



INTER-EXCELLENCE
ACTION



MINISTERSTVO ZEMĚLSTVÍ



CERTIFIKOVANÁ METODIKA

**Optimalizace výběru jedinců pro základní skupinu APY aproximací inverze
genomické příbuznosti**

Autorský kolektiv:

Luboš Vostrý, Hana Vostrá-Vydrová, Eva Kašná

ISBN 978-80-213-3245-4

2022

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

Optimalizace výběru jedinců pro základní skupinu APY aproximací inverze genomické příbuznosti

Vydavatel

Česká zemědělská univerzita v Praze, Kamýcká 129, 165 00 Praha-Suchdol

Forma vydání

Metodika je vydána pouze elektronicky ve formátu PDF.

Zveřejněno na webové stránce

<https://metodiky.agrobiologie.cz/>

Autoři a jejich podíl na tvorbě certifikované metodiky

prof. Ing. Luboš Vostrý, Ph.D. 40 %

Ing. Hana Vostrá-Vydrová, Ph.D. 40 %

Ing. Eva Kašná, Ph.D. 20 %

Oponenti certifikované metodiky

Ing. Zdeňka Majzlíková

Česká plemenářská inspekce, Praha

doc. Ing. Karel Mach, CSc.

Česká zemědělská univerzita v Praze

Dedikace na projekty

Metodika vznikla v rámci řešení výzkumných projektů MŠMT INTER-EXCELLENCE
LTAUSA19117 a MZE NAZV Země QK1810253.

Rok vydání

2022

ISBN 978-80-213-3245-4

I. Cíl metodiky

Cílem metodiky je optimální výběr základních jedinců (core animals) pro aproximaci inverzní matice genomické příbuznosti, která je nezbytná pro předpověď genomických plemenných hodnot. Uvedené algoritmy mohou nalézt uplatnění v rutinním genetickém hodnocení hospodářských zvířat prostřednictvím Českomoravské společnosti chovatelů, a. s.

II. Vlastní popis metodiky

II.1. Úvod

Předpověď plemenné hodnoty je klíčová pro identifikování nejvhodnějších jedinců pro selekci. Standardní metoda pro předpověď plemenné hodnoty je animal model BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). Ke konstrukci matice příbuznosti se v konvenční metodě předpovědi plemenné hodnoty běžně využívají rodokmenové informace (rodokmenová matice příbuznosti **A**). S příchodem celogenomové analýzy jednonukleotidových polymorfizmů (SNP), byla rodokmenová matice příbuznosti (**A**) nahrazena genomickou maticí příbuznosti (**G**), založenou právě na informacích o SNP. Zásadní a nezbytnou částí předpovědi genomické plemenné hodnoty je inverze genomické matice příbuznosti. Výpočetní čas na inverzi genomické matice příbuznosti však, na rozdíl od rodokmenové matice příbuznosti, vzrůstá kubicky a maximální limit pro inverzi je přibližně 150 tisíc genotypových jedinců (Fragomeni et al., 2015). Právě náročnost inverze genomické matice **G**, z pohledu výpočetního výkonu a výpočetního času, je jedním z limitujících faktorů pro genetické hodnocení hospodářských zvířat v České republice pomocí genomické selekce. U matice příbuznosti na základě rodokmenových informací byla tato obtíž vyřešena pomocí rekurzivního algoritmu, pomocí jehož je přímo sestavována „řídká!“ (sparse) inverzní matice příbuznosti. Bohužel tento rekurzivní algoritmus nelze u genomické matice příbuznosti (**G**), z důvodu jiné struktury této matice, použít. Jedním z možných přístupů, jak získat inverzi genomickou maticí příbuznosti je algoritmus APY (Algorithm for Proven an Young, Misztal, 2016). Tento algoritmus je součástí programového vybavení Českomoravské společnosti chovatelů, a.s., která je pověřena genetickým hodnocením hospodářských zvířat v České republice. Uvedený algoritmus pro APY inverzi je založen na rozložení celkové genomické matice příbuznosti (**G**) na část základních (core) genotypovaných jedinců a jedinců genotypovaných nezásadních (non-core). Předpokladem je, že základní zvířata jsou na sobě závislá, a proto je pro tato zvířata vytvářena úplná inverzní matice. Dále se předpokládá, že zvířata zařazená do skupiny nezásadních jedinců jsou podmíněně nezávislá na zvířatech zařazených do

skupiny základních jedinců, proto je inverzní hodnota pro tuto skupinu zvířat diagonální, zatímco část inverze mezi zvířaty zařazenými do skupiny základních a skupiny nezásadních je hustá.

Z těchto předpokladů však vyplývají možné otázky:

- 1) Kolik jedinců má být zahrnuto do základních jedinců?
- 2) Jací jedinci mají být zahrnuti do základních jedinců?

Obě tyto otázky (omezení) mohou výrazně ovlivnit spolehlivost genetického hodnocení hospodářských zvířat.

Výběr vhodného počtu jedinců vhodných pro zařazení do skupiny základních jedinců může být například uskutečněn pomocí vlastních vektorů, které poskytují informaci o počtu jedinců nutných pro vysvětlení určité úrovně z celkové proměnlivosti matice \mathbf{G} . Takto získané informace slouží ke stanovení počtu jedinců, kteří jsou zahrnuti do skupiny základních jedinců. Ostatní jedinci jsou pak uvažováni jako nezásadní jedinci. Vlastní vektory z matice \mathbf{G} mohou být odhadnuty metodou ekvivalentního rozkladu singulární hodnoty (SVD), která není tak výpočetně a časově náročná jako klasický odhad vlastních vektorů. Tento odhad SVD z matice \mathbf{W} umožňuje například funkce *svd* v programovém balíku *R*, nebo *LAPACK* subroutine *DGESVD* programovacího jazyku Fortran.

Tato metodika vychází z práce Pocrnice et al (2022).

II.2 Genomická matice příbuznosti a APY inverze

Genomická matice příbuznosti je odhadnuta ze vztahu VanRaden (2008):

$$G = \frac{WW^T}{2 \sum_{j=1}^{n_m} p_j(1-p_j)},$$

kde \mathbf{W} je centrovaná matice SNP genotypů (kódovaných jako 0 referenční homozygot, 1 jako heterozygot a 2 jako alternativní homozygot), p_j je četnost alternativní alely (minoritní) pro SNP marker j a n_m je počet SNP markerů. Pro získání pozitivně definitní genomické matice příbuznosti je možné provést bending s maticí $0,1I$.

Při algoritmu APY dochází k rozdělení matice \mathbf{G} na:

$$G = \begin{bmatrix} G_{cc} & G_{cn} \\ G_{nc} & G_{nn} \end{bmatrix},$$

kde c a n odpovídají základním a nezásadním jedincům. Inverze APY algoritmem je založena na vztahu (Misztalet al., 2014):

$$G_{APY}^{-1} = \begin{bmatrix} G_{cc}^{-1} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} -G_{cc}^{-1}G_{cn} \\ I \end{bmatrix} M_{nn}^{-1} [-G_{nc}G_{cc}^{-1} \quad I],$$

kde

$$M_{nn,ii} = g_{ii} - g_{ic}G_{cc}^{-1}g_{ci}$$

kde g_{ii} je i -tý diagonální prvek matice G_{nn} a $g_{ci} = g_{ic}$ je i -tý sloupec z G_{cn} (nebo i -tá řádka G_{nc}). V tomto algoritmu je nutná pouze přímá inverze G_{nn} a diagonální matice M_{nn} .

Hlavním principem v APY je výběr takové podmnožiny základních zvířat, že APY inverzí se aproximuje plně inverzní matice \mathbf{G} (\mathbf{G}^{-1}).

II.3 Vlastní algoritmus

Zásadním principem v APY je konstrukce skupiny základních a nezásadních zvířat takovým způsobem, že je APY inverzí dobře aproximována plně inverzní matice \mathbf{G}^{-1} . Toho lze dosáhnout dostatečně velkou podmnožinou základních zvířat. Dále, pro danou velikost skupiny základních zvířat chceme pokrýt co nejvíce variací v matici genotypu SNP (a tedy v \mathbf{G}).

Jedním z možných přístupů je náhodný výběr genotypovaných jedinců. U tohoto přístupu byla zjištěna dostatečná přesnost předpovědi plemenné hodnoty (Bradford et al., 2017). Náhodný výběr však není při rutinních genetických hodnoceních vždy vhodný, protože může vést k malým změnám v genomických plemenných hodnotách, případně ke změně pořadí zvířat, dokonce i se stejnými datovými soubory. Avšak předpovězené plemenné hodnoty by měly být shodné se stejnými datovými soubory. I přes uvedené nedostatky je náhodný výběr v současnosti nejběžnějším způsobem výběru skupiny základních jedinců pro APY inverzi.

Další možností je výběr jedinců na základě hodnoty diagonálního prvku matice \mathbf{G} . Tento princip je založen na skutečnosti, že jedinec s nejvyšší hodnotou diagonálního prvku \mathbf{G} je nevíce odchýlen od středu SNP genotypů, a tudíž zastupuje dobře variabilitu vzorků. Avšak tento přístup může zvýhodňovat jedince z inbredních rodin. Cílem je však mít zastoupení jedinců z co nejvíce rodin ve skupině základních jedinců.

Uváděný princip podmiňujícího algoritmu je výběr základních jedinců přes všechny genotypované jedince. Algoritmus je založen na výběru jedinců vyznačujících se velkými vzdálenostmi ve smyslu kovarianční matice \mathbf{G} . Algoritmus iniciuje základní podmnožinu s jedincem, který se nejvíce odchyluje od těžiště genotypů SNP. Poté postupně najde zvířata, která se nejvíce

odchylují od již vybraných základních jedinců. Rozšiřováním skupiny základních zvířat algoritmus optimálně vzorkuje zbytek genotypovaných jedinců.

Samotný algoritmus (Pocrnic et al., 2022) je založen na následujícím principu. Vycházíme z genomické matce příbuznosti:

$$G = \frac{C}{v}$$

Pokud pro jednoduchost vypustíme škálovací prvek (v), můžeme pracovat jen s kovarianční maticí C .

$$C = \mathbf{W}\mathbf{W}^T,$$

necht' w představuje vektor odpovídající i -té řádce matice \mathbf{W} (soubor SNP genotyp pro jedince i). Necht' e představuje výběrový vektor (selektor) se samými 0 a jednou 1 na pozici i , tak že $w = e^T \mathbf{W}$, a $C_{i,i} = e^T C e$, a $C_{i,-i} = e^T C$.

Pro nalezení jedince s největší vzdáleností od ostatních jedinců v korelační matici je využita podmíněná kovarianční matice C_{cond} , která indikuje jedince jejichž SNP genotypy nejsou dobře representovány pomocí SNP genotypů základních jedinců.

Požadovaná podmíněná kovarianční matice daná jedincem i je:

$$C_{cond} = C - C e (e^T C e)^{-1} e^T C.$$

Samotný podmíněný algoritmus pro výběr základních jedinců začíná se stanovením velikosti základní skupiny jedinců, souborem se skupinou základních zvířat a kovarianční maticí $C_0 = \mathbf{W}\mathbf{W}^T$. Algoritmus iteruje po dobu n_c cyklu (počet základních jedinců) na základě kterých je vybráno n_c základních zvířat podle jejich podmíněné variance. V každém i -tém cyklu je vybírán do skupiny základních zvířat ten jedinec, který má největší podmíněný rozptyl v matici C_{i-1} , tj. podmíněný na základě dříve vybraných základních jedinců. Po výběru je matice C_{i-1} podmíněně aktualizována na C_i na základě aktuálně vybraného jedince. V dalším kroku se podmíněná matice C_i použije opět pro výběr dalšího základního jedince a tak dál. Důležité je si uvědomit, že pokud by nedocházelo k podmíněné aktualizaci matice C_i , byl by tento přístup shodný s přístupem výběru jedinců na základě diagonálních prvků.

Je nutné si uvědomit, že tvorba a aktualizace velké kovarianční matice genomické příbuznosti může být časově a výpočetně náročná z hlediska výpočtu a ukládání. Avšak podmíněný algoritmus může také pracovat s podmíněnou maticí SNP genotypů (W_{cond}):

$$W_{cond} = W_{i-1} - W_{i-1} w_{k_i}^T w_{k_i} / (w_{k_i} w_{k_i}^T)$$

V druhém kroku algoritmu je nahrazen diagonální prvek matice C diagonálním prvkem WW^T . Tento krok můžeme urychlit tím, že vypočítáme pouze úhlopříčku (podmíněný rozptyl) umocněním a sečtením každého řádku W_{i-1} .

Algoritmus 1: Optimální výběr základních jedinců použitím podmíněné kovarianční matice C	
Požaduje: n_c, k a $C_0 = WW^T$	požadovaný počet základních jedinců, vektor základních jedinců a kovarianční matice
1: v cyklu od $i = 1$ do n_c	cyklus přes všechny požadované základní jedince
2: $k_i \leftarrow \max(\text{diag}(C_{i-1}))$	nalezení i -tého základního jedince
3: $e \leftarrow 0$ 4: $e_{k_i} \leftarrow 1$	Úprava výběrového vektoru
5: $C_i \leftarrow C_{i-1} - C_{1-1} e_{k_i} (e_{k_i}^T C_{i-1} e_{k_i})^{-1} e_{k_i}^T C_{i-1}$	Úprava kovarianční matice
6: konec cyklu	

Algoritmus 2: Optimální výběr základních jedinců optimalizací pomocí podmíněné matice genotypů SNP (W)	
Požaduje: n_c, k a $W_0 = W$	požadovaný počet základních jedinců, vektor základních jedinců a matice genotypů SNP
1: v cyklu od $i = 1$ do n_c	cyklus přes všechny požadované základní jedince
2: $k_i \leftarrow \max(\text{diag}(W_{i-1}W_{i-1}^T))$	nalezení i -tého základního jedince
3: $w_{k_i} \leftarrow W_{i-1}[k_i,]$	Podmíněná genotypové matice SNP jedince i
4: $W_i \leftarrow W_{i-1} - W_{1-1} w_{k_i} w_{k_i} / (w_{k_i} w_{k_i}^T)$	Úprava genotypové matice SNP
5: konec cyklu	

Rozšíření souboru základních zvířat s novými genotypovými daty.

V případě, že přibudou noví genotypovaní jedinci, soubor základních zvířat může být rozšířen o nové jedince se zohledněním úpravy podmíněné matice příbuznosti. Rozšíření skupiny základních zvířat je možné se zohledněním podmíněné kovarianční genomické matice v následujících krocích:

- 1) Upravit SNP genotypovou matici nových zvířat na podmíněnou matici s ohledem na původní skupinu základních jedinců
- 2) zkombinovat podmíněnou SNP genotypovou matici původních jedinců s novou maticí nově genotypovaných jedinců

3) Použít podmíněný algoritmus na kombinované podmíněné SNP v genotypové matici.

SNP genotypovou matici nových jedinců podmíněnou současnou skupinou základních jedinců je možné získat dle Algoritmu 3. Po získání podmíněné SNP genotypové matice je možné zopakovat Algoritmus 2 pro výběr nových jedinců do základního souboru.

Algoritmus 3: Vytvoření podmíněné genotypové matice SNP pro nově genotypované jedince	
Požaduje: n_c, k a W_o, W_u	požadovaný počet základních jedinců, vektor základních jedinců a matice genotypů SNP starých jedinců (o) a nových jedinců (u)
$W_c \leftarrow W_o[k,]$	Matice genotypů SNP dříve vybraných základních jedinců
$W_0 \leftarrow rbind(W_c, W_u)$	Spojení (podle řádků) genotypové matice SNP základních a nových jedinců
1: v cyklu od $i = 1$ do n_c	cyklus přes všechny základní jedince
2: $k_i \leftarrow \max(\text{diag}(W_{i-1}W_{i-1}^T))$	nalezení i -tého základního jedince
3: $w_{k_i} \leftarrow W_c[i,]$	Podmíněná genotypované matice SNP jedince i
4: $W_i \leftarrow W_{i-1} - W_{i-1}w_{k_i}w_{k_i}^T/(w_{k_i}w_{k_i}^T)$	Úprava genotypové matice SNP nově genotypovaných jedinců, podle již vybraných základních jedinců
5: konec cyklu	

Jednotlivé algoritmy jsou uvedeny v příloze v programovacím jazyku R-project.org.

II.4 Další využití uvedených postupů

Toto studium umožňuje výběr jedinců pro další oblasti studia. Další možností využití tohoto algoritmu může být výběr jedinců pro genotypizaci nebo sekvenování s vysokou hustotou, kdy jsou pro tvorbu podmíněné matice využity rodokmenové informace či SNP čipy s nízkou hustotou.

III. Srovnání „novosti postupů“

Jak již bylo uvedeno v předešlém textu. V současné době je pro výběr jedinců do skupiny základních jedinců pro APY inverzi nejčastěji metoda náhodného výběru. Tato metoda je však

náchylná na nestálost předpovědi plemenné hodnoty při opakovaných náhodných výběrech. Tato nestálost je ovlivněna skutečností, že při každém náhodném výběru mohou být vybráni do skupiny základních jedinců jiná zvířata.

Uvedené algoritmy umožňují tyto nedostatky obcházet a zajišťují stabilní výběr jedinců do základní skupiny a tím zajišťují stability předpovědi plemenné hodnoty. Navíc uvedené algoritmy umožňují pomocí podmíněné SNP genotypové matice, či popřípadě matice příbuznosti vybrat jedince nejvíce geneticky provázaných na napříč ostatními jedinci.

IV. Popis uplatnění certifikované metodiky

Předkládaná metodika je podkladem pro sestavení základní skupiny základních zvířat pro APY aproximaci inverzní genomické matice příbuznosti. Metodika bude uplatněna prostřednictvím organizace Českomoravská společnost chovatelů a.s. Výsledky této metodiky budou využívány příslušnými svazy chovatelů hospodářských zvířat, například Svazem chovatelů holštýnského skotu v ČR, z.s.

V. Ekonomické aspekty

Předkládaná certifikovaná metodika slouží k sestavení skupiny základních zvířat pro APY aproximaci inverzní genomické matice příbuznosti, která slouží k odhadu genomických plemenných hodnot využívaných ve šlechtění dojeného skotu. Daná metodika bude využívána ČMSCH, a.s. podle zákona č.110/1997 Sb. O potravinách a zákona č. 154/2000 Sb. O šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat ve znění pozdějších předpisů je ČMSCH právnická osoba pověřena ministerstvem zemědělství k výkonu činností podle jednotlivých bodů § 23c. Jmenovitě podle odstavců 1 a 2 a §7 je povinna poskytovat chovatelům a oprávněným osobám údaje, zpracovávat, zveřejňovat a evidovat výsledky, což se týká všech chovatelsky důležitých vlastností, včetně reprodukčních ukazatelů masného skotu. V souladu s doporučením Rady vlády pro výzkum uvádíme, že ČMSCH, a.s. nevytváří těmito činnostmi zisk, poskytuje široké chovatelské veřejnosti co nejobjektivnější údaje a vyhodnocením celostátních databází vytváří podklady pro prokázání kvality plemenářské práce chovatelů. Získané plemenné hodnoty jsou předány Svazu chovatelů holštýnského skotu ČR, z.s., který je dále předává jednotlivým chovatelům jako služba pro chovatelskou veřejnost.

VI. Seznam použité související literatury

Bradford, H., Pocrnić, I., Fragomeni, B., Lourenco, D., Misztal, I. (2017): Selection of core animals in the algorithm for proven and young using a simulation model. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 134 (6): 545–552.

Fragomeni, B., Lourenco, D., Tsuruta, S., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., Lawlor, T., Misztal, I. (2015): Hot topic: use of genomic recursions in single-step genomic best linear unbiased predictor (blup) with a large number of genotypes. *Journal of Dairy Science*. 98 (6): 4090–4094.

Misztal, I., Legarra, A., Aguilar, I. (2014): Using recursion to compute the inverse of the genomic relationship matrix. *Journal of Dairy Science*. 97 (6): 3943–3952.

Misztal, I. (2016): Inexpensive computation of the inverse of the genomic relationship matrix in populations with small effective population size. *Genetics*. 202 (2): 401–409.

Pocrnic, I., Lindgren F., Tolhurst D., Herring W. O., Gorjanc G. (2022). Optimisation of the core subset for the APY approximation of genomic relationships. bioRxiv 2022.06.06.494931; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.06.06.494931>

VanRaden, P.M. (2008): Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science* 91 (11): 4414–4423.

VII. Seznam publikací, které předcházely metodice

Bauer, J., Příbyl, J., Vostrý L. (2015): Short communication: Reliability of single-step genomic BLUP breeding values by multi-trait test-day model analysis, *J. Dairy Sci.*, 98 (7): 4999–5003.

Příbyl J., Bauer J., Čermák V., Pešek P., Příbylová J., Šplíchal, J., Vostrá-Vydrová H., Vostrý L., Zavadilová L. (2015): Domestic estimated breeding values and genomic enhanced breeding values of bulls in comparison with their foreign genomic enhanced breeding values. *Animal*, 9 (10): 1635–1642.

Příbyl J., Bauer J., Pešek P., Příbylová J., Vostrý L., Zavadilová L. (2014): Domestic and Interbull information in the single step genomic evaluation of Holstein milk production. *Czech J. Anim. Sci.*, 59 (9): 409–415.

VIII. Jména oponentů a názvy jejich organizací

Ing. Zdenka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha

Doc. Ing. Karel Mach, CSc.
Emeritní docent, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů
Česká zemědělská univerzita, Praha

IX. Dedikace

Metodika vznikla s podporou MŠMT ČR, projektu LTAUSA19117 a MZe ČR projektu NAZV QK1810253.

X. Přílohy a tabulky

Ukázka scriptu pro jednotlivé algoritmy v programovém jazyce R.

```
##### tvorba prvotní genotypové matice SNP #####
```

```
M                # vstupní matice genotypu -kodovana 0 referencni homozygot, 1 jako #heterozygot a 2 jako
                  alternativní homozygot
p_i = colMeans(M) / 2  # odhad cetnosti alternativní alel
P_i = matrix(p_i, nrow = nrow(M), ncol = ncol(M), byrow = TRUE)
Z = M - 2 * P_i       # první genotypova matice SNP
dim(Z)              # kontrola dimenze matice Z
```

```
##### tvorba genomické matice pribuznosti ###
```

```
zz = tcrossprod(Z)
k = 2 * (sum(p_i * (1 - p_i)))  # skalovací parameter
G = zz / k                      # genomická matice pribuznosti
dim(G)                          # kontrola dimenze matice Z
```

```
##### Algoritmus 2 #####
```

```
Algoritmus2 <- function(Winit, # prvotní matice genotypu SNP (zde ,matice Z)
                          knots = NULL, # prvotni počet základních jedinců (jiz vybraných v predchozim behu)
                          W = NULL,     # podmíněná matice genotypu SNP, nenulová pokud chceme pridavat dalsi
                                      # základni jedince k jiz vybranym
                                      # pocet zakladnich jedincu pro vyber
                          p) {
  if (is.null(knots)) {
    knots <- c()
    W <- Winit
  }
  if (is.null(W)) { # tato cast odpovida algoritmu 3
    W <- Winit
    for (i in knots) {
      w <- W[i, , drop = FALSE]
      W <- W - (W %*% t(w)) %*% (w / sum(w^2))
    }
  }
  target <- c()
  total_var <- c()
  for (k in seq_len(p)) {
    v_prior <- rowSums(W^2)
    i <- which.max(v_prior)
  }
}
```

```

target <- c(target, v_prior[i])
knots <- c(knots, i)
w <- W[i, , drop = FALSE]
W <- W - (W %**% t(w)) %**% (w / sum(w^2))
}
}

```

Uprava pmdinene genotypove matice SNP pro nove genotypovane jedince

```

rozsireni_W <- function(Winit,          # puvodni matice genotypu SNP
                        knots,         # puvotni počet základních jedinců (jiz vybranych v predchozim behu)
                        Wadd) {        # nova matice genotypu SNP pro nove genotypovane jedince
W <- rbind(Winit[knots, , drop = FALSE], Wadd)
for (i in 1:length(knots)) {
  w <- W[i, , drop = FALSE]
  W <- W - (W %**% t(w)) %**% (w / sum(w^2))
}
Wnew <- W[length(knots) + seq_len(nrow(Wadd)), , drop = FALSE]
Wnew
}

```

Česká plemenářská inspekce

Slezská 100/7, Praha 2, 120 00

vydává

OSVĚDČENÍ

9333/2022 - ČPI

o uznání metodiky v souladu s podmínkami Metodiky hodnocení výzkumných organizací a programů účelové podpory výzkumu, vývoje a inovací, schválené usnesením vlády dne 8. února 2017, číslo 107 a její samostatné přílohy č. 4 schválené usnesením vlády dne 29. listopadu 2017 č. 837.

Název metodiky:

Optimalizace výběru jedinců pro základní skupinu APY aproximací inverze genomické příbuznosti.

Autor / autoři: **Prof. Ing. Luboš Vostrý, Ph.D., Ing. Hana Vostrá - Vydrová, Ph.D., Ing. Eva Kašná, Ph.D.**

Název organizace/cí: **Česká zemědělská univerzita v Praze se sídlem Kamýcká 129, 165 00 - Suchdol**

Místo vydání: **Praha**

Rok vydání: **2022**

Metodika byla vypracována v rámci řešení grantu MŠMT LTAUSA19117 a NAZV QK1810253.

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy:


Ing. Zdenka Majzliková

Funkce zástupce odborného útvaru státní správy:

vedoucí služebního úřadu - ředitelka


V Praze, dne 8. 12.2022

Česká plemenářská inspekce
Slezská 100/7
120 00 Praha 2
1


.....
Podpis/elektronický podpis zástupce
odborného útvaru státní správy

Souhlas ředitele Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V PRAZE dne 12. 12. 2022


.....
Podpis/elektronický podpis
ředitele/ředitelky Odboru vědy, výzkumu
a vzdělávání