričom vďaka dobrej mliekovej úžitkovosti pinzgaušských kráv dosahujú teľatá vynikajúce parametre intenzity rastu. V krajinách s dlhodobou tradíciou chovu (Rakúsko, Slovensko, Nemecko, Taliansko) je produkcia mäsa pinzgauškého dobytká zabezpečovaná hlavne výkrmom býkov (Hubka a i., 2003).

Začiatok chovu pinzgauškého dobytká na Slovensku sa datuje do tridsiatych rokov 19. storočia. Vtedy sa uskutočnili prvé importy zvierat tohto plemena z Rakúska na naše územie, podobne ako aj do iných oblastí bývalého Uhorska (Pšenica a i., 1998).

Vznik a plemenná unifikácia slovenského pinzgauškého dobytká sú výsledkom rozsiahleho importu plemenných a chovných zvierat do severných oblastí Slovenska z Rakúska. V importe prevládali plemenné býky, menej pravidelné boli importy jalovic, výnimočne importy kráv. Presné číselné údaje o počte importovaných zvierat, najmä z rozhodujúceho časového obdobia tvorby plemena prevodným krížením, nie sú k dispozícii (Pšenica, 1990).

Spooločenská požiadavka na zvýšenie produkčnej schopnosti mliekovej úžitkovosti slovenských plemien viedla v 60-tych rokoch 20. storočia k zavedeniu zošľacht'ovacieho kríženia aj pri pinzgaušskom plemene. Spočiatku experimentálne, neskôr viac – menej plošne sa postupne využívali býky plemena ayrshire, nemeckého rotbunt, neskôr až do súčasnej doby červenostrakaté holštajnské (Pšenica a i., 1998).

Vývoj početných stavov dobytká a kráv v SR je v ostatnom desaťročí nepriaznivý. Populácia pinzgauškého plemena vrátane krížencov do 50 % podielu mliekových plemien v kontrole úžitkovosti za rok 2002 predstavovala 12 803 ks kráv, čo je iba 6,5 % počtu kráv na Slovensku a podiel kráv plemennej skupiny P0, P1 a P2 tvorí len 3,7 % z celkového stavu kráv v kontrole úžitkovosti na Slovensku. Chovnú oblasť pinzgauškého dobytká tvorí 16 okresov horskej a podhorskej oblasti severného Slovenska. Sú to okresy : Čadca, Dolný Kubín, Kysucké Nové Mesto, Liptovský

Mikuláš, Martin, Námestovo, Ružomberok, Tvrdošín, Žilina, Bardejov, Kežmarok, Levoča, Poprad, Sabinov, Stará Ľubovňa a Spišská Nová Ves (Hubka a i., 2003).

Kasarda a Kadlečík (2010) uvádzajú, že celkový počet kráv na Slovensku klesol za obdobie rokov 1997 – 2009 o 34,6 %. Početnosť populácie pinzgauského plemena za sledované obdobie klesla o 78,6 %. Za obdobie rokov 1997 – 2008 je možné sledovať rozdielny pokles početných stavov v plemenných skupinách P₀ o 80,2 %, P₁ 77 %, P₂ 87,5 % a P₃ 73,8 %. V roku 2009 došlo k prerozdeleniu plemenných skupín a to malo za následok zvýšenie počtu zvierat v plemenných skupinách P₀, P₁ a P₂ a zrušenie plemennej skupiny P₃, v zmysle Štatútu plemennej knihy. Produkcia mlieka sa za hodnotené obdobie zvýšila od roku 1997 do roku 2009 o 149 %, podobne došlo k zvýšeniu produkcie tuku a bielkovín (153 %), ale bez ekvivalentnej odpovede v obsahu tuku a bielkovín v %.

Vývoj počtu normovaných laktácií a dosahovanej úžitkovosti pinzgauských kráv

Graf 1



Zdroj: Plemenárske služby SR (2009)

Zväz chovateľov pinzgauského plemena na Slovensku sa stal nositeľom plemennej knihy na základe rozhodnutia Ministerstva pôdohospodárstva SR v roku 1996, keď prevzal zodpovednosť za šľachtenie tohto plemena. K 1. 4. 2010 plemenná kniha evidovala 82 223 kráv vrátane archívu. Žijúce kravy predstavovali 3 872 jedincov. V hlavnom oddiele plemennej knihy – oddiel A (zvieratá s genetickým

podielom pinzgauského plemena min. 87,5 %) je aktívnych 1 219 dojníc. V plemennej knihe sú evidované aj dojčiace kravy pinzgauského dobytku, ktorých počet v ostatnom období stúpa (Huba, 2010).

K 30. 9. 2010 bolo v Slovenskej republike do kontroly mliekovej úžitkovosti hovädzieho dobytku zapojených celkom 135 676 ks kráv, čo predstavuje 81 % z počtu mliekových kráv chovaných v SR. Za uzavreté normované laktácie (95 111) sa dosiahla úžitkovosť 6 739 kg mlieka, 3,97 % tuku a 3,29 % bielkovín, 427 dní bolo priemerné medziobdobie a vek pri prvom otelení bol 28 mesiacov a 21 dní (Ryba a Dianová, 2010).

Napriek nízkym stavom vplyvom šľachtiteľskej práce sa zvyšovala dojivosť a za plemenársky rok 2008/2009 boli v populácii pinzgauského plemena evidované tieto výsledky : 4 777 kg mlieka, 4,09 % tuku a 3,33 % bielkovín. Ak porovnáme prvú evidovanú úžitkovosť za normovanú laktáciu (rok 1925) 1 752 kg v čistokrvnej forme a dnešných 4 777 kg mlieka, je to rozdiel 3 027 kg mlieka. Medzníkom boli roky 1998, keď sa prekročila hranica 3 000 kg (3 043) a rok 2006, keď sa prekročila hranica 4 000 kg (4 195) (Plemenárske služby SR, 2009).

Tabuľka 1 Ukazovatele KÚ za normované laktácie v kontrolnom roku 2009/2010

Plemeno	1. laktácie				Všetky laktácie			
	Počet lakt.	Mlieko kg	Tuk %	Bielk. %	Počet lakt.	Mlieko kg	Tuk %	Bielk. %
Slovenské strakaté	9 121	5 019	4,09	3,37	24 956	5 312	4,05	3,37
Pinzgauské	378	3 755	4,12	3,45	2 081	4 506	4,01	3,38
Holštajnské	24 629	7 186	3,92	3,26	64 254	7 433	3,94	3,26
Braunvieh	86	4 992	4,31	3,32	295	5 610	4,22	3,35

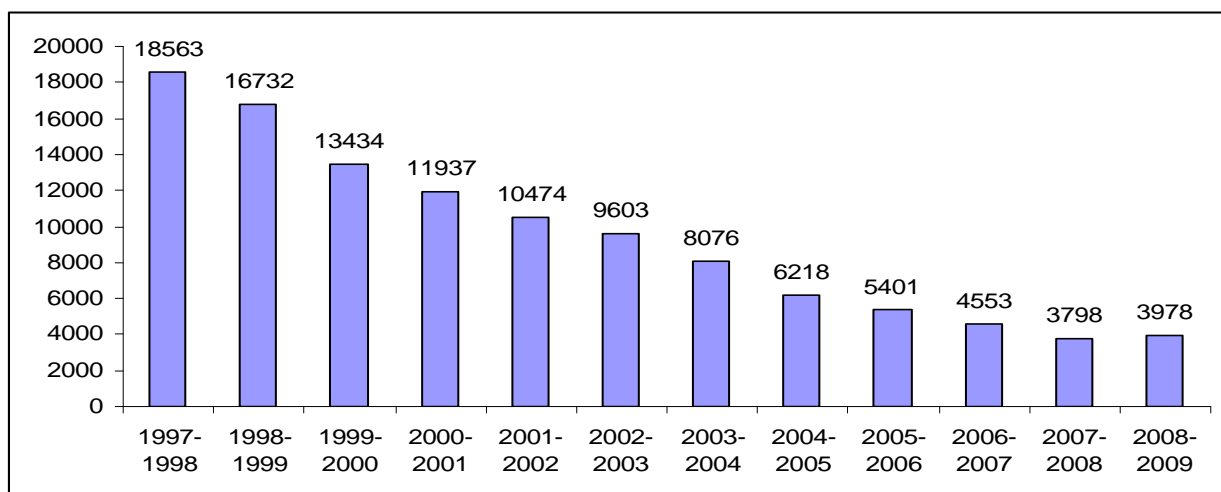
Zdroj: Ryba, Dianová (2010)

Z výsledkov kontroly úžitkovosti, ktoré publikovali Plemenárske služby SR (2009) vyplýva, že v kontrolnom roku 2008/2009 bolo uzavretých celkove 1 648 laktácií kráv pinzgauského plemena zapísaných do plemennej knihy z čoho bolo 322 prvých laktácií. Kravy zapísané do plemennej knihy dosiahli úžitkovosť za všetky laktácie 4 718 kg mlieka, 4,08 % tuku a 3,37 % bielkovín. Kravy na 1. laktáciách zapísané do plemennej knihy dosiahli 3 947 kg mlieka, 4,06 % tuku a 4,42 % bielkovín. Kravy zapísané v oddiele A (918 normovaných laktácií) dosiahli úžitkovosť 4 574 kg mlieka, 4,02 % tuku, 3,38 % bielkovín, v oddiele B (319 normovaných laktácií) 4 840 kg mlieka, 4,07 % tuku, 3,32 % bielkovín, v oddiele C (411 normovaných laktácií) 4 948 kg mlieka, 4,20 % tuku a 3,37 % bielkovín.

Významnú úlohu pri rozvoji a zveľaďovaní tohto plemena zohrávajú šľachtiteľské chovy, v ktorých sa za ukončený plemenársky rok 2008/2009 dosiahla úžitkovosť 5 217 kg mlieka, 3,89 % tuku a 3,38 % bielkovín. Najlepším šľachtiteľským chovom bol chov PDP Spišská Teplica, ktorý dosiahol úžitkovosť 5 764 kg mlieka, 3,65 % tuku a 3,19 % bielkovín (Plemenárske služby SR, 2009).

Mészáros a i. (2010) uvádzajú, že v roku 1998 bola celková početnosť pinzgauských kráv v Slovenskej republike na úrovni 18 563 ks a v roku 2009 už len 3 978 ks.

Graf 2 Vývoj stavov pinzgauských kráv na Slovensku medzi rokmi 1998 – 2009

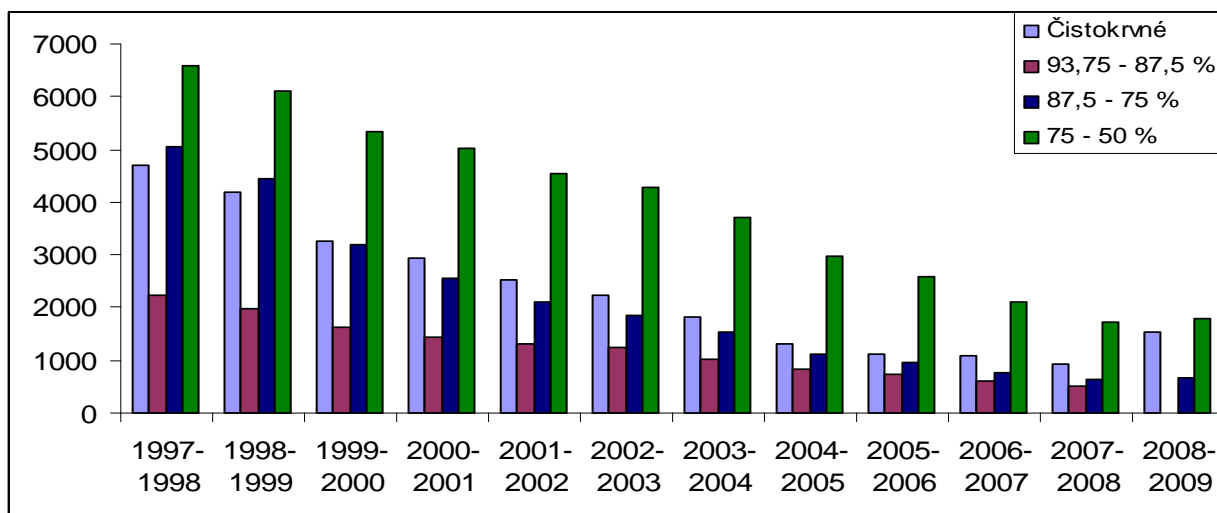


Zdroj: Mészáros et al. (2010)

Zväz chovateľov pinzgauského dobytku na Slovensku (2010) uvádza hlavné ukazovatele selekčného programu pinzgauského plemena na Slovensku za rok 2009. Z nich vyplýva, že počet kráv pinzgauského plemena je 3 400 ks, z čoho genetický podiel P₀ 1 300 ks, P₁ 600 ks a P₂ 1 500 ks. Podiel plemena zo stavu kráv v KÚ je 1,3 %. Zapojenosť populácie do kontroly úžitkovosti je 70 % a do inseminácie 94 %. Aktívnu populáciu tvorilo 2 200 ks kráv a do plemennej knihy bolo zapísaných 2 900 ks kráv. Do prirodzenej plemenitby bolo zaradených 7 býkov a do inseminácie 2 ks. Matky býkov pinzgauského plemena dosiahli úžitkovosť 6 454 kg mlieka, 4,22 % tuku a 3,37 % bielkovín.

Vývoj stavu kráv pinzgauského plemena na Slovensku podľa plemenných skupín

Graf 3



Zdroj: Mészáros et al. (2010)

Kalcher a i. (2010) uvádza, že pinzgauskú populáciu v Rakúsku tvorilo v roku 2009 8 035 ks kráv zapísaných v plemennej knihe, v aktívnej populácii bolo 6 348 ks kráv. V kontrole úžitkovosti bolo v roku 2009 uzavretých 6 486 laktácií s priemernou úžitkovosťou 5 481 kg mlieka, 3,87 % tuku a 3,25 % bielkovín. Zapojenosť rakúskej pinzgauskej populácie do inseminácie je 79 %.

Dĺžka produkčného života je významnou funkčnou vlastnosťou, ktorá vo veľkej miere ovplyvňuje výšku nákladov, a tým pádom aj ziskovosť chovu hovädzieho dobytku. Tento znak má osobitný význam pri zachovaní a šľachtení slovenského pinzgauského plemena. Bola zistená vyššia produkcia mlieka na prvej laktácii pri

neskoršom prvom pripúšťaní jalovíc. Súčasne ale vysoký vek pri prvom otelení nepriaznivo vplýval na dĺžku produkčného života a celoživotnú produkciu mlieka, čo potvrdila aj analýza prežiteľnosti. Bolo zistené klesajúce riziko neskôr vyradených zvierat a v neskorších štádiách laktácie. Kravy s vyšším podielom cudzích plemien produkovali viac mlieka na prvej laktácii. Analýzou prežiteľnosti však bolo zistené vyššie riziko vyradenia, a tým pádom aj kratší produkčný život v porovnaní s čistokrvnými zvieratami. Dĺžka produkčného života bola vyššia v úžitkových chovoch v porovnaní so šľachtiteľskými (Mészáros a i., 2006).

1.1 Živočíšne genetické zdroje

Živočíšne genetické zdroje sú jedinečné populácie spolu s ich priamymi, divými predkami vytvorené všetkými domestikáčnymi procesmi v rámci každého živočíšneho druhu, využívaného na produkciu potravy a pre účely poľnohospodárstva. Termín sa používa vo všeobecnejšom vyjadrení v tom zmysle, že zahŕňa všetky druhy a plemená zvierat, ktoré majú ekonomický, vedecký a kultúrny význam pre človeka a poľnohospodárstvo z hľadiska súčasných i budúcich potrieb (Kadlečík a Kasarda, 2007).

Hlavným cieľom dlhodobého uchovávanía genetických zdrojov hospodárskych zvierat by malo byť zachovanie plného potenciálu pre adaptačné schopnosti jednotlivých druhov. Kroky, ktoré dnes podnikáme, by nemali znižovať možnosť zmeny budúcej genetickej úrovne zvierat pre produkciu a fitness (Notter, 1999).

Podľa odhadu FAO približne 10 % plemien domácich zvierat sa stratilo počas uplynulého storočia a ďalších 20 % je v riziku straty. Situácia plemien je obzvlášť nepriaznivá v Európe, kde 68 % plemien sa nachádza v rôznej úrovni rizika straty a 31 % plemien je mimo uvedené riziko (Kadlečík a Kasarda, 2007).

Absolútny počet plemien zapísaných v celosvetovej databáze FAO významne stúpol. Počet záznamov stúpol z 6 379 v decembri 1999 na 14 017 v januári 2006 (FAO OSN, 2007).

Notter (1999) uvádza, že odhadovaný počet plemien cicavcov je približne 4 000, čo je približne porovnateľné s celkovým počtom známych druhov cicavcov. Z tohto počtu je približne 1 000 plemien ohrozených vyhynutím.

Kasarda a Kadlečík (2010) uvádzajú, že od roku 1994 je pinzgauské plemeno registrované v informačnej databáze o diverzite domácich zvierat (domestic animals diversity information system; DAD-IS) registrovanej pri Organizácii spojených národov pre poľnohospodárstvo a výživu (FAO OSN) v Ríme. Populácia je monitorovaná s ohľadom na jej možný zánik.

Kadlečík a Kasarda (2007) uvádzajú, že rizikové populácie sa rozdeľujú spravidla do nasledujúcich skupín: (1) vymreté, (2) kritické, (3) ohrozené, (4) zraniteľné, (5) neisté. Za vymreté sa považujú tie plemená, ktoré už nie je možné obnoviť, nevyskytuje sa žiadna čistokrvná plemennica, plemenník, embryá alebo iný revitalizovateľný genetický zdroj. Kritické populácie sú tie, ktoré majú menej ako 100 plemenníc (minimálne 80 % z nich je čistokrvných) a najviac 5 plemenníkov. Ohrozené plemená sú v riziku vymretia. Riziko súvisí s tým, že efektívna veľkosť ohrozenej populácie je veľmi malá. Jej zmenšenie alebo strata, môže súvisieť napríklad s pôsobením inbrídingu, čo sa prejaví znížením životaschopnosti plemena. Populácia má 100 – 1 000 plemenníc a 5 – 20 plemenníkov. Zraniteľné plemená sú tie, v ktorých prebiehajú niektoré nežiaduce zmeny ohrozujúce jedincov. Populáciu tvorí 1 000 – 5 000 plemenníc a 5 – 20 plemenníkov. Pri neistých plemenách sa rýchlo znižuje početnosť jedincov. Populáciu tvorí 5 000 – 10 000 plemenníc a 5 – 20 plemenníkov.

Oravcová a i. (2006) nasledovne klasifikovali populácie plemien podľa efektívnej veľkosti populácie (N_e): kriticky ohrozené ($N_e \leq 50$), ohrozené ($50 > N_e < 200$), monitorované ($200 > N_e < 1\ 000$) a neohrozené ($N_e > 1\ 000$). Ako doplnkové kritérium použili klasifikáciu plemien podľa pôvodu plemena : autochtónne, resp. dlhodobo chované v SR (A); exotické, resp. importované (B) populácie a populácie, vykazujúce istý podiel zahraničného genofondu (AB).

Kadlečík a Kasarda (2007) uvádzajú 2 spôsoby konzervácie živočíšnych genetických zdrojov – *in situ* a *ex situ* metódy konzervovania. Metódy *in situ* konzervovania sú zamerané na udržiavanie živých populácií zvierat v pôvodnom prostredí. Medzi *ex situ* metódy patrí konzervovanie embryí, samčích a samičích pohlavných buniek uskladnených v tekutom dusíku, ochrana DNA segmentov, chov divých zvierat v zooparkoch, zoologických záhradách alebo na iných miestach vzdialených ich pôvodnému prostrediu.

Oravcová a i. (2006) uvádzajú, že ak je pri populáciách kategórií A, resp. AB N_e vyššia ako 200 a nižšia ako 1 000 (resp. počte plemenníkov menšom ako 100 ks) je potrebné uvažovať s opatrením *ex situ*, zameraným na kryokonzerváciu spermy. Za štandard sa považuje odobratie min. 100 inseminačných dávok od 25 samcov, ktorí sú v čo najmenšom príbuzenskom vzťahu. Ak N_e nadobudne hodnotu nižšiu ako 200, je potrebné populáciu stabilizovať okrem kryokonzervácie spermy aj kryokonzerváciou embryí. Vzhľadom na predpokladaný rozvoj biotechnológií sa v týchto prípadoch odporúča pristúpiť navyše k uchovávaniu DNA a somatických buniek. Za minimálny bezpečnostný depozit embryí sa považuje 100 – 150 embryí od 50 – 100 nepríbuzných matiek a 10 – 15 otcov, resp. 50 inseminačných dávok od 20 – 25 plemenníkov, ktoré umožnia rekonštrukciu plemena s prijateľnou mierou inbrídingu za 4 – 5 generácií.

1.2 Genetická diverzita a ukazovatele jej hodnotenia

Genetická diverzita vo vnútri populácií je nevyhnutná pre zabezpečenie adaptačných schopností a zabránenie výskytu inbrédnej depresii na dlhšie časové obdobie. Kritickým faktorom v malých populáciách je riziko straty adaptačných schopností, pretože genetický drift neustále znižuje genetickú diverzitu. Dôležitou stratégiou na konzerváciu genetických zdrojov je zachovanie genetickej diverzity pomocou minimalizácie priemernej príbuznosti prostredníctvom uprednostňovania geneticky významných alebo vzdialene príbuzných zvierat v plemenitbe (Oliehoek a Bijma, 2009).

Baumung a Sölkner (2002) uvádzajú, že dlhodobé prežitie populácií závisí na zachovaní dostatočnej genetickej variácie pre znaky fitness a adaptability populácie. Preto najčastejším cieľom genetických konzervačných programov je udržanie genetickej diverzity. Na rodokmeňových informáciách sú založené rozličné kritériá pre hodnotenie zmien genetickej variability.

Lacy (1995) uvádza, že hlavnou stratégiou pre uchovávanie genetickej diverzity by mala byť maximalizácia počtu chovateľov, vyrovnávanie veľkosti rodín, vyrovnávanie pomeru pohlavia a redukcia fluktuácií veľkosti populácie počas dlhšieho časového obdobia.

Na hodnotenie genetickej variability populácií sa využívajú dva rozdielne typy ukazovateľov. Prvý typ predstavujú ukazovatele odvodené od spoločného predka

a druhý je založený na pravdepodobnosti pôvodu génu. K prvému typu ukazovateľov patrí klasický koeficient inbrídingu (F), priemerná príbuznosť (AR), individuálny prírastok inbrídingu (ΔF) a efektívna veľkosť populácie (N_e). Medzi ukazovatele druhého typu patrí efektívny počet základných predkov (f_e), efektívny počet predkov (f_a) a efektívny počet genómov základných predkov (N_g). Efektívny počet základných predkov predstavuje počet rovnako prispievajúcich predkov, od ktorých sa bude môcť očakávať vytvorenie rovnakej genetickej diverzity, aká sa nachádza v sledovanej populácii. Efektívny počet predkov je minimálny počet predkov (nie nevyhnutne základných predkov), potrebných na vysvetlenie genetickej diverzity súčasnej populácie. Efektívny počet genómov základných predkov môže byť vypočítaný ako náhrada priemerného člena v matici príbuznosti (Baumung a Sölkner, 2002).

Gutiérrez a i. (2009a) uvádzajú vzťah pre výpočet efektívneho počtu základných predkov (f_e) :

$$f_e = 1 / \sum q_k^2$$

kde q_k je pravdepodobnosť pôvodu génu predka k .

Caballero a Toro (2000) uvádzajú, že efektívny počet základných predkov je funkciou očakávaných príspevkov základných predkov ich potomkom. Po niekoľkých generáciách všetci potomkovia budú mať rovnaké príspevky od jednotlivých predkov, takže variácia príspevkov predkov sa stane konštantnou a výpočet efektívneho počtu základných predkov sa stane zbytočným.

Gutiérrez a i. (2009a) uvádzajú nasledujúcu rovnicu pre výpočet efektívneho počtu predkov (f_a) :

$$f_a = 1 / \sum q_j^2$$

kde q_j je marginálny príspevok predka j .

Baumung a Sölkner (2002) uvádzajú, že nerovnaké príspevky základných predkov v populácii pinzgauškého dobytku v Rakúsku, majú za príčinu príliš intenzívne využívanie malého počtu býkov v inseminácii a selekciu len malého počtu otcov býkov.

Lacy (1995) uvádza, že génová diverzita, tiež označovaná ako očakávaná heterozygotnosť, je vhodná miera vyjadrujúca genetickú variáciu populácie. Génová diverzita je variácia alelických frekvencií na genetických lokusoch a rovná sa

očkávanej heterozygotnosti v populácii s náhodným spojením gamét. Génová diverzita je definovaná ako

$$GD = 1 - \sum (p_i^2)$$

kde p_i je frekvencia alely i .

1.3 Analýza rodokmeňov

Rodokmeň je záznam, v ktorom sú uvedené najdôležitejšie informácie o jedincovi a jeho predkoch obyčajne do 3. – 5. generácie. Rodičia určitého potomka sa rátať za prvú generáciu, čiže za prvý rad predkov (Kliment a i., 1985).

Rodokmene sú doklady o pôvode jedincov, o ich prehľadnom spôsobe usporiadania generácií predkov a potomkov. Sú súčasťou základnej chovateľskej a šľachtiteľskej dokumentácie. Dávajú informáciu o vzniku a vývoji zootecnických taxonomických jednotiek. Zvieratá s rodokmeňmi majú vyššiu šľachtiteľskú hodnotu, môžu byť registrované v plemenných knihách a využívajú sa v šľachtiteľskej a plemenárskej práci. Tvoria aktívnu populáciu plemena. Majú svoju chovateľsko-produkčnú a genetickú hodnotu. Zvieratá, ktoré nemajú rodokmene, sú neznámeho pôvodu a majú iba chovateľsko-produkčnú hodnotu (Kadlečík a Kasarda, 2007).

Dlhodobé prežitie populácie závisí na udržaní dostatočnej genetickej variability pre znaky fitness a adaptabilitu populácie. V populáciách hospodárskych zvierat, populáciách divých zvierat žijúcich v zajatí a v mnohých populáciách divo žijúcich zvierat, bol v dôsledku párenia úzko príbuzných zvierat zaznamenaný široký výskyt inbrédnej depresie a zníženie plodnosti a životaschopnosti potomstva (Lacy a i., 1995).

Analýza rodokmeňov je zo širšieho uhla pohľadu definovaná ako genetická štúdia príslušnej multigeneračnej populácie s väzbami na svojich predkov, ktoré sú známe, alebo môžu byť primerane predpokladané a modelované. Dôraz je kladený na skúmanie genetickej štruktúry prenášanej v populácii prostredníctvom vzťahov v rodokmeňoch a vyhodnocovanie výsledkov, ktoré sú využívané na dlhodobú konzerváciu populácie (Lacy a i., 1995).

Analýzy rodokmeňov musia začínať pri zakladateľoch populácie, jedincoch s neznámymi alebo odhadovanými predkami, z ktorých pochádzajú rodokmeňovo

známe jedince populácie. Všetky stanovenia genetickej straty vychádzajú z genetickej variability v zakladateľskej populácii. Analýzy alelickej straty vychádzajú potom zo stanovenia pravdepodobnosti, že alely nachádzajúce sa v zakladateľskej populácii stále pretrvávajú v nasledujúcich generáciách potomkov (Lacy, 1989).

Lacy (1989) definuje základného predka, ako zviera s neznámymi genetickými väzbami na akékoľvek iné zviera v rodokmeni okrem jeho vlastných potomkov.

Lacy a i. (1995) uvádzajú nasledovné nástroje rodokmeňovej analýzy : (1) analytický výpočet pravdepodobnosti výskytu genotypu v úplne známych rodokmeňoch, (2) simuláciu možných rodokmeňových výsledkov zo známych aspektov štruktúry populácie a (3) stanovenie rovníc, ktoré zoširoka opisujú genetické procesy v populácii.

Lacy (1989) uvádza, že na maximalizáciu udržania genetickej premenlivosti vo vnútri uzavretých populácií, by sa mal v plemenitbe využívať dostatočne veľký a rovnaký počet potomkov po každom základnom predkovi. Veľký počet potomkov minimalizuje následnú náhodnú stratu genetickej premenlivosti, ktorá sa vyskytovala v zakladateľskej populácii. Rovnaký počet potomkov reprezentujúcich základných predkov má zabezpečiť, že genetická premenlivosť, ktorá sa vyskytovala u každého základného predka, sa nestratí z populácie potomkov, pokiaľ sa budú odovzdávať alely iných základných predkov.

Baumung a Sölkner (2002) zistili, že priemerný počet známych predkov v rakúskej populácii pinzgauského dobytká je porovnateľný s výsledkami zistenými vo väčších populáciách francúzskych plemien dobytká. V prípade tux-zillertálskeho dobytká bol tento počet extrémne nízky. Príčinou je, že o týchto zvieratách nie sú dostupné rodokmeňové informácie z obdobia pred rokom 1966. Ešte menej záznamov bolo k dispozícii pri plemene Carinthian Blond. Ešte väčšie rozdiely zistili v kvalite rodokmeňových informácií pri zisťovaní počtu úplných ekvivalentov generácií (počtu generácií v porovnateľných kompletných rodokmeňoch), kde zistili hodnoty od 1,73 pri plemene Carinthian Blond do 5,33 pri pinzgauskom plemene.

1.4 Kompletnosť rodokmeňov

Cervantes a i. (2008) a Cervantes a i. (2009) uvádzajú, že kompletnosť rodokmeňov sa vypočíta za celý rodokmeň ako podiel známych predkov za generáciu pre každého potomka. Taktiež počet ekvivalentných generácií (g_e) v rodokmeni sa vypočíta ako suma $(1/2^n)$, kde n je počet generácií oddeľujúcich jedinca od každého známeho predka.

Dunner a i. (1998) uvádzajú, že úroveň kompletnosti rodokmeňov bola vypočítaná na základe zohľadnenia všetkých známych predkov za generáciu. Predkovia bez známeho pôvodu boli pokladaní za základných predkov (generácia 0) a počet známych generácií bol počítaný, ako tie generácie, ktoré oddeľujú potomka od jeho najďalej známeho predka na oboch stranách rodokmeňa.

Li a i. (2009) uvádzajú, že na hodnotenie kompletnosti rodokmeňov sa využíva koeficient kompletnosti rodokmeňov (*PEC*), ktorý navrhli MacCluer et al. (1983) :

$$PEC = \frac{2 C_{sire} C_{dam}}{C_{sire} + C_{dam}}$$

pričom C_{sire} a C_{dam} sú príspevky z otcovskej a materskej línie. Príspevky sú vypočítané ako:

$$C = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d g_i$$

pričom g_i je počet predkov v generácii i a d je počet nájdených generácií.

Nekompletné rodokmene môžu spôsobiť nedostatočné odhadnutie inbrídingu a príbuznosti, pretože sa ignorujú potenciálne príspevky neznámych predkov. Rôzne upresňujúce odhady môžu kombinovať súčasne príbuznosť známych predkov s predpokladanou príbuznosťou neznámych predkov odvodenou z priemerného inbrídingu zvierat s úplnými rodokmeňmi (VanRaden, 1992).

Kadlečík a i. (2007) percentuálne vyjadrovali kompletnosť rodokmeňov v populácii pinzgauského dobytku spočítaním predkov v jednotlivých generáciách zvierat vrátane základných predkov. Základnými predkami boli zvieratá, ktoré nemali v rodokmeňoch evidovaných rodičov a predpokladalo sa, že nevznikli párením príbuzných rodičov. Priemerná kompletnosť rodokmeňov zo strany matiek bola 44,86 – 86,95 %. Výsledky štúdie rodokmeňov poukazujú na potrebu zvýšenia

kompletnosti rodokmeňov predovšetkým zo strany matiek hodnotených jedincov. V celom súbore sa nachádzalo 5 895 zvierat z toho takmer 11 % otcov a 89 % matiek. Z uvedeného počtu bolo 9,14 % neznámych rodičov. V skupine jedincov základnej generácie bol priemerný počet predkov 20,4 plemenníkov a 20,1 plemenníc. V 2. a 3. generácii bola jeho hodnota podstatne nižšia.

1.5 Príbuznosť

Príbuznosť je genetická podobnosť medzi dvoma jedincami náhodne vybranými z populácie, t.j. podobnosť ich genotypov pre určité znaky a vlastnosti. Mierou tejto genetickej podobnosti je koeficient príbuznosti (R_{xy}), ktorý vyjadruje genetickú koreláciu (mieru genetickej podobnosti), t.j. vzájomný vzťah medzi jedincami (Kliment a i., 1985).

V genofonde populácie zvierat sa všeobecne vyskytuje množstvo génov a je teda pravdepodobné, že určité gény sa budú vyskytovať častejšie u príbuzných ako u nepríbuzných jedincov. Teda, čím príbuznejší budú predkovia dvoch jedincov, tým budú geneticky podobnejší. Pojem príbuznosti bez konkrétneho označenia číselnou hodnotou je pojem relatívny. Preto je potrebné vymedziť mieru príbuznosti pripáraných jedincov, ktoré sa považujú za príbuzné. Všeobecne je účelné obmedziť príbuznosť na spoločného predka, ktorý sa vyskytuje v rodokmeni jedincov v niekoľkých generáciách (Gavalier a Rybanská, 2000).

Jedince môžu byť príbuzné v priamom alebo bočnom rade. Priamy rad jedincov je taký, v ktorom každý nasledujúci jedinec je potomkom predchádzajúceho. V bočnom rade sú jedince príbuzné, keď majú minimálne jedného spoločného predka (Kadlečík a Kasarda, 2007).

Spoločný predok je zviera, ktoré má rovnakých rodičov, produkuje rôznych potomkov a nachádza sa v rodokmeňoch obidvoch potomkov prípadne na obidvoch stranách rodokmeňa (otca, matky) jedinca. Spoločných predkov môže byť aj viac. Frekvencia výskytu spoločných predkov závisí od početnosti populácie. V početne malých populáciách sa môže zvyšovať počet spoločných predkov a stupeň príbuznosti zvierat sa zvyšuje. Pripáranie v malej uzatvorenej populácii vždy môže zapríčiniť určitý stupeň príbuznosti (Gavalier a Rybanská, 2000).

Príbuznosť jedincov v priamom a bočnom rade sa vyjadruje stupňom a koeficientom príbuznosti. Stupne príbuznosti v priamom rade sa určia tak, že sa spočítajú úseky medzi predkom a potomkom. V bočnom rade sa určia spočítaním úsekov od jedinca X po spoločného predka a od toho istého spoločného predka k jedincovi Y (Kadlečík a Kasarda, 2007).

Kliment a i. (1985) uvádzajú nasledujúcu rovnicu pre výpočet koeficientu príbuznosti v bočnom rade, ak jedince alebo ich spoločný predok nie sú produktmi inbrídingu :

$$R_{xy} = \sum 0,5^{n_1+n_2}$$

kde n_1 je počet úsekov (gamét) od jedinca X k spoločnému predkovi a n_2 je počet úsekov (gamét) od jedinca Y k tomu istému spoločnému predkovi.

Gavalier a Rybanská (2000) uvádzajú rozšírenú rovnicu pre výpočet koeficientu príbuznosti v bočnom rade, v prípade, že jedince alebo ich spoločný predok sú produktmi inbrídingu :

$$R_{xy} = \frac{\sum 0,5^{n_1+n_2} \cdot (1 + FA)}{\sqrt{(1 + FX) \cdot (1 + FY)}}$$

kde n_1 je počet úsekov (gamét) od spoločného predka k jedincovi X , n_2 je počet úsekov (gamét) od toho istého spoločného predka k jedincovi Y , FA je koeficient inbrídingu spoločného predka – počíta sa len v tom prípade, ak bol spoločný predok sám výsledkom inbrídingu, t.j. rodičia museli byť navzájom príbuzní a FX a FY sú koeficienty inbrídingu jedincov X a Y – počítajú sa len v prípade, ak jedince X alebo Y boli produktmi inbrídingu.

Priemerný koeficient príbuznosti (mk) je priemerná hodnota príbuznosti jedinca ku všetkým jedincom v populácii, ktorí nie sú základnými predkami, vyskytujúcim sa v rodokmeni (vrátane seba samého, ak nie je základným predkom). Môže byť užitočným ukazovateľom vyjadrujúcim genetickú hodnotu zvierat'a v šľachtiteľskom programe (Lacy, 1995).

Podľa Lacy (1995) priemerný koeficient príbuznosti jedinca i (mk_i) je definovaný ako priemerná hodnota príbuznosti medzi jedincom a všetkými jedincami populácie (vrátane seba samého) :

$$mk_i = \frac{\sum f_{ij}}{N}$$

kde f_{ij} je koeficient príbuznosti, ktorý je definovaný ako pravdepodobnosť, že alely prenesené náhodne z dvoch jedincov (i a j) sú rovnakého pôvodu. N je počet zvierat tvoriacich populáciu.

Gutiérrez a i. (2009a) definujú koeficient priemernej príbuznosti (AR) pre každého jedinca, ako pravdepodobnosť, že náhodne vybraná alela z celej populácie patrí danému zvierat'u.

Ak máme k dispozícii údaje o molekulárnych genetických markeroch, môžeme tieto informácie zahrnúť do zisťovania skutočných príbuzenských vzťahov. Príbuznosť jedincov môže byť stanovená aj na základe markerových informácií (Toro a i., 1999).

1.6 Príbuzenská plemenitba

Príbuzenská plemenitba (inbríding) je párenie medzi zvieratami, ktoré sú príbuzné tzn. majú spoločného predka, vyskytujúce sa do definovanej základnej generácie (Lacy, 1995).

Rybanská a Gavelier (1999) definujú príbuzenskú plemenitbu (inbríding) ako párenie jedincov, ktorí sú príbuzní v 1. až 5. stupni príbuznosti, a ktorých koeficient príbuzenskej plemenitby je vyšší ako priemer populácie.

Kadlečík a Kasarda (2007) uvádzajú, že príbuzenská plemenitba je neutrálna, nie bežná metóda reprodukcie hospodárskych zvierat. Príbuzenskou plemenitbou sa nazýva taký postup reprodukcie zvierat, pri ktorom sa pária jedince : (1) príbuzné do piatej generácie, (2) príbuznejšie ako je priemerná príbuznosť populácie.

Pri príbuzenskej plemenitbe sa nemení génové zloženie populácie, ale mení sa genotypové zloženie. Podľa prechovanosti na spoločných predkov sa príbuzenská plemenitba delí na úzku (pokrvnú), pri ktorej sa medzi sebou pária najbližší príbuzní jedinci, a to otec x dcéra, syn x matka, súrodenci medzi sebou; ďalej je to príbuzenská plemenitba blízka, pri ktorej sa pária príbuzní v nie celkom úzkom príbuzenskom stupni, a to strýko x neter, prarodičia s generáciou vnukov atď.; tretí stupeň je príbuzenská plemenitba vzdialená, čo je párenie jedincov vzdialenejších príbuzenských stupňov, napr. pravnukov s pravnučkami a podobne (Dušek a i., 2007).

Kliment a i. (1985) uvádzajú, že príbuzenská plemenitba ako šľachtiteľská metóda sa používala oddávna, a to častejšie alebo menej často podľa toho, ako sa menili

názory na jej vhodnosť. Od konca 18. storočia do polovice 19. storočia sa táto metóda cenila veľmi vysoko. V druhej polovici 19. storočia sa však názory na jej úspešnosť zmenili a vo väčšine chovateľsky vyspelých štátov sa obmedzila alebo sa z plemenitby hospodárskych zvierat úplne vylúčila. Jej odporcovia boli presvedčení, že spôsobuje prílišné zjemnenie konštitúcie, pokles plodnosti, životaschopnosti jedincov a nakoniec degeneráciu chovu. Zástancovia príbuzenskej plemenitby poukazovali na skutočnosť, že pri vyšľachtení mnohých vysokovýkonných plemien hospodárskych zvierat sa používala príbuzenská plemenitba. Na prvom mieste sa uvádzali úspechy anglického chovateľa Bakewella (1725 – 1795) a jeho nasledovníkov bratov Collingovcov, ktorí predovšetkým použitím tejto metódy vyšľachtili shorthornské plemeno hovädzieho dobytku. Ešte názornejší príklad je z chovu koní, kde chov starokladrubskeho koňa, okrem niekoľkých výnimiek, je od roku 1764 na úrovni uzavretej populácie a napriek tejto skutočnosti sa nezaznamenala ani v tomto prípade výraznejšia inbrédna depresia.

Intenzita inbrídingu je vyjadrená hodnotou koeficientu intenzity príbuzenskej plemenitby, ktorý popisuje jej zvýšenie za určité časové obdobie. Vyjadruje stupeň zvýšenia homozygotnosti inbrédnych jedincov oproti východiskovej, rodičovskej genetácii (Kadlečík a Kasarda, 2007).

Kadlečík a Kasarda (2007) uvádzajú, že koeficient príbuzenskej plemenitby za predpokladu, že hodnotené jedince (X, Y) a ani ich spoloční predkovia nevznikli príbuzenským párením, sa vypočíta podľa nasledujúcej rovnice:

$$F_X = \sum 0,5^{n_1+n_2+1}$$

kde n_1 je počet generácií (úsekov) od jedinca X k spoločnému predkovi na strane otca a n_2 je počet generácií (úsekov) od jedinca Y k spoločnému predkovi na strane matky.

Gavalier a Rybanská (2000) uvádzajú nasledujúcu rovnicu na výpočet koeficientu príbuzenskej plemenitby, pričom sa zohľadňuje aj skutočnosť, že spoločný predok je výsledkom príbuzenskej plemenitby :

$$F_X = \sum 0,5^{n_1+n_2+1} \cdot (1 + FA)$$

kde n_1 je počet úsekov (gamét) od spoločného predka k otcovi jedinca X , n_2 je počet úsekov (gamét) od toho istého spoločného predka k matke jedinca X a FA je koeficient inbrídingu spoločného predka.

Moderné šľachtiteľské programy dobytká sa vyznačujú presnými metódami odhadu plemenných hodnôt a značným používaním reprodukčných technológií. Hoci tieto programy vedú k rýchlemu genetickému zisku, vedú takisto k akumulácii inbrídingu cez zvýšený vplyv nízkeho počtu selektovaných jedincov resp. rodín. Z dôvodu akcelerujúceho vzostupu inbrídingu u väčšiny druhov sú ekonomické straty cez inbríding značné. Inbrédna depresia sa vyskytuje pri produkčných znakoch (rast a produkcia mlieka) ako aj znakoch zdravia napr. plodnosť, prežiteľnosť (Kasarda a Kadlečík, 2010).

Dôsledkom príbuzenskej plemenitby je inbrédna depresia, ktorá sa prejavuje výskytom genetických väd, zhoršením životaschopnosti, plodnosti a úžitkovosti zvierat. Starostlivosť pri zostavovaní pripárovacích plánov, z tohto pohľadu, je potrebná predovšetkým pri holštajnskom plemene, ktoré je veľmi intenzívne šľachtené a vďaka umelej inseminácii, sú takmer všetky zvieratá na svete medzi sebou príbuzné. Celosvetovo dosahuje koeficient príbuzenskej plemenitby u holštajnských býkov približne 4 %. V kombinácii s vysokou úžitkovosťou sa začína u tohto plemena prejavovať zhoršenie plodnosti a malá odolnosť voči chorobám, vrátane náhlych úhynov dospelých kráv v maštaliach (Bouška a i., 2006).

V chove hovädzieho dobytká musí zvyšujúci sa prejav inbrédnej depresie vzbudzovať veľkú pozornosť. U niektorých dojných plemien, dosahuje inbríding už takú úroveň, že môže znížiť ich budúcu úžitkovosť. Rovnako znepokojivá situácia je už aj v chove ošípaných a hydiny a v nižšom rozsahu aj v chove mäsového dobytká a oviec (Perkins, 2005).

Kaerney a i. (2004) definujú prírastok inbrídingu (ΔF) ako rozdiel medzi koeficientom inbrídingu potomka a rodičov.

Prírastok inbrídingu je konštantný pre ideálne populácie konštantnej veľkosti, kde neprebíha migrácia, mutácie ani selekcia v diskretných populáciách. Avšak v reálnych populáciách s prekrývajúcimi sa generáciami, kde je počet samcov a samíc obvykle rozdielny, a kde sa zásadne využíva zámerné pripárovanie, stáva sa prírastok inbrídingu veľmi dôležitým ukazovateľom, s ktorým treba počítať (Gutiérrez a i., 2008).

Gutiérrez a i. (2008) uvádzajú, že ΔF medzi dvoma diskretnými generáciami je možné vypočítať podľa rovnice:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

kde F_t je koeficient inbrídingu t -generácie a F_{t-1} je koeficient inbrídingu $t-1$ -generácie.

Wiggans a VanRaden (1995) uvádzajú, že v USA začali v januári 1994 počítať percento inbrídingu pre všetky holštajnske zvieratá a tieto údaje boli poskytnuté inseminačným spoločnostiam.

Cervantes a i. (2008) a Gutiérrez a i. (2008) uvádzajú, že prírastok inbrídingu, ktorý vychádza z koeficientu inbrídingu zvieratá i (F_i) počas t generácií sa môže vypočítať podľa rovnice:

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t]{1 - F_i}$$

kde t je ekvivalentný počet generácií daného jedinca vypočítaný z jeho rodokmeňa a F_i je individuálny koeficient inbrídingu jedinca i .

Hodnoty ΔF_i jedincov patriacich do referenčnej populácie môžu byť spriemerované do hodnoty $\overline{\Delta F}$ (Gutiérrez a i., 2009b).

Smith a i. (1998) pomocou zmiešaného modelu odhadli inbrédnu depresiu u holštajnských kráv za každé 1 % prírastku inbrídingu. Zistili, že jeho vplyvom došlo k predĺženiu veku pri prvom otelení o 0,55 dňa, skráteniu dĺžky produkčného života o 6 dní. Prírastok inbrídingu o 1 % spôsobil aj zníženie produkcie mlieka na 1. laktácii o 27 kg mlieka, 0,9 kg tuku a 0,8 kg bielkovín; ďalej zníženie celoživotnej úžitkovosti o 177 kg mlieka, 6,0 kg tuku a 5,5 kg bielkovín. Inbríding mal malý vplyv na znaky telesnej stavby.

Maignel a i. (1996) sledovali prírastok inbrídingu v populáciách francúzskych mliekových plemien. Zistili, že ΔF sa pohyboval na úrovni 0,40 až 1,83 %, v závislosti na plemene, okrem plemien Pie Rouge (0,02 %) a Simmental (0,24 %), pri ktorých boli nedostatočné rodokmeňové informácie. Prírastok inbrídingu bol najvyšší pri plemene Tarantaise (1,83 %), nakoľko sa jednalo o najmenšiu populáciu. Pri plemenách Holstein, Normande a Browns Swiss bol blízko 1 %. Nižšie hodnoty sa objavili pri plemenách Abondance (0,47 %) a Montbéliarde (0,40 %), čo môže byť spôsobené nedávnym prílevom krvi červenostrakatého holštajnskeho plemena.

Baumung a Sölkner (2002) stanovovali koeficient inbrídingu v rakúskej populácii pinzgauského a tux-zillertalskeho dobytká. Zistili, že pri pinzgauskom plemene sa pohyboval na úrovni 2 % a pri plemene Tux-Zillertal takmer 3 %. Prírastok inbrídingu pri pinzgauskom plemene bol 0,66 % a pri plemene Tux-Zillertal 1,16 %.

Miglior a Burnside (1995) uvádzajú, že v dôsledku využívania nízkeho počtu býkov v populácii kanadského holštajnského dobytku, došlo za ostatné roky k preukaznému nárastu inbrídingu u býkov a pomalému nárastu inbrídingu u kráv z otcovskej strany. Inbríding u býkov využívaných v umelej inseminácii sa priblížil k 3 % a jeho ročný prírastok bol 0,21 %.

Kaerney a i. (2004) sledovali vývoj inbrídingu v populácii holštajnského dobytku vo Veľkej Británii za roky 1940 – 2002. Zistili, že medzi rokmi 1940 až 1967 nebol zaznamenaný žiadny prírastok inbrídingu. Veľmi malý prírastok inbrídingu (0,03 % za rok) bol zaznamenaný medzi rokmi 1968 až 1991, ale od roku 1992 sa zvýšila hodnota ročného prírastku inbrídingu na 0,17 %. V roku 2002 bola priemerná hodnota koeficientu inbrídingu 2,64 % pri kravách a 3,06 % pri býkoch. V súčasnosti je 98 % býkov a 96 % kráv v populácii príbuzných v určitom stupni, pre porovnanie, v roku 1990 bolo toto číslo približne 50 %.

Perkins (2005) uvádza, že koeficienty inbrídingu holštajnskej populácie v USA v súčasnosti dosahujú veľmi vysokú hodnotu 6 % a ich ročný prírastok je okolo 0,2 %.

Kadlečík a i. (2007) uvádzajú že v hodnotenej pinzgauskej populácii 5 896 jedincov bolo zistených 3,6 % inbrídných zvierat. Priemerná hodnota ich koeficientu intenzity inbrídingu (F_x) bola 3,077 %. Z výsledkov ďalej vyplýva, že z celkového počtu 211 inbrídných jedincov bolo 207 kráv a 4 býky, pričom 1 plemenník a 118 plemenníc sa nachádzalo v hodnotenej generácii. V hodnotenej generácii bolo viac inbrídných jedincov ako v generáciách ich predkov, ale priemerná hodnota inbrídingu v nej bola nižšia (2,48 %) ako v 3. generácii predkov (13,28 %).

1.7 Efektívna veľkosť populácie

Efektívna veľkosť populácie (N_e) predstavuje počet jedincov ideálnej populácie, ktorý sa mení v závislosti na prírastku inbrídingu, alebo náraste zmien génových frekvencií v populácii (Wright, 1969; Gutierrez a i., 2009b; Cervantes a i., 2008).

Lacy (1995) uvádza, že z genetického hľadiska má efektívna veľkosť populácie množstvo príbuzných významov, ale najčastejšie využívanou formou používanou v šľachtiteľských programoch je variancia efektívnej veľkosti populácie. Variancia efektívnej veľkosti populácie je definovaná ako veľkosť ideálnej populácie s náhodným

spojením gamét v každej generácii, ktorá bude mať rovnakú medzigeneračnú variáciu frekvencie alel.

Gutiérrez a i. (2008) uvádzajú, že efektívna veľkosť populácie je kľúčovým ukazovateľom pri konzervácii genetických zdrojov, pretože má priamy vzťah k úrovni inbrídingu, znakom fitness a stupňu straty genetickej variability kvôli náhodnému genetickému driftu.

Simon a Buchenauer (1993) uvádzajú vzťah pre výpočet efektívnej veľkosti populácie (N_e):

$$N_e = \frac{4 * M * F}{(M + F)}$$

kde F je počet aktívne pôsobiacich čistokrvných samíc zapísaných v plemennej knihe a M je počet aktívne pôsobiacich čistokrvných samcov používaných v čistokrvnej plemenitbe (počet aktívnych samcov v prirodzenej plemenitbe a počet aktívnych samcov v umelej inseminácii).

Východiskom pre udržiavanie populácií hospodárskych zvierat je pravidelné monitorovanie ich početných stavov. Na tento cieľ sa odporúča využívať údaje o čistokrvných zvieratách aktívne pôsobiacich v plemenitbe a spĺňajúcich kritériá zápisu do plemenných kníh (Oravcová a i, 2006).

Caballero a Toro (2000) a Gutiérrez a i. (2008) uvádzajú rovnicu pre výpočet efektívnej veľkosti populácie na základe prírastku inbrídingu (ΔF):

$$N_e = \frac{1}{2 \Delta F}$$

Nomura a i. (2001) sledovali inbríding a efektívnu veľkosť populácie v populácii japonského čierneho dobytká. Zistili, že intenzívnym využívaním malého počtu býkov pri súčasnom znížení počtu žijúcich čistokrvných býkov, sa zvýšil počet potomkov na každého plemenníka. Kvôli tomuto zisteniu vykonali redukciu efektívnej veľkosti populácie podľa rovnice:

$$N_e = \frac{4 N}{V_k + 2}$$

kde N je počet plemenných zvierat a V_k je veľkosť rodiny.

Caballero a Toro (2000) uvádzajú, že podľa definície genetickej diverzity je evidentné, že najvhodnejšou metódou pre výber rodičovských párov, je minimalizácia priemernej príbuznosti v každej generácii a maximalizácia počtu ekvivalentov

genómov. Rovnaký efekt sa dosiahne pri minimalizácii variancie príspevkov všetkých predchádzajúcich generácií, t. j. pri zväčšovaní efektívnej veľkosti populácie. Ak však porovnáme zväčšovanie efektívnej veľkosti populácie s ďalšími metódami, prideme k záveru, že zväčšovanie N_e nemusí byť najefektívnejšou stratégiou pre uchovávanie genetickej diverzity v populáciách so známymi rodokmeňmi. Stratégie, ktoré využívajú všetky informácie obsiahnuté v rodokmeňoch, môžu lepšie uchovať genetickú variabilitu, ako tie, ktoré sú založené na zväčšovaní N_e .

Cervantes a i. (2008) a Gutiérrez a i. (2008) uvádzajú, že na základe parametru $\overline{\Delta F}$, ktorý predstavuje priemer hodnôt ΔF_i jedincov zahrnutých v referenčnej subpopulácii, môžeme vypočítať realizovanú efektívnu veľkosť populácie ($\overline{N_e}$) na základe rovnice :

$$\overline{N_e} = \frac{1}{2 \overline{\Delta F}}$$

pričom realizovaná efektívna veľkosť populácie predstavuje globálnu efektívnu veľkosť populácie, ktorá viedla k súčasnej úrovni inbrídingu v referenčnej populácii zo základných predkov.

Oravcová a i. (2006) zistili, že v roku 2005 bolo v populácii čistokrvných pinzgauských zvierat 1 176 samíc a 42 samcov. Efektívna veľkosť populácie bola 162 jedincov.

Baumung a Sölkner (2002) v referenčnej populácii 9 706 ks pinzgauského dobytku v Rakúsku vypočítali efektívnu veľkosť populácie 76 jedincov.

2 Cieľ práce

Cieľom práce bolo zhodnotiť genetickú diverzitu v populácii slovenského pinzgauského plemena metódami rodokmeňovej analýzy. V prvej časti sme analyzovali kompletnosť rodokmeňových informácií podľa príslušných ukazovateľov (počet úplných generácií predkov, maximálny počet nájdených generácií predkov, ekvivalentný počet generácií predkov).

V ďalšej časti sme hodnotili genetickú diverzitu populácie pomocou ukazovateľov odvodených od spoločného predka (koeficient intenzity inbrídingu, koeficient priemernej príbuznosti, individuálne prírastky inbrídingu a realizovaná efektívna veľkosť populácie), ako aj ukazovateľov odvodených od pravdepodobnosti pôvodu génov (počet základných predkov, efektívny počet základných predkov, efektívny počet predkov, počet predkov vysvetľujúcich 50 % genetickej diverzity).

Pozornosť sme venovali aj výpočtu generačného intervalu prostredníctvom jednotlivých gametických ciest prenosu génov.

3 Materiál a metodika práce

Rodokmeňová analýza sa robila v populácii 2 399 žijúcich zvierat pinzgauského plemena, ktoré boli v kontrole úžitkovosti v roku 2009. Išlo o 2 373 kráv a 26 býkov (rodokmeňový súbor). Súbor kráv tvorili zvieratá čistokrvné (P0), ako aj krížanky s inými plemenami (P1, P2). Plemenné býky boli s výnimkou býka NOB 004 čistokrvné. Uvedený býk patril do skupiny P1. Našou snahou bolo vytvoriť databázový súbor s maximálnym počtom rodokmeňových informácií, aby sa dosiahla dobrá kompletnosť rodokmeňov. Celý resp. rodokmeňový súbor tvorili jedince referenčnej populácie ako aj ich predkovia a základní predkovia. Rodokmeňové informácie boli získané z databázy Plemenárskych služieb SR, š. p. Bratislava, Účelové plemenárske zariadenie Žilina.

Základnú databázu jedincov referenčnej populácie tvorili nasledovné informácie: číslo jedinca, číslo otca a matky jedinca, dátum narodenia jedinca a rodičov, pohlavie. Na tvorbu, úpravu a spracovanie databázy sa použil program SAS ver. 9.2. Jedince boli v databáze zoradené od najstaršieho po najmladšieho. Na výpočet hodnotiacich ukazovateľov bol použitý program Endog v.4.8 pre monitorovanie genetickej variability v populáciách s využitím rodokmeňových informácií (Gutiérrez a Goyache, 2005).

Pred začatím výpočtov charakteristík genetickej diverzity bola hodnotená kvalita rodokmeňových informácií podľa počtu generácií a správne vyplnených identifikačných čísiel jedincov na jednotlivých miestach rodokmeňa. Rodokmene sa hodnotili podľa:

- počtu úplných generácií predkov, ktorý predstavuje počet generácií oddeľujúcich potomka od najvzdialenejšej generácie predkov, v ktorej sú obidvaja predkovia známi (Maignel a i., 1996).
- maximálneho počtu nájdených generácií predkov, ktorý predstavuje počet generácií predkov oddeľujúcich potomka od najvzdialenejšieho známeho predka (Maignel a i., 1996).
- ekvivalentného počtu generácií predkov, ktorý predstavuje sumu podielu známych predkoch vo všetkých nájdených generáciách (Maignel a i., 1996).

Genetická diverzita sa hodnotila podľa dvoch skupín ukazovateľov.

1.) Ukazovatele odvodené od spoločného predka:

- koeficient intenzity príbuzenskej plemenitby (F_i), ktorý je definovaný ako pravdepodobnosť, že dvaja jedinci majú rovnaké alely od rovnakého predka (Gutiérrez a i., 2009a).
- individuálne prírastky inbrídingu pre každého jedinca (ΔF_i) predstavujú rozdiel medzi koeficientom inbrídingu jedinca i a jeho rodičov (Kaerney a i., 2004).
- realizovaná efektívna veľkosť populácie ($\overline{N_e}$) predstavuje globálnu efektívnu veľkosť populácie, ktorá viedla k súčasnej úrovni inbrídingu v referenčnej populácii zo základných predkov (Cervantes a i., 2008; Gutiérrez a i., 2008)
- koeficient priemernej príbuznosti pre každého jedinca (AR) predstavuje pravdepodobnosť, že alela náhodne vybratá z celej populácie patrí danému zvierat'u (Gutiérrez a i., 2009a).

2.) Ukazovatele odvodené od pravdepodobnosti pôvodu génu:

- počet základných predkov (f) - základný predok je zviera s neznámymi genetickými väzbami na akékoľvek iné zviera v rodokmeni okrem jeho vlastných potomkov (Lacy, 1989).
- efektívny počet základných predkov (f_e) predstavuje počet rovnako prispievajúcich predkov, od ktorých sa bude môcť očakávať vytvorenie rovnakej genetickej diverzity, aká sa nachádza v sledovanej populácii (Boichard a i., 1997)
- efektívny počet predkov (f_a) predstavuje minimálny počet predkov (nie nevyhnutne základných predkov), potrebných na vysvetlenie genetickej diverzity súčasnej populácie (Boichard a i., 1997).
- počet predkov vysvetľujúcich 50% genetickej diverzity.

Z dátumov narodenia rodičov a ich potomkov boli vypočítané generačné intervaly pre všetky 4 gametické cesty prenosu informácií: z otca na syna (OS), otca na dcéru (OD), z matky na syna (MD) a matky na dcéru (MD). Generačný interval bol vypočítaný ako demografický ukazovateľ populácie vyjadrujúci priemerný vek rodičov pri narodení potomstva, ktoré bude využité na ďalšiu plemenitbu (Gutiérrez, 2009a).

4 Výsledky práce a diskusia

4.1 Charakteristika hodnotených súborov

V rodokmeňovom súbore sme hodnotili 8 311 jedincov, z čoho bolo 7 713 kráv a 598 býkov. Referenčná populácia, ktorú tvorili žijúce zvieratá, pozostávala z 2 399 zvierat, z ktorých bolo 2 373 kráv a 26 býkov (tabuľka 2).

Tabuľka 2 **Základná charakteristika hodnotených súborov**

Súbor	n	kravy	býky
Referenčná populácia	2399	2373	26
Rodokmeňový súbor	8311	7713	598

4.2 Kompletnosť rodokmeňov hodnotených súborov

Pri hodnotení základných ukazovateľov kompletnosti rodokmeňov v rodokmeňovom súbore sme zistili, že priemerná hodnota maximálneho počtu nájdených generácií predkov bola 2,77. Vzhľadom na dlhú tradíciu výkonu kontroly úžitkovosti a vedenia plemenárskej dokumentácie je toto číslo pomerne nízke, čo naznačuje, že pri vedení príslušnej dokumentácie vzniká mnoho chýb. Pri niektorých jedincoch sme sa dostali až do 8. generácie predkov, ale ich počet bol nízky. Pri hodnotení úplných generácií predkov sme zistili hodnotu 1,12, čo naznačuje značnú nekompletnosť rodokmeňov. Maximálny počet úplných generácií predkov bol 4. Priemerný ekvivalentný počet generácií predkov bol na úrovni 1,73 (tabuľka 3).

V referenčnej populácii žijúcich jedincov sme zaznamenali priemernú hodnotu maximálneho počtu nájdených generácií 5,00, čo je o 2,23 generácie viac ako v rodokmeňovom súbore. Z výsledkov vyplýva, že kompletnosť rodokmeňov žijúcich zvierat sa za uplynulé obdobie zvýšila. Počet úplných generácií predkov referenčnej populácie bol 2,05. Táto hodnota je o 0,93 generácie vyššia ako v rodokmeňovom

súbore. Podobná tendencia bola zaznamenaná aj pri hodnotení ekvivalentného počtu generácií predkov, kde sme v referenčnej populácii zaznamenali priemernú hodnotu 3,16, čo je o 1,43 generácie viac ako v rodokmeňovom súbore (tabuľka 3).

Analýzou rodokmeňov pinzgauského dobytká v Rakúsku sa zaoberali Baumung a Sölkner (2002). Pri hodnotení rodokmeňov zistili vyššie hodnoty, napr. ekvivalentný počet generácií 5,33 a maximálny počet nájdených generácií 13. Uvedené výsledky dokumentujú lepšiu úroveň plemenárskej práce v Rakúsku.

Podobné výsledky zistili aj Maignel a i. (1996) v populáciách francúzskych dojených plemien. Najvyšší počet nájdených generácií zaznamenali pri plemene brown swiss (18). Najvyšší ekvivalentný počet generácií zistili pri normandskom plemene (5,02). Uvedené hodnoty vysoko preyšujú nami hodnotenú populáciu.

Tabuľka 3 Ukazovatele kompletnosti rodokmeňových informácií

Ukazovateľ		Referenčný súbor	Rodokmeňový súbor
Maximálny počet nájdených generácií predkov	\bar{x}	5,00	2,77
	s	0,95	2,08
	x_{\min}	0	0
	x_{\max}	8	8
Počet úplných generácií predkov	\bar{x}	2,05	1,12
	s	0,66	0,93
	x_{\min}	0	0
	x_{\max}	4	4
Ekvivalentný počet generácií predkov	\bar{x}	3,16	1,73
	s	0,54	1,29
	x_{\min}	0	0
	x_{\max}	4,59	4,59

Pri vyhodnocovaní kompletnosti rodokmeňov sme sledovali aj percento známych predkov podľa jednotlivých generácií. V referenčnej populácii bola vyššia kompletnosť rodokmeňov ako v celom rodokmeňovom súbore, čo možno prisúdiť

lepšej úrovni evidencie rodokmeňov v ostatnom období. V oboch súboroch sme najvyššie percento známych predkov zaznamenali v 1. generácii predkov, najnižšie v 5. resp. 8. generácii. Potešiteľné je, že v populácii žijúcich zvierat sme v 1. a 2. generácii predkov zistili kompletnosť rodokmeňov vysoko nad 90 %, s výnimkou generácie otcov otcov (OO), (tabuľka 7).

Hodnotená referenčná populácia mala percento známych otcov 99,71 a známych matiek 99,79 (tabuľka 7). Kadlečík a i. (2006) pri hodnotení 1 621 čistokrvných zvierat slovenského pinzgauského plemena zistili v 1. generácii kompletnosť rodokmeňov na úrovni 100 %.

V referenčnom súbore sme zistili priemernú hodnotu kompletnosti rodokmeňov na úrovni 39,47 %. V rodokmeňovom súbore bola táto hodnota nižšia na úrovni 21,64 % (tabuľka 4).

Tabuľka 4 **Variačno-štatistická charakteristika indexu kompletnosti rodokmeňov**

Ukazovateľ		Referenčný súbor	Rodokmeňový súbor
Index kompletnosti rodokmeňov v %	\bar{x}	39,47	21,64
	s	0,44	0,28
	x_{\min}	0,00065	0,00019
	x_{\max}	99,75	72,00

Baumung a Sölkner (2002) zistili vyššiu kompletnosť rodokmeňov v populácii pinzgauského plemena v Rakúsku. Do 2. generácie je kompletnosť rodokmeňov rakúskej populácie podobná našim výsledkom. Avšak už od 3. generácie je vidieť vyššiu kompletnosť rodokmeňov rakúskych zvierat. V 6. generácii dosahujú rakúske zvieratá kompletnosť na úrovni 47,06 % a v 8. generácii 6,54 %, čo sú výrazne vyššie hodnoty ako nami zistené výsledky.

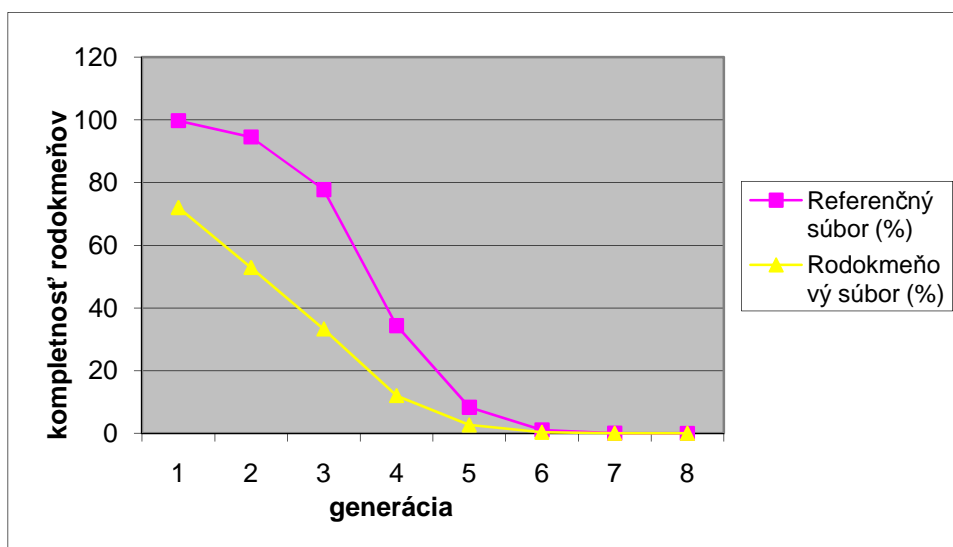
Výsledky kompletnosti rodokmeňov podľa generácii nami hodnoteného referenčného súboru sú podobné hodnotám, ktoré uvádza Kadlečík a i. (2006). Nižšie hodnoty kompletnosti rodokmeňov zaznamenali Ron Garrido a i. (2007) pri hodnotení populácií mäsových plemien Brangus a Aberdeen Angus v Argentíne.

Prehľad kompletnosti rodokmeňov podľa generácii je uvedený v tabuľke 5.

Tabuľka 5 Kompletnosť rodokmeňov podľa generácií

Generácia	Referenčný súbor (%)	Rodokmeňový súbor (%)
1	99,75	72,00
2	94,53	52,84
3	77,72	33,28
4	34,34	12,01
5	8,31	2,66
6	1,09	0,33
7	0,04	0,01
8	0,0007	0,0002

Graf 4 Kompletnosť rodokmeňov v závislosti od generácie predkov



Z grafu 4 jasne vyplýva, že s narastajúcim počtom generácií predkov sa znižuje percento známych predkov. Približne do 5. generácie sú hodnoty kompletnosti rodokmeňov v referenčnej populácii podstatne vyššie ako v rodokmeňovom súbore. V 6. až 8. generácii sú však tieto rozdiely podstatne menšie, vzhľadom na malý počet jedincov so známymi predkami v týchto generáciách. Podobné závery potvrdili aj Maignel a i. (1996) v populáciách dojených plemien vo Francúzsku a Cervantes a i. (2009) v populácii troch plemien koní odvođených od arabského koňa.

Tabuľka 6 Kompletnosť rodokmeňov jedincov v rodokmeňovom súbore

n = 8311	70,9903 %	49,2239 %	20,3345 %	4,3436 %	1,2754 %
					3,4773 %
				15,4855 %	0,6618 %
			41,6797 %		5,3544 %
				7,1592 %	0,8543 %
				28,6969 %	4,0699 %
		66,3338 %	31,5486 %		0,0842 %
					0,0842 %
				5,3062 %	0,0361 %
			51,8470 %	19,4441 %	1,9974 %
					0,5294 %
					14,4748 %
	73,0117 %	47,2266 %	28,9225 %	5,3062 %	1,8409 %
					2,5869 %
				29,2384 %	0,0012 %
			43,1476 %		0,0012 %
				7,8932 %	0,6497 %
				21,1647 %	3,9345 %
		48,5742 %	24,3051 %		0,6257 %
					4,8731 %
				13,2716 %	1,9853 %
			24,4495 %	29,2865 %	6,5335 %
					0,8784 %
					0,7099 %
		12,6339 %	2,7073 %		
		6,4974 %			
		20,0578 %	2,5388 %		
		9,0483 %			
		4,3918 %	2,4064 %		
		3,5014 %			
		20,1179 %	0,0385 %		
			0,3971 %		

Tabuľka 7 Kompletnosť rodokmeňov jedincov referenčnej populácie

n = 2399	99,7082 %	86,1192 %	48,8954 %	13,4639 %	3,4181 %	
					11,0064 %	
				44,3101 %	1,5840 %	
			84,9521 %		16,3818 %	
				23,1763 %	2,9179 %	
				72,2801 %	13,6724 %	
		99,7082 %	74,4477 %		0,2918 %	0,2918 %
				13,2138 %	0,1251 %	
				50,6878 %	6,2526 %	
			98,4160 %		1,5006 %	39,3914 %
				16,4235 %	5,8774 %	
				69,3622 %	7,7949 %	
				0,0417 %	0,0417 %	
	99,7916 %	94,7895 %	66,3193 %	20,6336 %	2,2093 %	
					13,1722 %	
				56,7320 %	2,1676 %	
			94,7478 %		15,6732 %	
				39,4331 %	6,2526 %	
				74,5311 %	20,717 %	
		97,4990 %	76,6153 %		2,7095 %	2,2926 %
				39,3914 %	8,6703 %	
				63,2764 %	21,0088 %	
			77,3656 %		8,4619 %	29,8458 %
				14,2559 %	7,8366 %	
64,0267 %				11,4631 %		
			1,3339 %	1,3756 %		

4.3 Ukazovatele diverzity odvodené od spoločného predka

V hodnotených súboroch sme zisťovali koeficient intenzity príbuzenskej plemenitby (F_i), koeficient priemernej príbuznosti (AR), individuálny prírastok inbrídingu (ΔF_i). Realizovanú efektívnu veľkosť populácie ($\overline{N_e}$) sme počítali za aktívne zvieratá v referenčnej populácii. V referenčnej populácii sme zistili 3 inbrédne býky a 270 inbrédnych kráv. V celom rodokmeňovom súbore boli 3 inbrédne plemenníky a 321 inbrédnych plemenníc.

Priemerná hodnota koeficientu intenzity inbrídingu v referenčnej populácii bola 0,57 % (5,02 % inbrédne zvieratá). V celom rodokmeňovom súbore bola priemerná hodnota F_i 0,22 % (5,70 % inbrédne zvieratá). Najvyššia zaznamenaná hodnota koeficientu intenzity príbuzenskej plemenitby bola 25 %. V referenčnej populácii dosiahol koeficient príbuznosti hodnotu 1,17 % (1,38 % inbrédne zvieratá) a v rodokmeňovom súbore bola jeho hodnota 0,61 % (1,36 % inbrédne zvieratá). Priemerný individuálny prírastok inbrídingu v žijúcej populácii bol 0,25 % (2,21 % inbrédne zvieratá) a v rodokmeňovom súbore bola jeho hodnota 0,11 % (2,81 % inbrédne zvieratá). V referenčnej populácii sme vypočítali realizovanú efektívnu veľkosť populácie 194,64 jedincov (tabuľka 8).

Podľa výsledkov, ktoré uvádzajú Oravcová a i. (2006), môžeme populáciu pinzgauského dobytku na Slovensku označiť za ohrozenú, nakoľko nami vypočítaná realizovaná efektívna veľkosť populácie je nižšia ako 200. Nižšiu hodnotu efektívnej veľkosti populácie, ako v nami hodnotenom súbore, zistili v Rakúsku Baumung a Sölkner (2002). V tamojšej pinzgauskej populácii vypočítali N_e 76.

Sledovaním ukazovateľov odvodených od spoločného predka sa zaoberalo viacero autorov. Baumung a Sölkner (2002) v populácii pinzgauského plemena v Rakúsku zistili priemerný F_i 2,1 % a ΔF_i 0,66 %, čo sú vyššie hodnoty ako v nami sledovanej populácii. Vysoké hodnoty prírastku inbrídingu za generáciu zistili Maignel a i. (1996) vo Francúzsku. Najvyššia hodnota bola zaznamenaná pri plemene Tarentaise (1,83 %) ďalej nasledovalo holštajnske plemeno (1,09 %), normandské plemeno (1,07 %) a Brown Swiss (0,90 %).

Tabuľka 8 Ukazovatele diverzity odvodené od spoločného predka

Ukazovateľ		Referenčná populácia		Rodokmeňový súbor	
		Celá populácia	Inbrédne zvieratá	Celá populácia	Inbrédne zvieratá
Koeficient intenzity príbuzenskej plemenitby (F_i v %)	\bar{x}	0,57	5,02	0,22	5,70
	s	0,27	6,54	1,78	7,09
	x_{\min}	0	0,20	0	0,20
	x_{\max}	25	25	25	25
Koeficient príbuznosti (AR v %)	\bar{x}	1,17	1,38	0,61	1,36
	s	0,51	0,45	0,63	0,48
	x_{\min}	0,01	0,34	0,01	0,07
	x_{\max}	2,5	2,5	3,13	2,50
Individuálny prírastok inbrídingu (ΔF_i v %)	\bar{x}	0,25	2,21	0,11	2,81
	s	1,35	3,42	1,03	4,45
	x_{\min}	0	0,06	0	0,06
	x_{\max}	-	23,72	-	29,82
Realizovaná N_e ($\overline{N_e}$)	\bar{x}	194,64	-	-	-
	s	73,97	-	-	-

Z uvedených výsledkov vyplýva, že priemerná hodnota koeficientu príbuznosti v oboch súboroch je vyššia ako priemerná hodnota koeficientu intenzity inbrídingu. Z tohto dôvodu možno v budúcnosti očakávať nárast intenzity inbrídingu, pretože bude dochádzať k páreniu príbuznejších jedincov. Preto bude nevyhnutné venovať zvýšenú pozornosť zostavovaniu príparovacích plánov. Vhodnou alternatívou môže byť tzv. kompenzačné párenie, ktoré definoval Nomura (1999). Kompenzačné párenie predstavuje systém, kedy sú jedince z rodín, v ktorých je selektovaná väčšina jedincov, párené s jedincami z rodín, z ktorých je selektovaných najmenej jedincov. Autor zaviedol aj pojem príparovacie skóre, ktoré je definované ako počet selektovaných úplných súrodencov jedinca (vrátane jedinca samotného). Kompenzačné párenie je teda formulované ako negatívne selektívne párenie založené na príparovacom skóre.

Z toho vyplýva, že samce sú zoradené zostupne podľa pripárovacieho skóre a samice vzostupne, potom sú jedince s rovnakou pozíciou v rade párené medzi sebou.

Trend zvyšujúcej sa hodnoty koeficientu inbrídingu potvrdzujú Miglior a Burnside (1995) v populácii holštajnskeho plemena v Kanade, Kaerney a i. (2004) v populácii holštajnskeho plemena vo Veľkej Británii, či Perkins (2005) v populácii holštajnskeho plemena v USA.

Kadlečík a i. (2007) zistili priemernú hodnotu F_i v populácii čistokrvného slovenského pinzgauského plemena 3,077 %.

Pri hodnotení zastúpenia jedincov do skupín podľa intenzity inbrídingu vyplýva, že najväčší podiel v oboch hodnotených súboroch mali zvieratá s hodnotou $F_i = 0$ (88,62 resp. 96,10 %). V referenčnom súbore tvorili inbrédne zvieratá spolu 11,38 %, pričom najviac inbrédnych zvierat dosahovalo hodnoty F_i v intervale 0 – 6,25 %. Z hľadiska rizika nárastu inbrídingu v budúcich generáciách je nevyhnutné zvýšiť pozornosť pri pripárovaní zvierat s hodnotou F_i vyššou ako 6,25 %. V rodokmeňovom súbore tvorili inbrédne zvieratá 3,9 % (tabuľka 9).

Tabuľka 9 Zastúpenie jedincov v skupinách podľa intenzity inbrídingu

Triedy inbrídingu		Referenčná populácia	Rodokmeňový súbor
$F_i = 0$	n	2126	7987
	%	88,62	96,10
$F_i = 0 - 6,25 \%$	n	190	213
	%	7,92	2,56
$F_i = 6,25 - 12,5 \%$	n	32	40
	%	1,33	0,48
$F_i \geq 12,5 \%$	n	51	72
	%	2,13	0,86

Pri hodnotení jedincov podľa intenzity inbrídingu v závislosti od pohlavia sme zistili, že 3 plemenné býky boli inbrédne, ale hodnota ich koeficientu intenzity inbrídingu nepresiahla 6,25 %. Uvedené býky sa vyskytovali v referenčnej populácii, tzn. že boli aktívne využívané v inseminácii. Vzhľadom na nízky počet využívaných

býkov sme zaznamenali relatívne vysoké percento inbrédnych jedincov 11,54 v referenčnej populácii. V rodokmeňovom súbore tvorili inbrédne býky len 0,50 %. Inbrédne kravy tvorili v referenčnej populácii 11,38 % a v rodokmeňovom súbore 4,16 % (tabuľka 10).

Tabuľka 10 **Zastúpenie jedincov v skupinách podľa intenzity inbrídingu podľa pohlavia**

Triedy inbrídingu		Referenčná populácia		Rodokmeňový súbor	
		♂	♀	♂	♀
$F_i = 0$	n	23	2103	595	7392
	%	88,46	88,62	99,50	95,84
$F_i = 0 - 6,25 \%$	n	3	187	3	210
	%	11,54	7,88	0,50	2,72
$F_i = 6,25 - 12,5\%$	n	0	32	0	40
	%	-	1,35	-	0,52
$F_i \geq 12,5 \%$	n	0	51	0	71
	%	-	2,15	-	0,92

4.4 Ukazovatele diverzity odvodené od pravdepodobnosti pôvodu génu

V referenčnej populácii aj rodokmeňovom súbore sme sledovali počet základných predkov (f), efektívny počet základných predkov (f_e), efektívny počet predkov (f_a) a počet predkov vysvetľujúcich 50 % genetickej diverzity.

V rodokmeňovom súbore sme zistili, že počet základných predkov bol 2 501 (počet jedincov s oboma neznámymi rodičmi bol 271). Efektívny počet základných predkov bol 2 284 a efektívny počet predkov 257. Na vysvetlenie 50 % genetickej diverzity rodokmeňového súboru stačilo 51 zvierat (tabuľka 11).

V referenčnej populácii žijúcich zvierat sme zaznamenali 2 496 základných predkov, pričom 3 zvieratá nemali známych obidvoch rodičov. Efektívny počet základných predkov v sledovanej populácii dosiahol hodnotu 2 276 a efektívny počet

predkov 141. Polovicu genetickej diverzity žijúcich zvierat vysvetľovalo 21 jedincov (tabuľka 11).

Sledovaním ukazovateľov genetickej diverzity odvodených od pravdepodobnosti pôvodu génov sa venovalo viacero zahraničných autorov. Ron Garrido a i. (2007) zistili v argentínskej populácii mäsového plemena dobytky Brangus 23 096 základných predkov, pričom hodnota f_e bola 765,7 a f_a 387,5. Polovicu diverzity vysvetľovalo 273 zvierat.

Tabuľka 11 Ukazovatele diverzity odvodené od pravdepodobnosti pôvodu génu

Ukazovateľ	Referenčná populácia	Rodokmeňový súbor
Počet jedincov (n)	2399	8311
Počet jedincov s 1 alebo 2 neznámymi rodičmi	9	2598
Počet jedincov s 1 neznámym rodičom	6	2327
Počet jedincov s oboma neznámymi rodičmi	3	271
Počet základných predkov (f)	2496	2501
Efektívny počet základných predkov (f_e)	2276	2284
Efektívny počet predkov (f_a)	141	257
Počet predkov vysvetľujúcich 50 % gen. diverzity	21	51

Carolino a Gama (2007) zistili v portugalskej populácii ohrozeného plemena HD Alenejana efektívny počet základných predkov (f_e) 121,6 a efektívny počet predkov (f_a) 55,0. V rakúskej populácii pinzgauského plemena Baumung a Sölkner (2002) zistili 6 495 základných predkov, efektívny počet základných predkov 65,4 a efektívny počet predkov 32,1. Sledovaniu ukazovateľov odvodených od pravdepodobnosti pôvodu génov v populáciách francúzskych plemien hovädzieho dobytky sa venovali Maignel a i. (1996).

4.5 Trend vývoja inbrídingu, prírastku inbrídingu a priemernej príbuznosti v populácii

Trend vývoja inbrídingu, prírastku inbrídingu a priemernej príbuznosti sme sledovali v populácii kráv tvoriacich referenčnú populáciu. Nezohľadňovali sme plemenné býky, nakoľko v referenčnej populácii sa nachádzalo iba 26 plemenníkov, z čoho boli 3 inbrédne. Uvedené zvieratá sa narodili v rozpätí rokov 1988 až 2008. Najvyšší počet kráv pochádzal z ročníka 2005 ($n=393$), najnižší počet sme zaznamenali v najstarších ročníkoch 1988 a 1989 ($n=1$). Najvyšší počet inbrédnych kráv sa narodil v roku 2005 ($n=84$). V ročníkoch 1988, 1989, 1990, 1991, 1993, 1995, 1996 sme nezaznamenali žiadne inbrédne zvieratá, avšak počet zvierat narodených v daných rokoch bol nízky (tabuľka 12).

Najvyššiu priemernú hodnotu F_i dosiahli 3 inbrédne zvieratá narodené v roku 1998 (hodnota $F_i = 17,71 \%$), najnižšiu hodnotu dosiahli inbrédne zvieratá narodené v roku 2007 ($n=139$), ktorých priemerný F_i dosiahol úroveň $3,04 \%$ (tabuľka 12).

Pri grafickom znázornení trendu inbrídingu v populácii sledujeme jeho postupný pokles. Avšak je potrebné skonštatovať, že zo starších ročníkov narodenia pochádza relatívne málo kráv, takže uvedené hodnoty nemajú vysokú vypovedaciu hodnotu. Napriek poklesu, môžeme priemernú hodnotu inbrídingu považovať za vysokú, čo do značnej miery komplikuje možnosti pri zostavovaní pripárovacích plánov (graf 5).

Podobné výsledky pri hodnotení trendu inbrídingu v čistokrvnej populácii pinzgauského dobytká na Slovensku zaznamenali Kadlečík a i. (2007).

Pri hodnotení individuálnych prírastkov inbrídingu (ΔF_i) sme zistili podobnú tendenciu, ako pri vývoji inbrídingu. Najvyššiu hodnotu $12,88 \%$ sme zaznamenali pri inbrédnych zvieratách narodených v roku 1998 ($n=3$). Najnižšia hodnota bola zaznamenaná pri 24 inbrédnych zvierat narodených v roku 2007 ($\Delta F_i=1,07 \%$), (tabuľka 12).

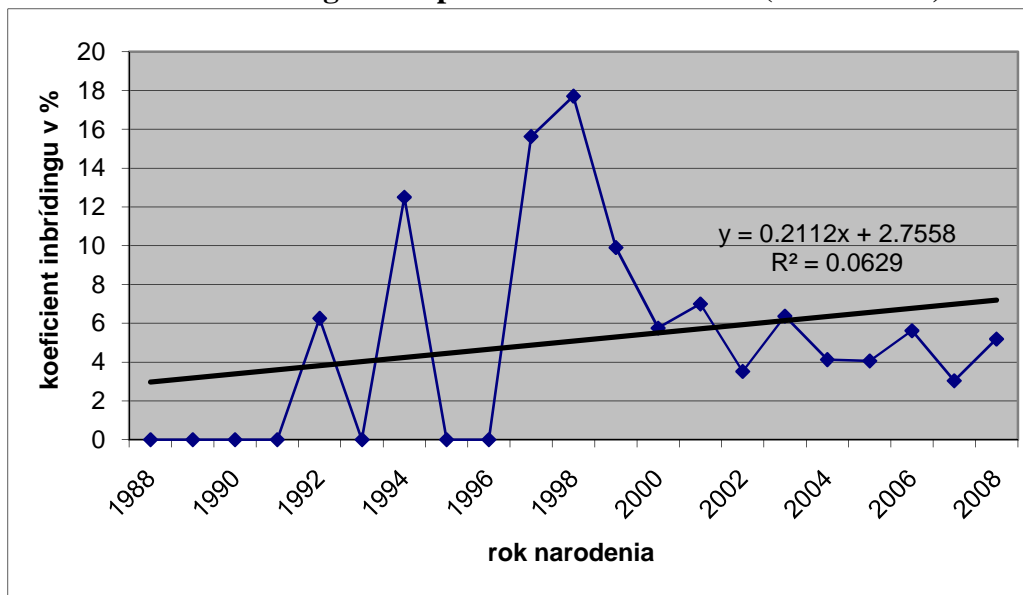
Tabuľka 12 Vývoj vybraných ukazovateľov v závislosti od roku narodenia zvierat

Rok narodenia	Počet zvierat	Počet inbrédnych zvierat	Priemerná hodnota F_i v %	Priemerná hodnota ΔF_i v %	Priemerná hodnota AR v %
1988	1	-	-	-	0,33
1989	1	-	-	-	0,14
1990	2	-	-	-	0,17
1991	2	-	-	-	0,41
1992	10	1	6,25	4,05	0,70
1993	5	-	-	-	0,52
1994	7	1	12,5	6,18	0,77
1995	20	-	-	-	0,55
1996	34	-	-	-	0,84
1997	47	2	15,63	10,64	1,01
1998	102	3	17,71	12,88	1,21
1999	105	3	9,90	4,43	1,36
2000	169	11	5,75	3,16	1,28
2001	199	12	7,00	3,40	1,23
2002	248	14	3,52	1,48	1,16
2003	296	24	6,36	2,75	1,16
2004	282	28	4,12	1,85	1,20
2005	393	84	4,07	1,70	1,17
2006	281	56	5,62	2,17	1,15
2007	139	24	3,04	1,07	1,11
2008	30	7	5,19	1,78	1,05

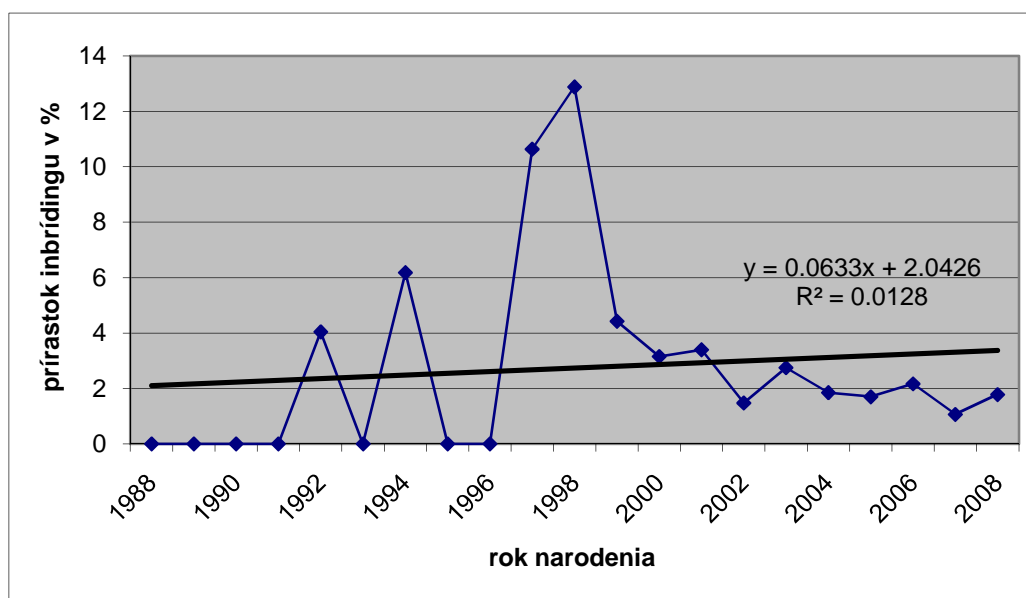
Grafické znázornenie trendu prírastku inbrídingu poukazuje na jeho pokles, čo je pre zachovanie genetickej diverzity populácie pinzgauského dobytku veľmi dôležité (graf 6).

Vývoj priemernej príbuznosti zvierat mal stúpajúci charakter u kráv narodených do roku 2000. Od uvedeného roku dochádza k postupnému poklesu príbuznosti zvierat, avšak hodnoty neklesajú pod 1 % (graf 7). Priemerné hodnoty AR podľa rokov narodenia zvierat sú uvedené v tabuľke 12.

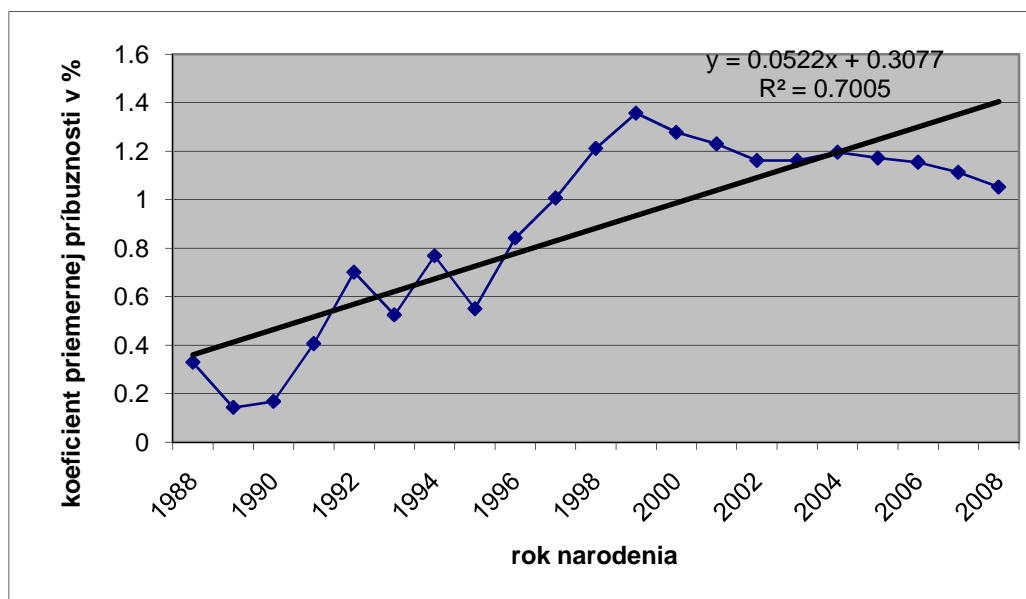
Graf 5 Trend inbrídingu kráv podľa rokov narodenia (1988 – 2008)



Graf 6 Trend prírastku inbrídingu kráv podľa rokov narodenia (1988 – 2008)



Graf 7 Trend priemernej príbuznosti kráv podľa rokov narodenia (1988 – 2008)



4.6 Generačný interval v populácii

V uvedených súboroch sme zisťovali dĺžku generačného intervalu podľa jednotlivých gamatických ciest prenosu génov. Generačný interval bol definovaný ako priemerný vek rodičov pri narodení potomkov, ktorí budú využití v plemenitbe (Gutiérrez a i., 2009b). Zistili sme, že priemerná dĺžka generačného intervalu, za všetky cesty prenosu génov v referenčnej populácii bola 7,00 roka a v rodokmeňovom súbore 7,79 roka. V referenčnej populácii sme najdlhší generačný interval 8,02 roka zaznamenali pri gametickej ceste otec – syn (OS), naopak najkratší generačný interval 6,45 roka bol zaznamenaný pri ceste matka – dcéra (MD). V rodokmeňovom súbore bol najdlhší generačný interval pri gametickej ceste otec – dcéra (OD) 9,31 roka a najkratší pri ceste matka – dcéra (MD) 5,62 roka (tabuľka 13).

Relatívne vysoký generačný interval pri pinzgauskom plemene môžeme vysvetliť vyšším vekom zvierat pri zaradení do plemenitby resp. vyšším vekom pri 1. otelení ako pri iných plemenách. Tento stav je zväčša spôsobený horšími podmienkami pri odchove pinzgauských jalovic a býkov. Výrazné rozdiely v dĺžke generačných intervalov medzi referenčnou populáciou a rodokmeňovým súborem by sme mohli prisúdiť veľkému rozdielu v počte zvierat, z ktorých boli intervaly počítané. Na druhej strane dĺžka generačného intervalu by sa nemusela významne skracať, pretože je to ukazovateľ, ktorý súvisí s chovom a reprodukčným využívaním starších

zvierat. V ohrozených chovoch, kde je obmedzená selekcia zvierat, je dlhší generačný interval súčasťou stratégie záchranu plemena.

Tabuľka 13 **Generačný interval za jednotlivé cesty prenosu génov**

Cesta prenosu génov	Referenčná populácia		Rodokmeňový súbor	
	n	generačný interval	n	generačný interval
otec – syn (OS)	9	8,02	153	7,95
otec – dcéra (OD)	160	7,58	2354	9,31
matka – syn (MS)	11	7,71	88	6,67
matka – dcéra (MD)	201	6,45	1614	5,62
Spolu všetky gametické cesty	381	7,00	4209	7,79

Kasarda a Kadlečík (2010) sledovali vplyv alternatív využívania plemenných býkov na dĺžku generačného intervalu slovenského pinzgauského dobytku. Najdlhší priemerný generačný interval v závislosti od počtu využívaných plemenníkov (2 – 20) bol zaznamenaný pri tradičnom programe využívania plemenníkov, kde podiel nepreverených býkov predstavuje 20 % a preverených býkov 80 %. Pri tejto alternatíve dosiahol generačný interval hodnoty 4,06 – 4,13 roka. Naopak najkratší generačný interval zaznamenali pri alternatíve s aplikáciou MOET systému a využívaním nepreverených býkov, kde jeho priemerná hodnota bola 3,03 – 3,13 roka.

Nami zistená priemerná hodnota generačného intervalu 7,00 roka resp. 7,79 roka by sa dala skrátiť využitím vhodnej metódy využívania býkov v šľachtiteľskom programe plemena.

Biedermann a i. (2003) sledovali dĺžku generačného intervalu plemena Hinterwälder, ktoré patrí medzi ohrozené plemená kombinovaného úžitkového typu v Nemecku. V populácii 79 býkov a 698 kráv dosiahol priemerný generačný interval

hodnotu 5,01 roka. Biedermann a i. (2004) hodnotili fylogeneticky príbuzné plemeno Vorderwälder, ktorého populáciu tvorilo 5 452 zvierat. Priemerný generačný interval v uvedenej populácii bol 4,46 roka. Uvedené výsledky 2 nemeckých ohrozených plemien naznačujú, že v pinzgauskej populácii na Slovensku máme značné rezervy v šľachtiteľskom programe.

4.7 Najdôležitejší predkovia populácie

V referenčnej populácii aj rodokmeňovom súbore sme vybrali 10 najdôležitejších predkov, ktorí najviac prispievajú ku genetickej diverzite populácie pinzgauského plemena. Predkovia boli zoradení zostupne podľa marginálnych príspevkov, resp. vzostupne podľa kumulatívnych príspevkov. V oboch prípadoch sa medzi prvými desiatimi predkami objavili výlučne býky, čo sa dá prisúdiť ich väčšiemu vplyvu na populáciu. Plemenné býky vďaka inseminácii majú niekoľkonásobne viac potomkov ako kravy, a preto výraznejšie geneticky ovplyvňujú populáciu.

Tabuľka 14 Najdôležitejší predkovia referenčnej populácie

Por. číslo	Číslo	Štátny register	Meno	Rok nar.	Marginálne príspevky	Kumulatívne príspevky	Počet potomkov
1	1925	MUL 001	NOBEL	1992	6,39	6,39	198
2	512	GOZ 001	GOMOL	1998	5,40	11,79	203
3	1834	GAL 009	GALANT	1990	5,26	17,05	120
4	517	ME 004	MASCHA	1989	4,97	22,02	126
5	521	ME 003	MUT	1987	4,12	26,14	95
6	163	MOK 001	MOLKO	1982	3,74	29,88	35
7	526	GRN 001	GENERAL	1985	2,60	32,48	8
8	4060	LOH 001	LODRON	1997	2,13	34,61	85
9	1825	LR 024	LAKTOR	1992	2,03	36,64	72
10	1915	REM 001	RONALD	1995	1,56	38,20	37

V referenčnej populácii bol najvýznamnejším predkom plemenný býk NOBEL (štátny register MUL 001), ktorého marginálne aj kumulatívne príspevky do populácie predstavovali 6,39 %. Uvedený plemenník mal 198 potomkov v referenčnej populácii. V rodokmeňovom súbore sa uvedený plemenník umiestnil na 3. mieste, pričom jeho marginálne príspevky boli 3,41 % a kumulatívne príspevky 10,58 %. V rodokmeňovom súbore mal tento býk 280 potomkov. Väčšina najvýznamnejších predkov referenčnej populácie sa objavuje aj medzi najvýznamnejšími predkami rodokmeňového súboru, aj keď v inom poradí. Prvých 10 najvýznamnejších plemenníkov opisuje 38,20 % diverzity populácie (tabuľka 14).

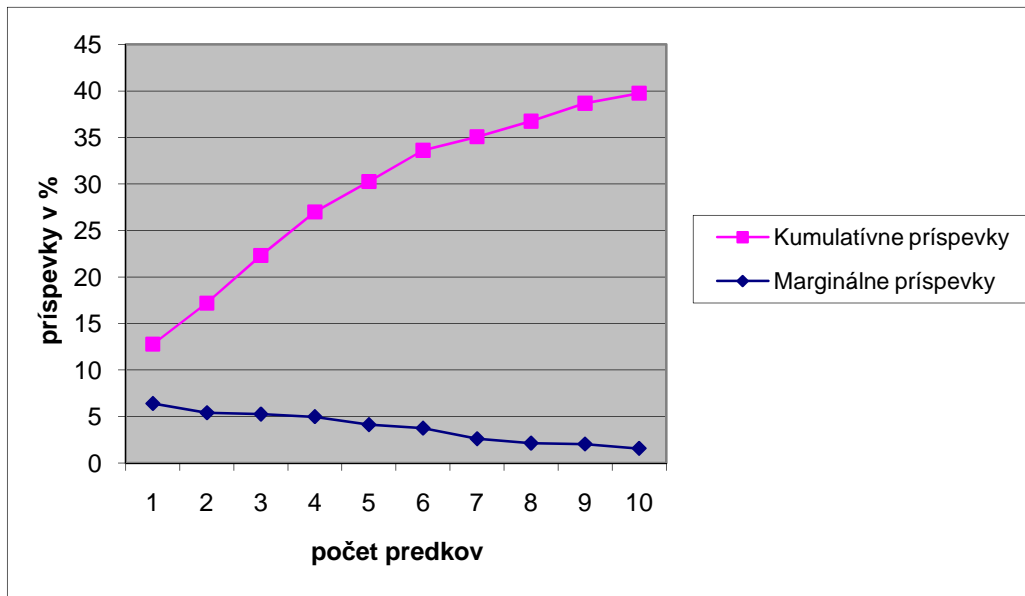
V rodokmeňovom súbore bol najvýznamnejším predkom plemenný býk MOLKO (štátny register MOK 001). Jeho marginálne aj kumulatívne príspevky dosiahli hodnotu 3,69 %. V rodokmeňovom súbore mal tento býk 216 potomkov. Uvedený býk figuruje v rebríčku najvýznamnejších predkov referenčnej populácie na 6. mieste, pričom jeho marginálne príspevky dosahujú 3,74 % a kumulatívne príspevky 29,88 %. V referenčnej populácii bolo po tomto býkovi 35 potomkov. Desať najvýznamnejších predkov referenčného súboru prispieva ku genetickej diverzite 26,74 % (tabuľka 15).

Tabuľka 15 **Najdôležitejší predkovia rodokmeňového súboru**

Por. číslo	Číslo	Štátny register	Meno	Rok nar.	Marginálne príspevky	Kumulatívne príspevky	Počet potomkov
1	163	MOK 001	MOLKO	1982	3,69	3,69	216
2	1834	GAL 009	GALANT	1990	3,48	7,17	256
3	1925	MUL 001	NOBEL	1992	3,41	10,58	280
4	517	ME 004	MASCHA	1989	3,34	13,92	259
5	521	ME 003	MUT	1987	3,20	17,12	241
6	512	GOZ 001	GOMOL	1998	2,55	19,67	227
7	526	GRN 001	GENERAL	1985	2,37	22,04	122
8	158	AT 027	MATADOR	1982	1,76	23,80	124
9	37	LI 003	LUXUS	1976	1,52	25,32	55
10	533	FER 002	FLORI	1984	1,42	26,74	107

Pri grafickom znázornení vývoja marginálnych a kumulatívnych príspevkov predkov v populácii jednoznačne vyplýva, že so stúpajúcim počtom predkov majú marginálne príspevky klesajúcu tendenciu, pričom kumulatívne príspevky majú stúpajúcu tendenciu (graf 8).

Graf 8 Vývoj marginálnych a kumulatívnych príspevkov podľa počtu predkov



5 Záver

V súlade s cieľom práce sme hodnotili genetickú diverzitu slovenského pinzgauského plemena na základe rodokmeňových informácií zvierat. Dosiiahnuté výsledky možno charakterizovať nasledovne:

1. Populáciu pinzgauského plemena na Slovensku môžeme označiť za ohrozenú, pričom za základe súčasného stavu plemena vzniká značné riziko straty jej genetickej diverzity aj v budúcnosti. Z uvedeného dôvodu treba vykonať opatrenia, aby bolo pinzgauské plemeno uchované a zveľaďované pre ďalšie generácie.
2. V sledovaných súboroch sme zistili priemernú hodnotu maximálneho počtu nájdených generácií 5,00 v referenčnej populácii a 2,77 v rodokmeňovom súbore. Priemerná hodnota počtu úplných generácií predkov bola v referenčnej populácii 2,05 a v rodokmeňovom súbore 1,12. Priemerný ekvivalentný počet nájdených generácií dosiahol v referenčnej populácii hodnotu 3,16 a v rodokmeňovom súbore 1,73. Uvedené výsledky naznačujú, že vedeniu rodokmeňových informácií pinzgauského plemena na Slovensku sa v minulosti nevenovala dostatočná pozornosť a vzniklo viacero nepresností a omylov. V ostatnom období však dochádza ku skvalitňovaniu uvedenej činnosti.
3. Pri sledovaní ukazovateľov odvodených od spoločného predka sme v referenčnej populácii zistili priemerný koeficient intenzity inbrídingu 0,57 % (inbrédne zvieratá 5,02 %) a v rodokmeňovom súbore 0,22 % (inbrédne zvieratá 5,70 %). Koeficient priemernej príbuznosti v referenčnej populácii dosiahol hodnotu 1,17 % a v rodokmeňovom súbore 0,61 %. Priemerný individuálny prírastok inbrídingu v referenčnej populácii bol 0,25 % (inbrédne zvieratá 2,21 %) a v rodokmeňovom súbore 0,11 % (inbrédne zvieratá 2,81 %). Nakoľko hodnoty koeficientu príbuznosti sú vyššie ako hodnoty koeficientu inbrídingu, možno do budúcnosti očakávať nárast inbrídingu v populácii. Z tohto dôvodu je dôležité venovať veľkú pozornosť zostavovaniu pripárovacích plánov, s cieľom udržiavať hodnoty inbrídingu na úrovni, ktorá sa negatívne neprejaví na produkčných a funkčných vlastnostiach plemena. Realizovaná efektívna

veľkosť populácie v súbore žijúcich zvierat bola 194,64 jedincov, čo signalizuje ohrozenie populácie.

4. V referenčnej populácii sme zistili 2 496 základných predkov a v celom rodokmeňovom súbore 2 501 základných predkov. Efektívny počet základných predkov v referenčnej populácii bol 2 276 a v rodokmeňovom súbore 2 284. Efektívny počet predkov referenčnej populácie predstavoval hodnotu 141 a v rodokmeňovom súbore 257. Polovicu genetickej diverzity referenčnej populácie vysvetľovalo 20 zvierat a v rodokmeňovom súbore 51 zvierat. Vzhľadom k tomu, že efektívny počet základných predkov je väčší ako efektívny počet predkov, zúženie generácií v rodokmeňoch hrá významnú úlohu pri vytváraní populácie.
5. V referenčnej populácii sme zistili nasledovné hodnoty generačného intervalu podľa jednotlivých ciest prenosu génov : OS = 8,02 roka, OD = 7,58 roka, MS = 7,71 roka a MD = 6,45 roka. Priemerný generačný interval bol 7 rokov. V rodokmeňovom súbore dosiahol generačný interval tieto hodnoty : OS = 7,95 roka, OD = 9,31 roka, MS = 6,57 roka a MD = 5,62 roka. Obzvlášť vysokou je hodnota 9,31 roka pri ceste otec – dcéra. Uvedené hodnoty sú pomerne vysoké. Z tohto dôvodu by bolo vhodné skrátiť generačný interval v populácii, predovšetkým lepšou úrovňou odchovu mladého dobytká, čím by sa mohli zvieratá skôr zaradiť do plemenitby. Využitie MOET systému je finančne veľmi náročné a z tohto dôvodu nemôžeme predpokladať jeho využívanie v populácii slovenského pinzgauškého plemena. Súvisí to aj s tým, že MOETom sa skracuje generačný interval a jeho výsledkom je vznik väčšieho počtu inbrédnych jedincov.
6. Výsledky potvrdzujú potrebu monitorovania pinzgauškého plemena ako aj efektívnejšie pripárovanie zvierat z hľadiska obmedzovania alebo vylúčenia párenia príbuzných jedincov. Odporúča sa praktizovať systém pripárovania metódou optimálnych príspevkov, čo by umožnilo zlepšovať vlastnosti a udržiavať resp. minimalizovať inbríding.

6 Zoznam použitej literatúry

1. BAUMUNG, R. – SÖLKNER, J. 2002. Analysis of pedigree of Tux-Zillertal, Carinthian Blond and Original Pinzgau cattle population in Austria. In *Journal of Animal Breeding and Genetics*, roč. 119, 2002, č. 3, s. 175 – 181.
2. BIEDERMANN, G. – OTT, B. – RÜBESAM, K. – MAUS, F. 2004. Genetische Analyse der Population des Vorderwälder Rindes. In *Tierzucht*, roč. 47, 2004, č. 2, s. 141 – 153.
3. BIEDERMANN, G. – WALDMANN, S. – MAUS, F. 2003. Genetische Analyse der Population des Hinterwälder Rindes. In *Tierzucht*, roč. 46, 2003, č. 4, s. 307 - 319.
4. BOICHARD, D. – MAIGNEL, L. – VERRIER, É. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. In *Genetics Selection Evolution*, roč. 29, 1997, č. 1, s. 5 – 23.
5. BOTTO, V. – KONÍČEK, R. – PAŠEK, V. – ŽIŽLAVSKÝ, J. Chov hovädzieho dobytku (2. prepracované a doplnené vydanie). Bratislava : Príroda, 1988. 503 s.
6. BOUŠKA, J. – DOLEŽAL, O. – JÍLEK, F. – KUDRNA, V. – KVAPILÍK, J. – PŘIBYL, J. – RAJMON, R. – SEDMÍKOVÁ, M. – SKŘIVANOVÁ, V. – ŠLOSÁRKOVÁ, S. – TYROLOVÁ, Y. – VACEK, M. – ŽIŽLAVSKÝ, J. 2006. Chov dojeného skotu. Praha : Profi Press, 2006. 185 s. ISBN 80-96726-16-9.
7. CABALLERO, A. – TORO, M. A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. In *Genetic Research*, roč. 75, 2000, č. 8, s. 331 – 343.
8. CAROLINO, N. – GAMA, T. 2007. Indicators of genetic erosion in an endangered population : the Alentejana cattle breed in Portugal. In *Journal of Animal Science*, roč. 85, 2007, s. 476 – 483.
9. CERVANTES, I. – GOYACHE, F. – MOLINA, A. – VALERA, M. – GUTIÉRREZ, J. P. 2008a. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. In *Journal of Animal Breeding and Genetics*, roč. 125, 2008, č. 1, s. 1 – 10.

-
10. CERVANTES, I. – GUTIÉREZZ, J. P. – MOLINA, A. – GOYACHE, F. – VALERA, M. 2009. Genealogical analyses in open populations : the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. In *Journal of Animal Breeding and Genetics*, roč. 126, 2009, č. 5, s. 335 – 347.
 11. CERVANTES, I. – MOLINA, A. – GOYACHE, F. – GUTIÉREZZ, J. P. – VALERA, M. 2008b. Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. In *Livestock science*, roč. 113, 2008, č. 1, s. 24 – 33.
 12. DUNNER, S. – CHECA, M. L. – GUTIÉREZZ, J. P. – MARTIN, J. P. – CAÑON, J. 1998. Genetic analysis and management in small populations : the Asturcon pony as an example. In *Genetics Selection Evolution*, roč. 30, 1998, č. 4, s. 397 – 405.
 13. DUŠEK, J. – MISARĚ, D. – MÜLLER, Z. – NAVRÁTIL, J. – RAJMAN, J. – TLUCHOŘ, V. – ŽLUMOV, P. 2007. Chov koní (2. prepracované vydanie). Praha : Brázda, 2007. 404 s. ISBN 80-209-0352-6.
 14. FAO OSN. 2007. The state of world's animal genetic resources for food and agriculture. Rím : FAO, 2007. 511 s. ISBN 978-92-5-105762-9.
 15. GABRIŠ, J. – BOTTO, V. – SIDOR, V. 1987. Atlas plemien hospodárskych zvierat (2. doplnené vydanie). Bratislava : Príroda, 1987. 376 s.
 16. GAVALIER, M. – RYBANSKÁ, M. 2000. Šľachtenie hospodárskych zvierat. Nitra : SPU, 2000. 148 s. ISBN 80-7137-754-6.
 17. GUTIÉRREZ, J. P. – CERVANTES, I. – GOYACHE, F. 2009b. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. In *Journal of Animal Breeding and Genetics*, roč. 126, 2009, č. 4, s. 327 – 332.
 18. GUTIÉRREZ, J. P. – CERVANTES, I. – MOLINA, A. – VALERA, M. – GOYACHE, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. In *Genetics Selection Evolution*, roč. 40, 2008, č. 4, s. 359 – 378.
 19. GUTIÉRREZ, J. P. – GOYACHE, F. – CERVANTES, I. 2009a. Endog v 4.6. A Computer Program for Monitoring Genetic Variability of Populations Using Pedigree Informations. User's Guide. Madrid, 2009. 38 s.
 20. HUBA, J. 2010. Za NAJ pinzgauskou dojnícou do PD Smrečany. In *Slovenský chov*, roč. 15, 2010, č. 8, s. 46 – 47.
-

-
21. HUBKA, M. – HUBA, J. – BULLA, J. – RUSEKOVÁ, M. – MACÁK, M. – ZIMMERMANN, V. 2003. Pinzgauský dobytok na Slovensku. Liptovský Mikuláš : Zväz chovateľov pinzgauského dobytku na Slovensku, 2003. 15 s. ISBN 80-968968-4-9.
 22. KADLEČÍK, O. – KASARDA, R. – MÉSZÁROS, G. – ŽITNÝ, J. – VAVRIŠÍNOVÁ, K. 2007. Analýza rodokmeňov čistokrvnej populácie pinzgauského plemena. In *Acta fytotechnica et zootechnica*, roč. 10, 2007, č. 2, s. 29 – 32.
 23. KADLEČÍK, O. – KASARDA, R. 2007. Všeobecná zootechnika. Nitra : SPU, 2007. 222 s. ISBN 978-80-8069-953-6.
 24. KAERNEY, J. F. – WALL, E. – VILLANUEVA, B. – COFFEY, M. P. 2004. Inbreeding Trends and Application of Optimized Selection in the UK Holstein Population. In *Journal of Dairy Science*, roč. 87, 2004, č. 10, s. 3503 – 3509.
 25. KALCHER, L. – STURMLECHNER, F. – FÜRST, CH. – MAYERHOFER, M. 2010. Die Österreichische Rinderzucht 2009. Wien : ZAR, 2010. 159 s.
 26. KASARDA, R. – KADLEČÍK, O. 2010. Optimalizácia šľachtiteľského programu pinzgauského plemena na Slovensku. Nitra : SPU, 2010. 90 s. ISBN 978-80-552-0402-4.
 27. KLIMENT, J. – KARÁSEK, V. – KÚBEK, A. – PŠENICA, J. – ŠTIKA, O. 1985. Všeobecná zootechnika. Bratislava : Príroda, 1985. 441 s.
 28. LACY, R. C. – BALLOU, J. D. – PRINCÉE, F. – STARFIELD, A. – THOMPSON, E. A. 1995. Pedigree Analysis for Population Management. Columbia University Press : New York, 1995. 286 s.
 29. LACY, R. C. 1989. Analysis of Founder Representation in Pedigrees : Founder Equivalents and Founder Genome Equivalents. In *Zoo Biology*, roč. 8, 1989, č. 2, s. 111 – 123.
 30. LACY, R. C. 1995. Clarification of Genetic Terms and Their Use in the Management of Captive Populations. In *Zoo Biology*, 1995, č. 14, s. 565 – 578.
 31. LI, M. H. – STRANDÉN, I. – KANTANEN, J. 2009. Genetic diversity and pedigree analysis of Finnsheep breed. In *Journal of Animal Science*, roč. 87, 2009, č. 10, s. 1598 – 1605.
 32. Maignel, L. – BOICHARD, D. – VERRIER, E. 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. In *Interbull Bulltein*, č. 14, 1996, s. 49 – 54.
-

-
33. MÉSZÁROS, G. – KADLEČÍK, O. – KASARDA, R. 2006. Hodnotenie rizika vyradenia kráv slovenského pinzgauského plemena. In *Acta fytotechnica et zootechnica*, roč. 9, 2006, mimoriadne číslo, s. 162 – 164.
 34. MÉSZÁROS, G. – KASARDA, R. – KADLEČÍK, O. 2010. Slovenský pinzgauský dobytok – dlhovkosť kráv, životnosť plemena. In *Acta fytotechnica et zootechnica*, roč. 13, 2010, mimoriadne číslo, s. 13 – 15.
 35. MIGLIOR, F. – BURNSIDE, E. B. 1995. Inbreeding of Canadian Holstein Cattle. In *Journal of Dairy Science*, roč. 78, 1995, č. 5, s. 1163 – 1167.
 36. NOMURA, T. 1999. A mating system to reduce Inbreeding in Selection Programmes. Theoretical Basis and Modification of Compensatory Mating. In *Journal of Animal Breeding and Genetics*, roč. 116, 1999, s. 351 – 356.
 37. NOMURA, T. – HONDA, T. – MUKAI, F. 2001. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. In *Journal of Animal Science*, roč. 79, 2001, č. 4, s. 366 – 370.
 38. NOTTER, D. R. 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. In *Journal of Animal Science*, roč. 77, 1999, č. 1, s. 61 – 69.
 39. OLIEHOEK, P. A. – BIJMA, P. 2009. Effects of pedigree errors on the efficiency of conservation decisions. In *Genetics Selection Evolution*, roč. 41, 2009, č. 9, s. 410 – 421.
 40. ORAVCOVÁ, M. – HETÉNYI, L. – HUBA, J. – PEŠKOVIČOVÁ, D. – BULLA, J. – KADLEČÍK, O. 2006. Analýza plemien hospodárskych zvierat z hľadiska efektívnej veľkosti ich populácií. In *Acta fytotechnica et zootechnica*, roč. 9, 2006, mimoriadne číslo, s. 156 – 159.
 41. PERKINS, N. 2005. Are we increasing the risk of inbreeding in horses with artificial insemination and embryo transfer? In *Bomac Lecture Series*, 2005, č. 1, s. 61 – 69.
 42. PLEMENÁRSKE SLUŽBY SR. 2009. Výsledky kontroly úžitkovosti hovädzieho dobytku v Slovenskej republike – kontrolný rok 2008/2009. Bratislava : PS SR, 2009. 196 s.
 43. PŠENICA, J. – BULLA, J. – HUBA, J. – HUBKA, M. – JIROŠ, J. – MACÁK, M. – PACIGA, J. – RUSEKOVÁ, M. 1998. Slovenské pinzgauské plemeno. Liptovský Mikuláš : Zväz chovateľov pinzgauského dobytku na Slovensku, 1998. 19 s.
-

-
44. PŠENICA, J. 1990. Pinzgauský dobytok na Slovensku. Bratislava : Príroda, 1990. 184 s. ISBN 80-07-00255-3.
45. RON GARRIDO, L. – BIRCHMEIER, A. N. – MUNILLA, S. – CANTET, R.J.C. 2007. Estimation of effective population size using bivariate discrete distributions for modeling family size in beef cattle. In *Livestock Science*, 2007, č. 11, s. 1 – 9.
46. RYBA, Š. – DIANOVÁ, M. 2009. Aktuálne výsledky kontroly mliekovej úžitkovosti za plemenársky rok 2008/2009. In *Slovenský chov*, roč. 14, 2009, č. 12, s. 26 – 27.
47. RYBA, Š. – DIANOVÁ, M. 2010. Aktuálne výsledky mliekovej kontroly úžitkovosti za plemenársky rok 2009/2010. In *MiniInfo*, č. 2, 2010, s. 6 – 9.
48. RYBANSKÁ, M. – GAVALIER, M. 1999. Plemenitba hospodárskych zvierat (terminologický slovník). Nitra : SPU, 1999. 29 s. ISBN 80-7137-571-3.
49. SAMBRAUS, H. H. 2006. Atlas plemen hospodárskych zvierat. Praha : Brázda, 2006. 295 s. ISBN 80-209-0344-5.
50. SIMON, D. L. – BUCHENAUER, D. 1993. Genetic diversity of European livestock breeds. Wageningen, 581 s.
51. SMITH, L. A. – CASSELL, B. G. – PEARSON, R. E. 1998. The effect of Inbreeding on the Lifetime Performance of Dairy Cattle. In *Journal of Dairy Science*, roč. 81, 1998, č. 10, s. 2729 – 2737.
52. TORO, M. A. – SILIÓ, L. – RODRIGAÑEZ, J. – RODRÍGUEZ, C. – FERNANDÉZ, J. 1999. Optimal use of genetic markers in conservation programmes. In *Genetics Selection Evolution*, roč. 31, 1999, č. , s 255 – 261.
53. VAN RADEN, P. M. 1992. Accounting for Inbreeding and Crossbreeding in Genetic Evaluation of Large Populations. In *Journal of Dairy Science*, roč. 75, 1992, č. 11, s. 3136 – 3144.
54. WIGGANS, G. R. – VANRADEN, P. M. 1995. Calculation and Use of Inbreeding Coefficients for Genetic Evaluation of United States Dairy Cattle. In *Journal of Dairy Science*, roč. 78, 1995, č. 7, s. 1584 – 1590.
55. WRIGHT, S. 1969. Evolution and the Genetics of Populations : The Theory of Gene Frequencies. 2. vydanie. Chicago : University of Chicago Press, 1969.
56. ZVÄZ CHOVATEĽOV PINZGAUSKÉHO DOBYTKA. 2010. Hlavné ukazovatele selekčného programu pinzgauského plemena.
-