# SciCell

ODBORNÝ MAGAZÍN

WWW.SCICELL.ORG

2026



ISSN 2585-9137
Vydavateľstvo SciCell

SciCell Magazín



# GENOMICKÁ SELEKCIA

Publikované 28. novembra 2023

Image by PublicDomainPictures from Pixabay

***Juraj Candrák***
Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Fakulta agrobiológie a potravinových zdrojov

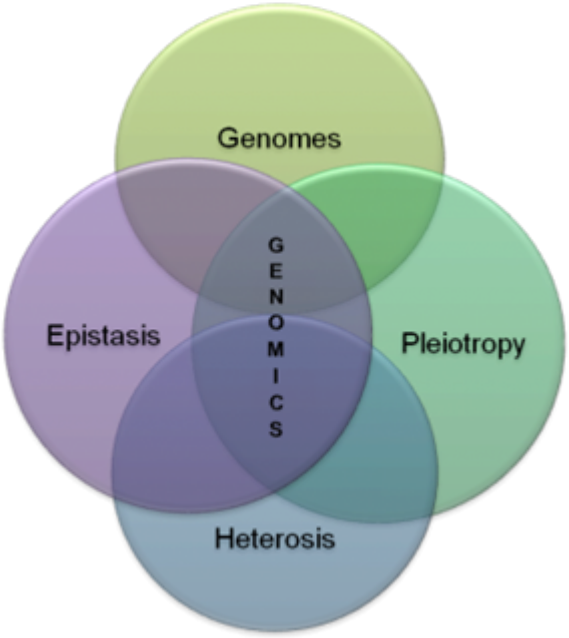
## Genomika

Genomika je oblasť genetiky, ktoré sa zaoberá štúdiom genómov rôznych organizmov. Zahŕňa predovšetkým získavanie sekvencií DNA organizmov, genetické mapovanie, hľadanie génov s ich funkčnými prvkami. V prípade funkčných prvkov je snaha určiť funkčný význam konkrétnych sekvencií. Ďalšou možnosťou genomiky je snaha o porovnanie genómov rôznych organizmov s cieľom lepšie pochopiť samotný proces evolúcie. Genomika využíva vo veľkej miere metódy molekulárnej biológie, štatistiky a bioinformatiky.

Genomiku môžeme v skutočnosti charakterizovať ako oblasť molekulárnej biológie, ktorá sa zameriava na štruktúru, funkciu, evolúciu, mapovanie a úpravu genómov. Genóm je kompletný súbor génov alebo genetického materiálu prítomného v bunke alebo organizme. Genomika zahŕňa štúdium celej sekvencie DNA organizmu a funkcie špecifických génov v rámci tohto organizmu. Genomika významne prispieva (vďaka bio-technologickému pokroku) k rozvoju rôznych vedných oblastí: medicína, biotechnológie, poľnohospodárstvo, antropológia, evolučné teórie.

Z hľadiska molekulárnej biológie a genetiky je genóm celá genetická informácia organizmu, ktorá pozostáva z nukleotidových sekvencií DNA (alebo RNA v prípade RNA vírusov). Jadrový genóm obsahuje gény kódujúce bielkoviny a nekódujúce gény, ďalšie funkčné oblasti genómu, ako sú regulačné sekvencie, a často obsahuje aj značnú časť odpadovej DNA bez zjavnej funkcie.

Genomika zahŕňa v rámci genómu aj štúdie intragenomických javov, ako je epistáza (vplyv jedného génu na druhý), pleiotropia (jeden gén ovplyvňuje viac ako jeden znak), heteróza (hybridná vitalita) a iné interakcie medzi lokusmi a alelami v rámci genómu.




**Obr. 1** Prieniky genomiky a genomických analýz. *zdroj: https://www.ebi.ac.uk*

V rámci genomických pojmov sa stretávame s nových pojmami ako sú: epigenomika a metagenomika. Epigenomika je štúdium kompletného súboru epigenetických modifikácií genetického materiálu bunky (epigenóm). Epigenetické modifikácie sú reverzibilné modifikácie DNA, alebo histónov bunky, ktoré ovplyvňujú expresiu génov bez zmeny sekvencie DNA (Russell 2010, s. 475). Metagenomika je štúdium metagenómov (genetického materiálu získaného priamo zo vzoriek životného prostredia). Táto široká oblasť sa môže označovať aj ako environmentálna genomika, ekogenomika alebo genomika spoločenstiev. Metagenomika ponúka nový pohľad na mikrobiálny svet a má veľký potenciál zmeniť chápanie celého živého sveta.
Aktuálne jedným z najviac používaných prístupov v analýze genomických údajov, ktorého cieľom je identifikovať genetickú rozmanitosť spájanú s mnohými špecifickými vlastnosťami zvierat a ľudí sú celogenomové asociačné štúdie (GWAS, Genome-Wide Association Studies). Tieto štúdie a prístupy skúmajú vzťahy medzi genetickými markermi a jednotlivými fenotypovými znakmi. Cieľom je určiť, ktoré genomické SNP (Single Nucleotide Polymorphism) informácie majú s najväčšou pravdepodobnosťou kauzálny účinok na skúmané fenotypy.
Genomika je rýchlo sa rozvíjajúca oblasť s ďalekosiahlymi dôsledkami pre rôzne aspekty ľudského života a životného prostredia. Má šancu významne zmeniť naše chápanie životných javov a procesov a podporiť pokrok v mnohých oblastiach ľudskej činnosti, čo môže prispieť k zlepšeniu zdravia ľudí a zvierat, k výrobe zdravých potravín, udržateľnému poľnohospodárstvu a hlbšiemu pochopeniu biodiverzity a evolúcie.

## História genomiky

O počiatkoch genomiky hovoríme iba od 70. rokov 20. storočia. V roku 1976 bol sekvenovaný prvý kompletný genóm RNA vírusu (bakteriofág MS2). V roku 1977 bol sekvenovaný prvý genóm pozostávajúci z DNA (bakteriofág Φ-X174, Frederick Sanger, technika sekvenovania DNA). V roku 1980 Frederick Sanger získa spolu s Wallym Gilbertom a Paulom Bergom Nobelovu cenu za chémiu (za prvotné metódy sekvenovania DNA). Samotný termín „genomika“ asi prvýkrát použil až Thomas Roderick v roku 1986. Neskôr sa sekvenovali genómy zložitejších organizmov so zameraním na modelové organizmy a nebezpečné patogény, ktoré spôsobujú viaceré choroby. V roku 2003 bol sekvenovaný ľudský genóm (tzv. hrubé sekvenovanie, projekt Human Genome Project 1990 – 2003, sekvencia posledného chromozómu bola dokončená až v roku 2006). Anotácia ľudského genómu ale

nebola kompletná. Až v roku 2022 vedci oznámili prvú kompletnú sekvenciu ľudského genómu. Medicína ale nie je zatiaľ schopná tieto informácie vo veľkej miere objektívne a správne využívať. Dnešné metódy sekvenovania sú mnohonásobne rýchlejšie a lacnejšie ako pôvodné metódy. Genomické údaje sa analyzujú vo výrazne väčšom rozsahu. Hlavným trendom poslednej doby je personalizovaná genomika a využívanie genomiky aj mimo humánnej oblasti. Molekulárno-genetický a technologický pokrok, klesajúce náklady a zvyšujúca sa rýchlosti sekvenovania umožnila vznik mnohých komerčných subjektov, ktoré ponúkajú sekvenovanie genómov, alebo ich častí vo veľkom rozsahu. Prísľubom do budúcnosti (v skutočnosti začínajúcou realitou) sa stáva možnosť poskytnúť komplexný genóm organizmu, ktorý môže výrazne spresniť informácie o jeho genetických predispozíciách pre rôzne vlastnosti a znaky.

## Rozdelenie genomiky

**Štruktúrna genomika**: tento pododbor genomiky sa zaoberá štúdiom a popisom štruktúry génov (popisuje hlavne štruktúru génov najmä z pohľadu celých genómov). Štruktúrna genomika sa snaží popísať trojrozmernú štruktúru každého proteínu kódovaného daným genómom.

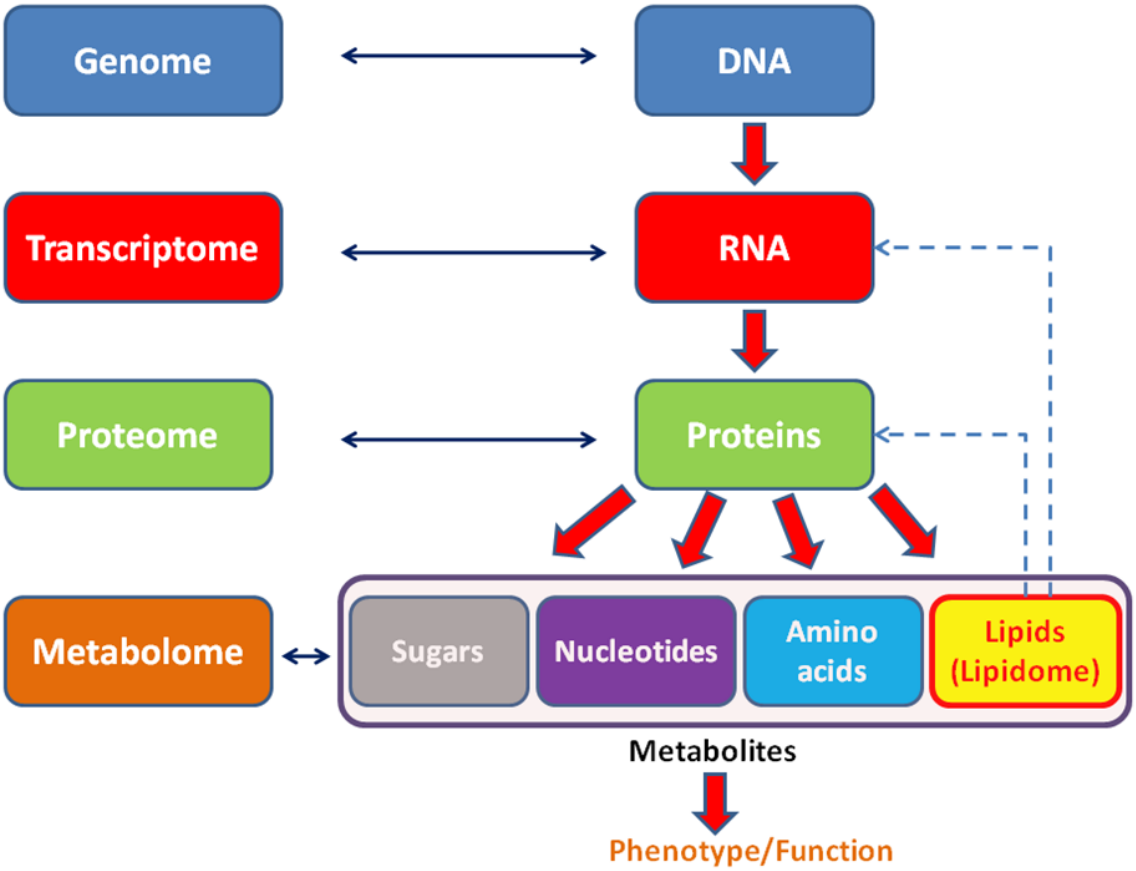
**Funkčná genomika:** zaoberá sa anotáciou genómov, vyhľadávanie génov a určovanie ich jednotlivých funkcií. Funkčná genomika je oblasť molekulárnej biológie, ktorá sa pokúša využiť obrovské množstvo údajov získaných v rámci genomických analýz (sekvenovania genómu) na opis funkcií a interakcií génov a proteínov. Funkčná genomika sa zameriava na dynamické prvky, ako je transkripcia génov, translácia a interakcie proteín-proteín (rozdielne od statických prvkov genomických informácií, ktorými sú sekvencia, alebo štruktúra DNA).

**Porovnávacia (komparatívna) genomika:** predstavuje porovnávanie genómov rôznych organizmov. Porovnávacia genomika využíva informácie, ktoré vznikli selekciou, na pochopenie funkcie a evolučných procesov, ktoré pôsobia na genómy. Prináša dôležité poznatky o mnohých aspektoch evolúcie jednotlivých druhov organizmov. Komparatívna genomika využíva konkrétne podobnosti a aj rozdiely v proteínoch, RNA a regulačných oblastiach rôznych organizmov na odvodenie toho, ako na tieto prvky pôsobila selekcia.

**Populačná genomika**: rieši porovnávanie genómov v rámci konkrétnej populácie určitého organizmu so zohľadnením skúmania vplyvu konkrétnych podmienok prostredia. Populačná genomika sa vyvinula ako oblasť výskumu, v ktorej sa metódy genomického sekvenovania používajú na rozsiahle porovnávanie sekvencií DNA medzi populáciami. Toto porovnávanie je odlišné od genetických markerov, ako sú produkty PCR s krátkym dosahom, alebo mikrosatelity často používané v populačnej genetike.

**Výpočtová genomika:** predstavuje konkrétnu (výpočtovú) prácu s rozsiahlymi genomickými údajmi pri ktorej využíva štatistické a bioinformatické výpočtové metódy a prístupy (využívanie výkonných a rôznorodých výpočtových systémov, informačných zdrojov a prostriedkov).

Genomika a všetko čo súvisí s analýzami genómov nie je izolovaná oblasť genetiky, ale je súčasťou celkového komplexu riešených problémov molekulárnej biológie. Na obrázku 2 uvádzame schému celého komplexu.




**Obr. 2** Všeobecná schéma vzťahov v rámci celkového komplexu *zdroj: https://en.wikipedia.org/wiki/Genomics*

## Najvýznamnejšie oblasti vplyvu a využitia genomiky

**Personalizovaná medicína**: genomické informácie možno využiť na personalizovanie (prispôsobenie liečby, liečba na mieru) konkrétnych pacientov na základe ich špecifickej genetickej výbavy. Personalizovaná medicína (personalizované zdravotníctvo) vedie preukázatelne k účinnejšej presnejšej a včasnejšej liečbe jednotlivých chorôb a zdravotných postihnutí. Personalizovaná medicína pomáha znižovať pravdepodobnosť výskytu ochorení, akými sú diabetes, obezita, viaceré kardiovaskulárne ochorenia a ďalšie. Personalizované prístupy vychádzajúce zo znalosti genomických informácií sa využívajú ďalej v humánnej oblasti vo farmakogenetike, v nutričnej genomike, pri starostlivosti o pleť v kombinácii zdravotných a kozmetických problémov, pri personalizovaní športového potenciálu (individuálny prístup pri tréningovom a športovom zaťažení). V poslednom období sa podobný personalizovaný prístup začína využívať, okrem humánnej oblasti, aj pri iných organizmoch. Príkladom sú hospodárske zvieratá.

**Farmakogenomika**: táto oblasť genomiky skúma, ako samotná genetická výbava jednotlivca ovplyvňuje jeho reakciu na lieky. Uvedené výrazne pomáha prispôsobiť liečbu liekmi tak, aby bola maximálne účinná a súčasne mala minimálne vedľajšie účinky.

**Výskum a liečba chorôb**: genomika umožnuje lepšie pochopiť genetickú podstaty rôznych chorôb a zdravotných problémov, čo vedie k vývoju nových diagnostických nástrojov a presnej cielenej liečby ochorení, ako sú nádorové ochorenia, kardiovaskulárne choroby, oslabená imunita a rôzne genetické poruchy a ochorenia. Do tejto oblasti vplyvu a využitia genomiky zaraďujeme aj vývoj mnohých nových diagnostických testov (príkladom je dizajnovanie nových diagnostických testov na COVID-19 počas obdobia pandémie na Slovensku a v iných krajinách).

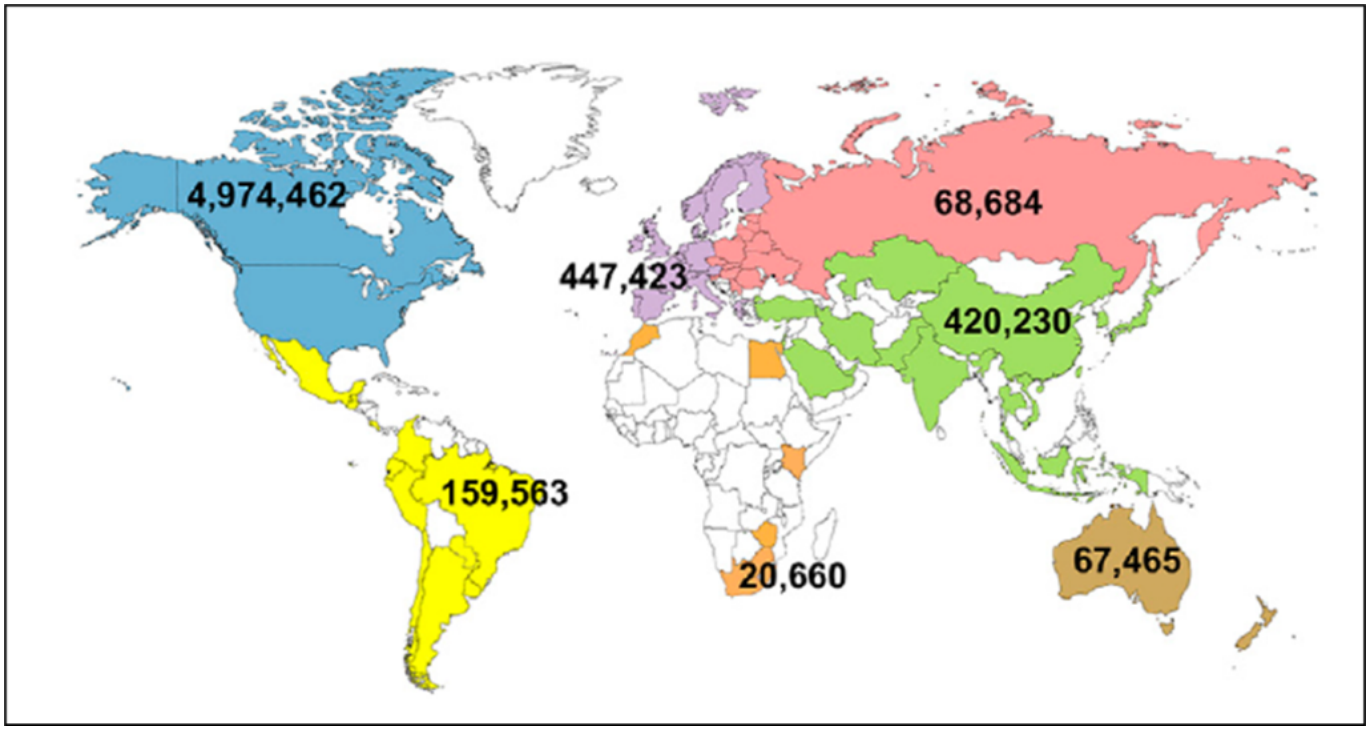
**Evolučná biológia**: genomika so svojou možnosťou porovnávania genómov rôznych druhov organizmov môže študovať rôznorodé evolučné vzťahy a zákonitosti, na základe ktorých sa dá lepšie pochopiť, ako sa jednotlivé druhy vyvíjali historicky v priebehu času. Táto oblasť má narastajúci význam pri hodnotení biodiverzity prakticky všetkých živých organizmov na zemi.

**Zvyšovanie úrodnosti a kvality poľnohospodárskych plodín**: genomika pomáha pri vývoji geneticky modifikovaných plodín so zvýšeným výnosom a lepšími kvalitatívnymi parametrami, so zvýšenou odolnosťou voči škodcom, chorobám a vyššou toleranciou voči rôznym environmentálnym stresom (sucho, vlhko, teplo, chlad, rôzne klimatické a environmentálne zmeny). Problémom je ale rôznorodá akceptácia, alebo odmietanie GMO (rôznorodé zohľadňovanie náboženských, etických a morálnych hľadísk).

**Využitie genomiky vo výskume, šľachtení a selekcii zvierat**: najväčší význam tejto oblasti je samozrejme v šľachtení a selekcii hospodárskych zvierat. Genomika zohráva kľúčovú úlohu pri rozvoji chovu a manažmentu hospodárskych zvierat, čo vedie k zlepšeniu produkcie, zdravia a celkovej udržateľnosti jednotlivých chovov. Asi najväčšie uplatnenie má genomika aktuálne v chove hovädzieho dobytka kde okrem samotného šľachtenia umožňuje zlepšiť: odolnosť voči chorobám, skvalitniť produkciu zdravých potravín a dosiahnuť samotnú biologickú a ekonomickú efektívnosť produkcie. Kľúčovým aspektom toho, ako genomika ovplyvnuje chov hovädzieho dobytka je presnejšie poznanie genetickej kvality jednotlivých zvierat a tým možnosť rozšírenia vhodných (požadovaných) genotypov zvierat, ktoré akceptujú komplexné požiadavky a smerovania chovov a celej populácie daného plemena.

**Genomická selekcia hospodárskych zvierat** (mliekové plemená, hovädzí dobytok)

Využitie genomiky zohráva dôležitú úlohu pri rozvoji chovu a manažmentu mliekových plemien hovädzieho dobytka, čo môže viesť k zlepšeniu produktivity ukazovateľov mliekovej úžitkovosti, zdravia a celkovej udržateľnosti poľnohospodárstva. Uplatnenie genomiky v chove hovädzieho dobytka zahŕňa rôzne oblasti vrátane šľachtenia, genetického hodnotenia, odolnosti voči chorobám, rentabilite, efektívnosti produkcie a zachovanie živočíšnej biodiverzity. Najkomplexnejší a najrozsiahlejší systém genomického hodnotenia je aktuálne na severoamerickom kontinente (USA a Kanada).




**Obr.3** Celkový počet použitých genotypov v USA podľa globálnych regiónov (jún 2022). *zdroj: Wiggans, G. R., & Carrillo, J. A. (2022)*

Aktuálny stav celkového počtu genotypov je 7,903,738 (august 2023). V roku 2022 bol tento počet viac ako 6,5 milióna genotypov. Hodnotenia so zohľadnením genomických informácií sa vypočítavajú a publikujú pre viac ako 50 znakov (zohľadnené sú prakticky všetky skupiny dôležitých znakov a vlastností mliekového dobytka, ktoré sú základom viacerých používaných selekčných indexov). Genetické hodnotenia zvierat s novo predloženými genotypmi sa uskutočňujú na týždennej báze.
Všeobecne môžeme tvrdiť, že genomická selekcia spôsobila celosvetovú revolúciu v chove dojníc, od mliečnych fariem až po inseminačné spoločnosti, poskytovateľov služieb a hodnotiace centrá. Široké zavedenie genotypovania a genomickej selekcie vedie k obrovským genetickým ziskom, presnejšiemu a skoršiemu predpovedaniu genetických hodnôt zvierat a k zásadným zmenám v stratégiách vyraďovania, zaraďovania, selekcie a šľachtenia zvierat. Genotypovanie tiež urýchlilo vývoj nových, hospodársky dôležitých znakov, najmä tých, ktoré sa ťažko a draho merajú.

## Hlavné aspekty, ako genomika môže ovplyvňovať chov hovädzieho dobytka:

1. Výber a šľachtenie geneticky najvhodnejších zvierat so žiaducimi vlastnosťami (vhodné genotypy), ako je produkcia mlieka, mäsa, dlhovekosť, životaschopnosť, výborné exteriérové vlastnosti a zdravie. Využitie genomických informácií pomáha chovateľom prijímať správne rozhodnutia o tom, ktoré zvieratá vyberať do chovu (plemenitby), čo vedie k vývoju rentabilnejších a produkčnejších (kvantita aj kvalita), zdravších stád a populácií konkrétnych plemien hovädzieho dobytka. Genomika prispieva k vývoju plemien dobytka, ktoré majú vyššiu produkciu mlieka, optimálne zastúpenie obsahových zložiek mlieka (tuk, bielkoviny, laktóza) a kvalitnejšie mäso. Identifikovaním genetických markerov súvisiacich s produkciou mlieka a kvalitou mäsa môžu chovatelia selektovať zvieratá s lepšími produkčnými vlastnosťami, čo vedie k efektívnejším a ziskovejším chovom hospodárskych zvierat.

2. Genomické informácie uľahčujú identifikáciu genetických faktorov súvisiacich s odolnosťou voči chorobám, so zlepšením imunity a niektorými negatívnymi vplyvmi prostredia. Šľachtením na tieto vlastnosti môžu chovatelia získať dobytok, ktorý je odolnejší voči bežným chorobám, čím sa znižuje potreba používania liečiv a veterinárnych zásahov. Zlepšenie odolnosti voči chorobám je priamo

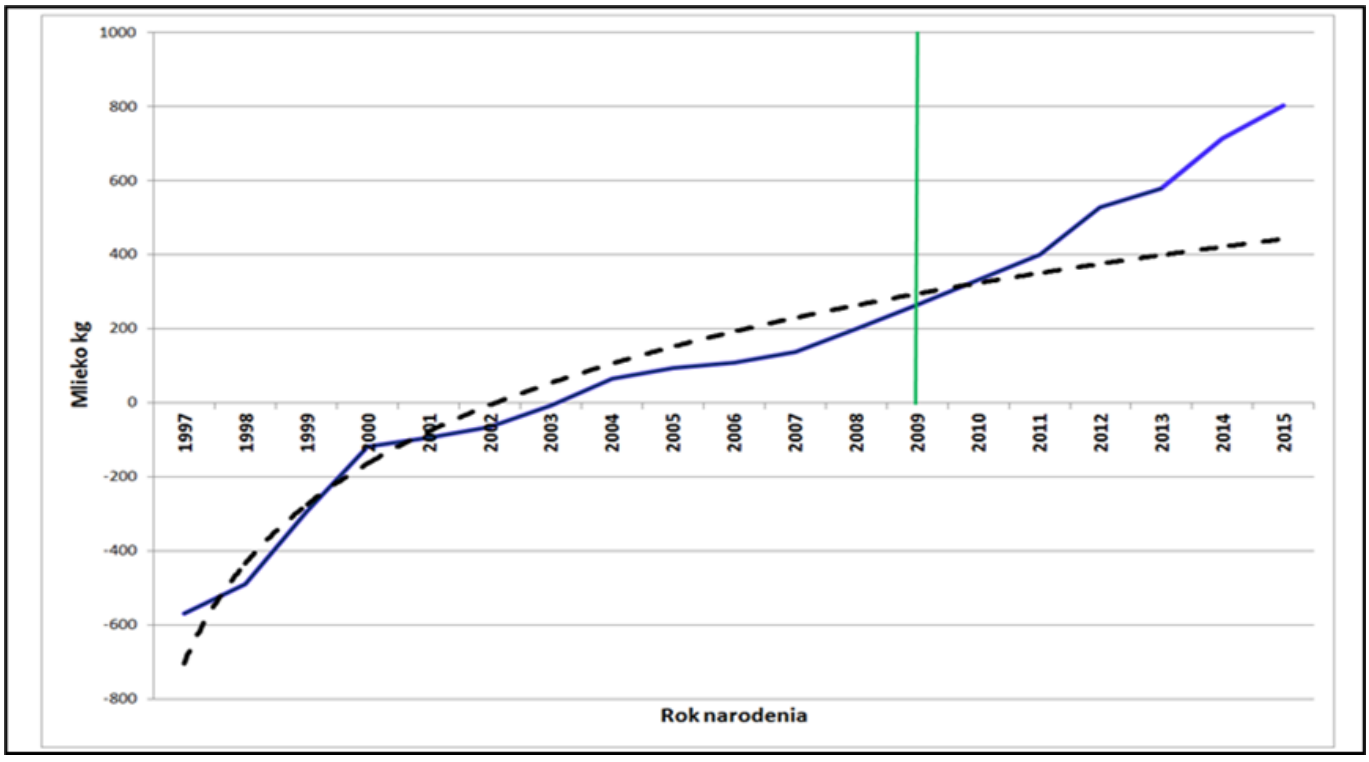
spájané so znížením nákladov na veterinárnu starostlivosť.

3. Genomika ďalej umožňuje tiež presnejšiu identifikáciu zvierat z pohľadu lepšej odolnosti voči environmentálnym negatívnym javom (teplo, chlad, nekvalitná výživa). Genomická selekcia prispieva k lepšiemu výberu zvierat, ktoré sú lepšie prispôsobené špecifickým podmienkam prostredia, čím sa zabezpečí ich stabilná pohoda a produktivita v náročnejších podmienkach. Podobne je možné samozrejme vybrať aj najvhodnejšie genotypy, naopak, pre mimoriadne kvalitné chovateľské a technologické prostredie, ktoré vie chovateľ garantovať.

4. Genomika tvorí tiež dôležitý prvok zachovania a ochrany živočíšnej genetickej diverzity. Genomické štúdie a praktické analýzy pomáhajú pri zachovávaní a udržiavaní genetickej rozmanitosti v rámci plemien a populácií hovädzieho dobytka. Správnym pochopením genetickej štruktúry rôznych plemien je možné zachovanie rôznorodých génových foriem, čo je rozhodujúce pre dlhodobú udržateľnosť a odolnosť jednotlivých populácií hovädzieho dobytka. Tento aspekt genomiky má obrovský význam pri zachovávaní ohrozených plemien hovädzieho dobytka resp. aj plemien ostatných druhov hospodárskych a domácich zvierat.

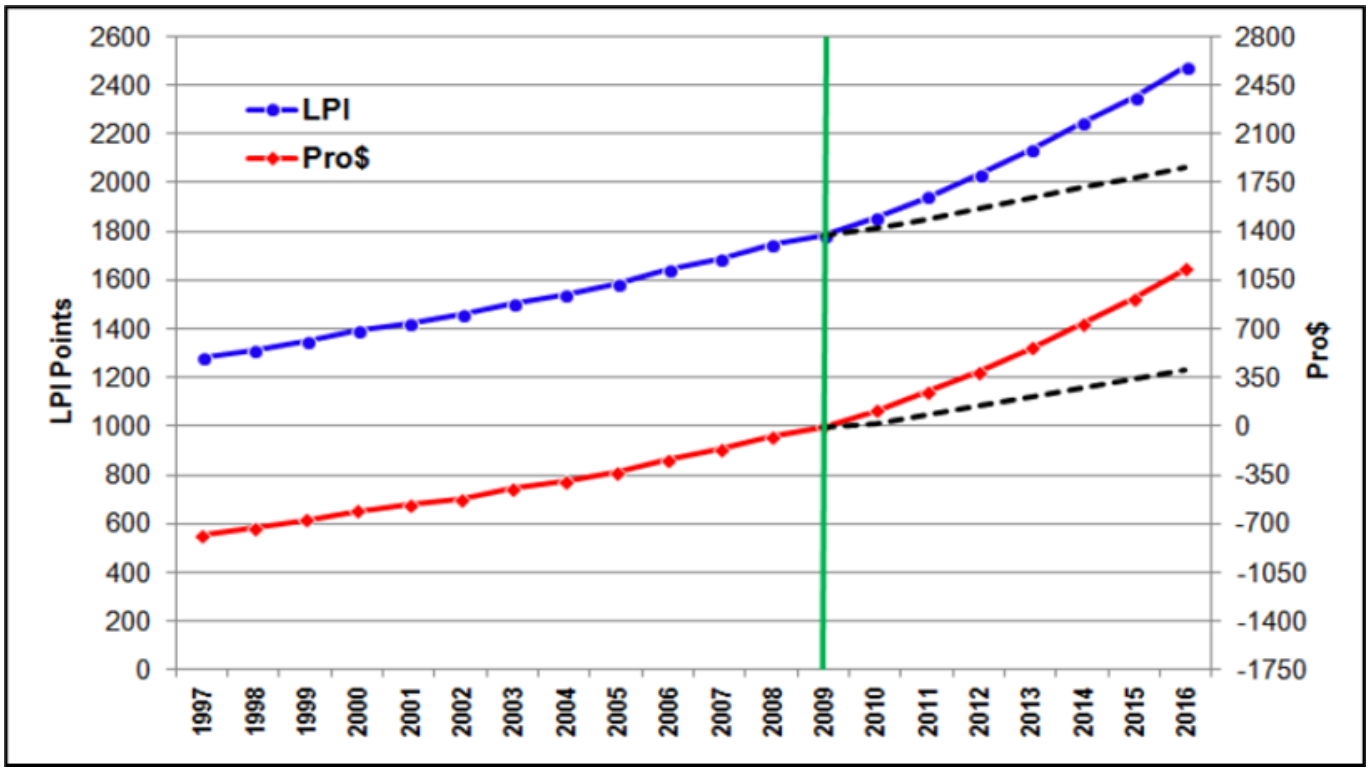
5. V spojitosti na výber zvierat so žiadúcimi vlastnosťami genomika umožňuje selektívne šľachtenie aj na iné požadované znaky a vlastnosti. Identifikovaním genetických markerov spojených s týmito znakmi môžu chovatelia prijímať správnejšie rozhodnutia o tom, ktoré zvieratá vybrať do chovu tak aby sa zvýšli genetický potenciál nasledujúcej generácie potomstva.

6. Genetická selekcia jednoznačne urýchľuje tempo genetického zlepšovania populácií hovädzieho dobytka (zvýšenie odhadovaného genetického zisku jednotlivých vlastností). Používaním genomických informácií v spojení s tradičnými metódami šľachtenia môžu chovatelia identifikovať a selektovať vynikajúce plemenné zvieratá v mladšom veku, čo umožňuje rýchlejší genetický pokrok v kratšom období (skracovanie generačného intervalu jednotlivých skupín zvierat). Skorá identifikácia geneticky kvalitných zvierat môže mať významný dopad na produkciu vo vlastnom chove (rozmnožovanie najkvalitnejších genotypov) a tak isto aj v oblasti komerčného predaja chovných zvierat.




**Obr.4** Vývoj genetickej kvality kráv holštajnského plemena pred a po zavedení genomiky

(Slovensko). *zdroj: Candrák, J. (2022)*

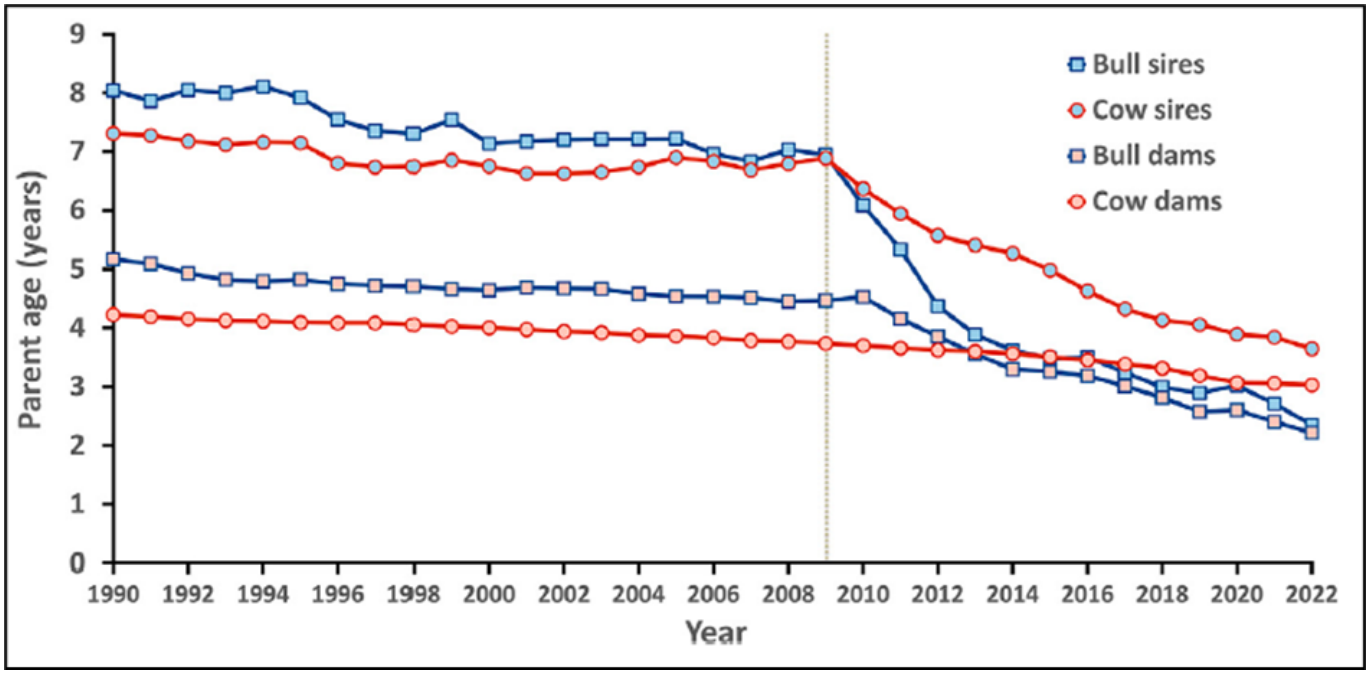



Obr.5 Vývoj genetickej kvality kráv holštajnského plemena pred a po zavedení genomiky (Kanada). zdroj: *https://www.cdn.ca (2017)*

V tabuľke 1 uvádzame realizované genetické zisky jednotlivých ukazovateľov v populácii holštajnského plemena v Kanade pred a po zavedení genomiky. Pri viacerých ukazovateľoch môžeme vidieť viac ako dvojnásobný nárast dosahovania priemerného genetického zisku za obdobie piatich rokov po zavedení genomických hodnotení v Kanade. Na obrázku 6 uvádzame skrátenie generačného intervalu po zavedení genomiky v USA.

**Tab.1** Realizovaný genetický zisk pred a po zavedení genomiky (Kanada). *zdroj: https://www.cdn.ca (2017)*

| Znak | Celkový realizovaný genetický zisk | |
|---|---|---|
| | PRED (2004-2009) | PO (2011-2016) |
| Mlieko kg | 355 | 603 |
| Tuk kg | 14.0 | 29.8 |
| Bielkoviny kg | 11.8 | 24.0 |
| Tuk % | 0.01 | 0.07 |
| Bielkoviny % | 0.00 | 0.04 |
| Typ (celkové hodnotenie) | 3.20 | 5.06 |
| Vemeno | 3.19 | 4.94 |
| Končatiny | 1.86 | 3.99 |
| Mliečna pevnosť | 1.78 | 2.63 |
| Panva | 1.34 | 1.05 |
| Dĺžka života | 1.12 | 3.36 |
| Skóre za somatické bunky | 0.04 | 0.12 |
| Rezistencia na mastitídy | 0.92 | 2.46 |
| Metabolické poruchy | 0.10 | 1.42 |
| Perzistencia | -0.22 | 1.41 |
| Plodnosť dcér | -0.72 | 1.06 |
| Dojiteľnosť | 0.06 | 0.51 |
| Temperament | -0.09 | 1.89 |
| Obtiažnosť pôrodov | 0.23 | 2.29 |




Obr.6 Prienerný generačný interval hoštajnského plemena v USA podľa pohlavia a rokov. *zdroj: Wiggans, G. R., & Carrillo, J. A. (2022)*

7. Genomika umožňuje využitie nových znakov a vlastností, ktoré sa začínajú používať v poslednom období v chovateľskz najvyspelejších krajinách a v chovoch hovädzieho dobytka. Ako príklad uvádzame využiteľnosť a účinnosť krmív, metabolická telesná hmotnosť,produkcia metánu, hodnotenie temperamentu s ohľadom na automatizované systémy dojenia v rámci chovateľov mliekových plemien, alebo lepšia adaptácia na konkrétne chovateľské prostredie.

8. Genomické hodnotenia resp. rozšírenie tradičných genetických hodnotení (odhad plemenných hodnôt) o genomické informácie zvyšujú spoľahlivosť jednotlivých plemenných hodnôt hlavne u mladých zvierat a u zvierat, ktoré sú preverované (v tradičných systémoch hodnotenia sú to zvieratá v teste).

## Záver

- genotypovanie zvierat na základe genomických testov spresňuje resp. potvrdzuje existujúce rodokmeňových informácie potomkov a ich predkov (spresnenie testov rodičovstva, zvýšenie integrity informácií potrebných pre rozhodovacie procesy),
- genomické testovanie zvierat umožňuje veľmi skorú identifikáciu geneticky najlepších zvierat v chove a tiež identifikáciu genetických abnormalít v konkrétnych stádach, čo umožňuje elimináciu nesprávnych rozhodnutí pri pripárovaní zvierat,
- možnosť presnejšieho zostavovania priparovacích plánov na základe vyššej úrovne genomickej spoľahlivosti genotypovaných mladých zvierat (jalovíc, býkov) oproti tradičnému (rodokmeňovému) priemeru rodičov,
- genomická selekcia umožňuje dosahovanie výrazne väčšieho genetického pokroku (zisku) na úrovni jednotlivých vlastností a selekčných indexov (význam na úrovni chovu a aj na úrovni celej populácie konkrétneho plemena),
- jednoznačné zvýšenie budúcej spoľahlivosti dôležitých rozhodnutí s pohľadu efektívnosti na úrovni chovu a na urovni celej populácie pomocou genomiky,
- zvyšovanie početnosti referenčnej populácie genotypovaných zvierat (očakávané ďalšie zvýšenie spoľahlivosti výsledkov v budúcnosti), prístup k väčšiemu počtu geneticky kvalitných a rozmanitých zvierat.

*Táto publikácia vznikla vďaka podpore v rámci Operačného programu Integrovaná infraštruktúra pre projekt: Tvorba nukleových stád dojníc s požiadavkou na vysoký zdravotný status cestou využitia genomickej selekcie, inovatívnych biotechnologických metód a optimálneho manažmentu chovu, NUKLEUS 313011V387, spolufinancovaný zo zdrojov Európskeho fondu regionálneho rozvoja.*

## Zoznam použitej literatúry

Behren, L. E., König, S., & May, K. (2023). Genomic Selection for Dairy Cattle Behaviour Considering Novel Traits in a Changing Technical Production Environment. *Genes*, *14*(10), 1933. https://doi.org/10.3390/genes14101933

Candrák, J. (2022). Genomická selekcia v praxi. Národný šampionát 5. – 6. mája 2022, ZCHSSD, Nestville park Hniezdne. *Odborná prednáška.*

Esrafili Taze Kand Mohammaddiyeh, M., Rafat, S. A., Shodja, J., Javanmard, A., & Esfandyari, H. (2023). Selective genotyping to implement genomic selection in beef cattle breeding. *Frontiers in Genetics*, *14*, 1083106. https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1083106

Gutierrez-Reinoso, M. A., Aponte, P. M., & Garcia-Herreros, M. (2021). Genomic Analysis, Progress and Future Perspectives in Dairy Cattle Selection: A Review. *Animals 2021, 11*, 599. *https://doi.org/10.3390/ani11030599*

Kasarda, R., Moravčíková, N., Olšanská, B., Mészáros, G., Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., ... & Candrák, J. (2021). The evaluation of genomic diversity and selection signals in the autochthonous Slovak Spotted cattle. *Czech Journal of Animal Science*, *66*(7), 251-261.

https://doi.org/10.17221/265/2020-CJAS

Häfliger, I. M., Seefried, F. R., Spengeler, M., & Drögemüller, C. (2021). Mining massive genomic data of two Swiss Braunvieh cattle populations reveals six novel candidate variants that impair reproductive success. *Genetics Selection Evolution*, *53*, 1-16. https://doi.org/10.1186/s12711-021-00686-3

Miller, S. (2022). Genomic selection in beef cattle creates additional opportunities for embryo technologies to meet industry needs. *Reproduction, Fertility and Development*. https://doi.org/10.1071/RD22233

Miluchová, M., Gábor, M., & Candrák, J. (2023). The Effect of the Genotypes of the CSN2 Gene on Test-Day Milk Yields in the Slovak Holstein Cow. *Agriculture*, *13*(1), 154. https://doi.org/10.3390/agriculture13010154

Mrode, R., Ojango, J. M. K., Okeyo, A. M., & Mwacharo, J. M. (2019). Genomic selection and use of molecular tools in breeding programs for indigenous and crossbred cattle in developing countries: Current status and future prospects. *Frontiers in genetics*, *9*, 694. https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00694

Nani, J. P., Bacheller, L. R., Cole, J. B., & VanRaden, P. M. (2020). Discovering ancestors and connecting relatives in large genomic databases. *Journal of Dairy Science*, *103*(2), 1729-1734. https://doi.org/10.3168/jds.2019-17580

Pryce, J. E., & Daetwyler, H. D. (2011). Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. *Animal Production Science*, *52*(3), 107-114. http://dx.doi.org/10.1071/AN11098

Weigel, K. A. (2017). Genomic selection of dairy cattle: a review of methods, strategies, and impact. *J Anim Breed Genet*, *1*(1), 1-15. https://doi.org/10.12972/jabng.20170001 Wiggans, G. R., & Carrillo, J. A. (2022). Genomic selection in United States dairy cattle. *Frontiers in Genetics*, *13*, 994466. https://doi.org/10.3389/fgene.2022.994466