

# ODHAD PLEMENNÝCH HODNOT PRO KLINICKOU MASTITIDU

*SOUHRNNÁ ZPRÁVA ZA ROK 2019*

*URČENÁ PRO CHOVATELE A ŠLECHTITELE DOJENÉHO SKOTU*

**L. ZAVADILOVÁ, E. KAŠNÁ, Z. KRUPOVÁ**

(oddělení genetiky a šlechtění hospodářských zvířat)

**VÝZKUMNÝ ÚSTAV ŽIVOČIŠNÉ VÝROBY V.V.I**

**Praha**

**2019**

*Zpráva byla vypracována v rámci řešení projektu NAZV QK1910320 (ve spolupráci s VÚVeLBrno, v.v.i. a ČMSCH, a.s.) a institucionální podpory MZe-R00718 financovaných MZe ČR.*

# OBSAH

Úvod.....	3
Cíl.....	3
Materiál a metodika .....	4
Použité soubory .....	4
Hodnocený znak .....	4
Metoda odhadu genetických parametrů a plemenných hodnot.....	6
Pevné efekty modelové rovnice.....	7
Náhodné efekty modelové rovnice.....	8
Výsledky.....	10
Koeficienty dědivosti .....	10
Odhadnuté genomické plemenné hodnoty a jejich spolehlivosti.....	11
Vztahy mezi výskytem klinické mastitidy a exteriérovými znaky .....	13
Závěr.....	16
Seznam použité literatury .....	16

## ÚVOD

V roce 2019 jsme se zabývali výzkumem odhadu plemenných hodnot pro odolnost vůči klinické mastitidě a jejího možného využití ve šlechtění u dojeného skotu. Jako hlavní zdroj údajů o nemocech jsme používali aplikaci Deník nemocí a léčení, dále jen „Deník“, pro sběr a uchovávání údajů o nemocech skotu včetně úkonů a ošetření, použitých léčiv a jejich spotřeby spuštěnou v roce 2018. V současné době slouží tato aplikace kromě jiného jako zdroj informací o výskytu klinické mastitidy a dalšímu využití těchto informací pro odhad genomických plemenných hodnot na odolnost vůči klinické mastitidě. Vzhledem k tomu, že jsme teprve na počátku sběru údajů o nemocech, potýká se celý postup zejména s nedokonalostmi databáze, které ovšem odstraní jen doba sběru a počet zapojených chovatelů.

## CÍL

Cílem této výzkumné práce bylo otestovat možnosti, které poskytuje současná databáze zdravotních znaků pro odhad genomické plemenné hodnoty na odolnost vůči klinické mastitidě.

# MATERIÁL A METODIKA

## POUŽITÉ SOUBORY

Během roku jsme provedli sadu na sebe navazujících odhadů plemenných hodnot pro klinickou mastitidu: březen, květen, srpen, říjen. Tyto odhady se lišily především počtem použitých údajů o fenotypech a dále počtem genotypovaných jedinců použitých při výpočtu. Základní informace o souborech jsou uvedeny v Tab. 1. Během roku byla postupně rozšiřována datová základna o informace o klinických mastitidách. Podstatným krokem bylo zařazení informací o výskytu klinické mastitidy od 1. 7. 2016 a do 30. 6. 2017. Tato data byla doplněna jen pro stáda, která pravidelně zadávala údaje o klinických mastitidách. Všechny soubory obsahující data z tohoto období jsou označeny +. V září byla také doplněna informace z období zaváděcího období Deníku tj. od 1. 7. 2017 a do 31. 7. 2018.

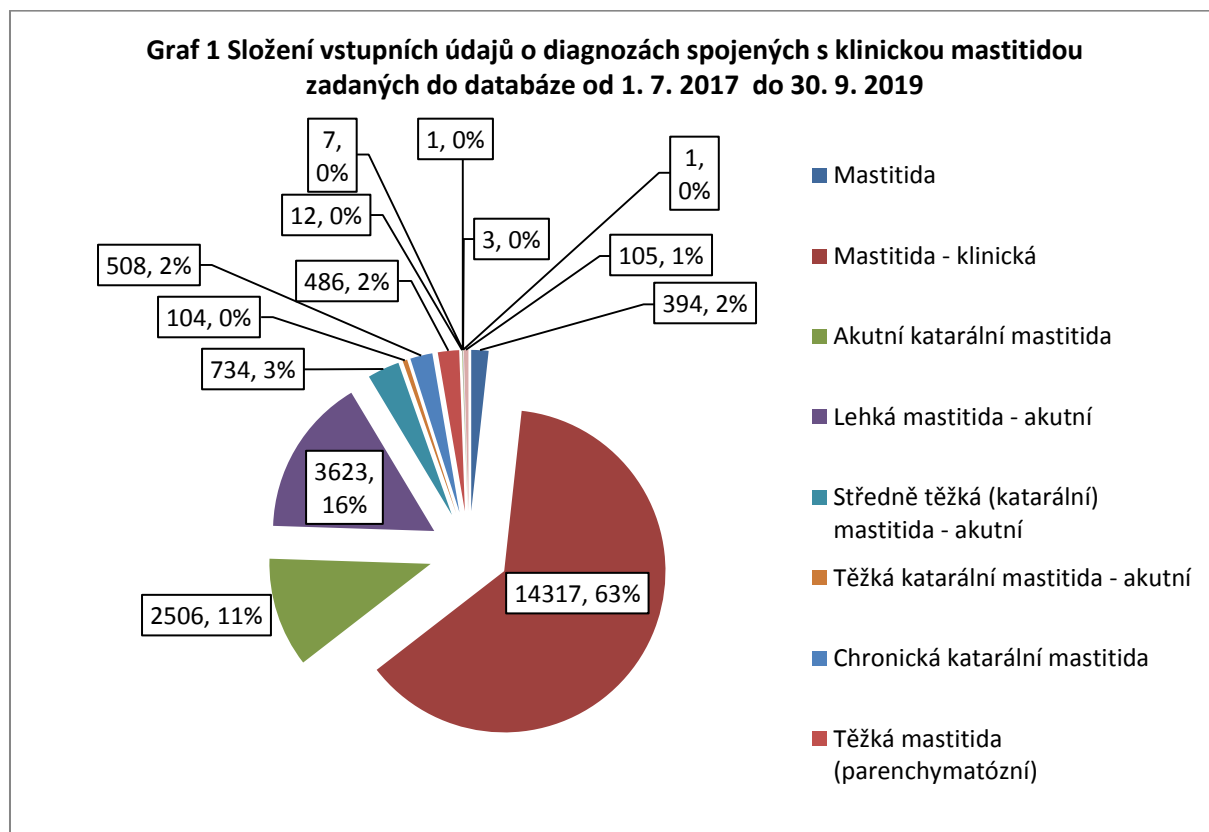
Z hlediska databáze je postatné, že dochází ke zpětnému doplňování údajů chovateli. Proto je potřeba načítat data z celého období používání databáze, aby se tato zpětně zadaná data podchytily. Mírně se mění i složení databáze ohledně výčtu zapojených chovatelů v měsících sledování. U chovatelů, kteří již nezadávají informace o nemocech, již informace nepřirůstá a naopak jiní se zapojují. Z toho důvodu se sestavuje datový soubor vždy znovu, se zapojení údajů z minulého souboru a doplňují se jen nové údaje a to tak, aby se do souboru nedostaly měsíce sledování ze stád, u nichž chovatel v daném měsíci neposkytl údaje o výskytu klinické mastitidy.

Tab. 1					
Počty pozorování (počet krav s užitkovostí, počet laktací, počet otců krav s užitkovostí, počet jedinců v rodokmenu, počet stád)					
	Počet				
Soubor	Krávy s užitkovostí	Laktace	Otci krav s užitkovostí	Rodokmen	Stáda
Březen	13 926	13 926	1083	54 721	37
Květen	18 633	22 179	1212	63 967	48
Květen +	29 505	49 044	1755	88 206	48
Srpen	24 064	30 457	1352	90 028	47
Srpen +	36 916	61 930	1777	128 782	48
Říjen +	41 769	74 491	1866	119 690	53
+ údaje o výskytu klinické mastitidy od 1. 7. 2016 a do 30. 6. 2017					

## HODNOCENÝ ZNAK

*Klinická mastitida* – je popsána jako zánět mléčné žlázy s viditelnými změnami sekretu (vločky, vodnatý sekret), s případnými klinickými příznaky zánětu na vemeni (zarudnutí, bolestivost, zvětšení a zvýšená teplota postižení čtvrti) nebo až celkovými klinickými příznaky u dojnice (horečka, nechutenství). Na základě stupně postižení jsou klinické mastitidy členěny na lehké (pouze změny mléka), středně těžké (zřetelné příznaky zánětu i na vemeni) a těžké (silný zánět mléčné žlázy s celkovými klinickými příznaky). Klinická mastitida se v průběhu laktace může několikrát opakovat, proto je důležité definovat, co je jeden případ, a jak dlouho trvá. Aktuálně je klinický zánět v každé čtvrti považován za samostatný případ, proto je při zadávání nutné

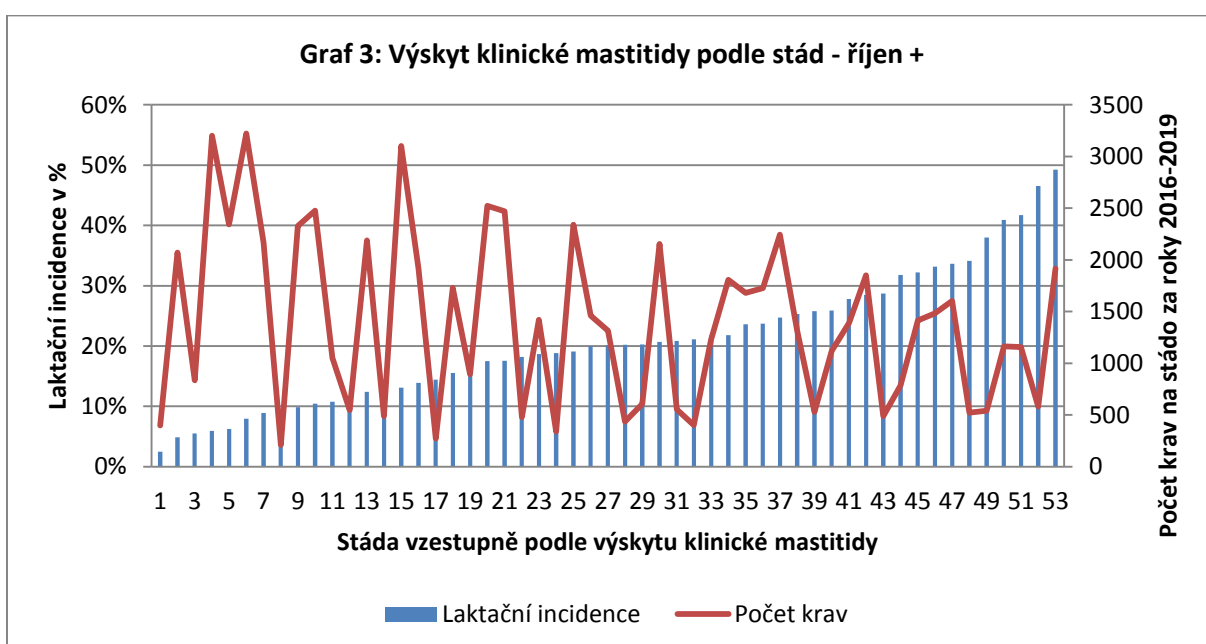
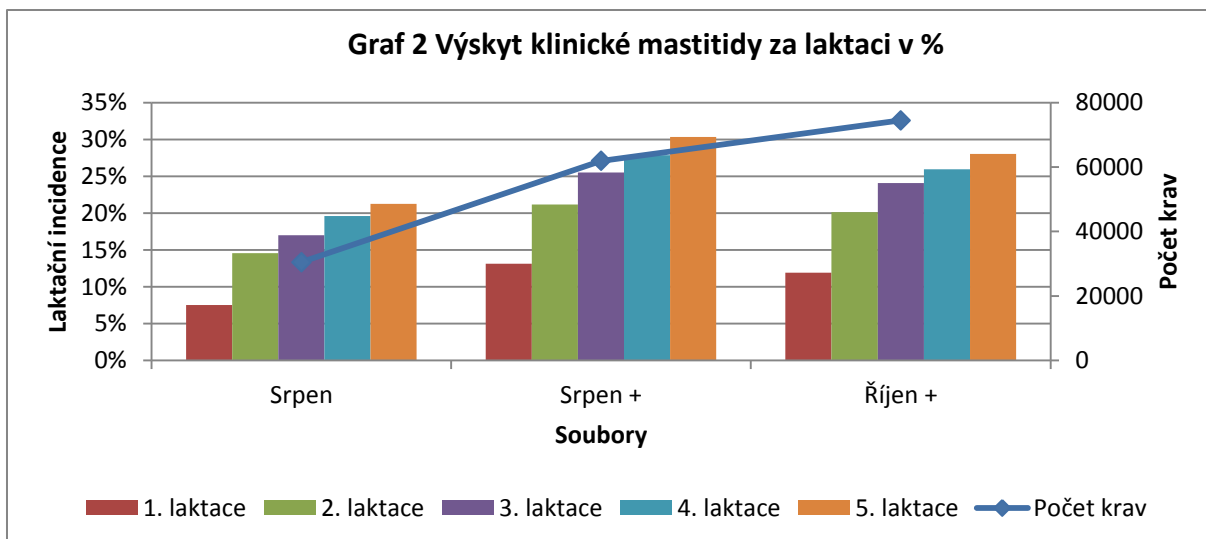
označit i postiženou čtvrt'. Za další případ se dále považuje postižení téže čtvrti, pokud od posledního záznamu klinické mastitidy ve stejné čtvrti uplynulo alespoň 14 dnů. Podrobnější popis diagnostiky a dělení mastitid v Deníku podali v Našem chovu Fleischer a kol. (2018).



Klinická mastitida je nejčastější nemocí vemene a zpravidla nejčastěji hlášenou nemocí vůbec. Její výskyt kolísá v závislosti na oblasti, plemeni, pořadí a fázi laktace v rozpětí 1,7-54,6 % postižených laktací se střední hodnotou (mediánem) výskytu 14,4 % (Kelton a kol., 1998). V novější studii uvedli Martin a kol. (2018) rozsah 10-26 %. Výskyt klinické mastitidy se uvádí v české populaci dojnic mezi 19-22 % postižených laktací.

V jednotlivých souborech našich analýz se laktační incidence měnila. Po doplnění souboru o data z části roků 2016 a 2017 došlo ke zvýšení laktační incidence jak je vidno z grafu 2, kde jsou uvedeny laktační incidence (LIR). Můžeme předpokládat, že vzhledem k nárůstu údajů a především k podchycení více celých laktací je tento odhad bližší výskytu v celé populaci holštýnského skotu. Přesto je nutné si uvědomit, že není podchycena celá populace a také není jednotný přístup k zaznamenávání výskytu diagnózy klinické mastitidy ve všech stádech.

Jak je zřejmé z grafu 3, výskyt klinické mastitidy podle stád, vyjádřený jako laktační incidence, se výrazně liší mezi stády. Je zřejmé, že hodnota LIR nezávisí na velikosti stád, počtu podchycených laktací, ale je zjevně dána i managementem chovu. Dané hodnoty jsou souhrnem přes měsíce, kdy o stádu byl zaznamenáván výskyt nemoci, klinické mastitidy.



## METODA ODHADU GENETICKÝCH PARAMETRŮ A PLEMENNÝCH HODNOT

*Metoda použitá pro vlastní odhad* byla jednoznakový lineární animal model s pevnými efekty stáda, roku, období otelení a pořadí laktace včetně věku při otelení a náhodných efektů jedince a trvalého prostředí jedince. Pro odhad genomických hodnot byla použita metoda jednokrokového odhadu (ssGBLUP), která zahrnuje veškeré informace: výskyt nemocí, informace o pevných i náhodných efektech, příbuznost rodokmenovou i genomickou.

*Definice klinické mastitidy jako znaku zdraví* pro odhad plemenné hodnoty byla dána výskytem nemoci za laktaci. Výskyt odpovídacích diagnóz byl hodnocen do 305. dne laktace. Výsledná závislá proměnná byla 0 pro zdravé zvíře a 1 pro zvíře, u něhož se alespoň jednou za dané období vyskytla konkrétní diagnóza. Pro odhad plemenné hodnoty vycházíme z prvního výskytu klinické mastitidy u každého nového onemocnění v dané laktaci u dojnice.

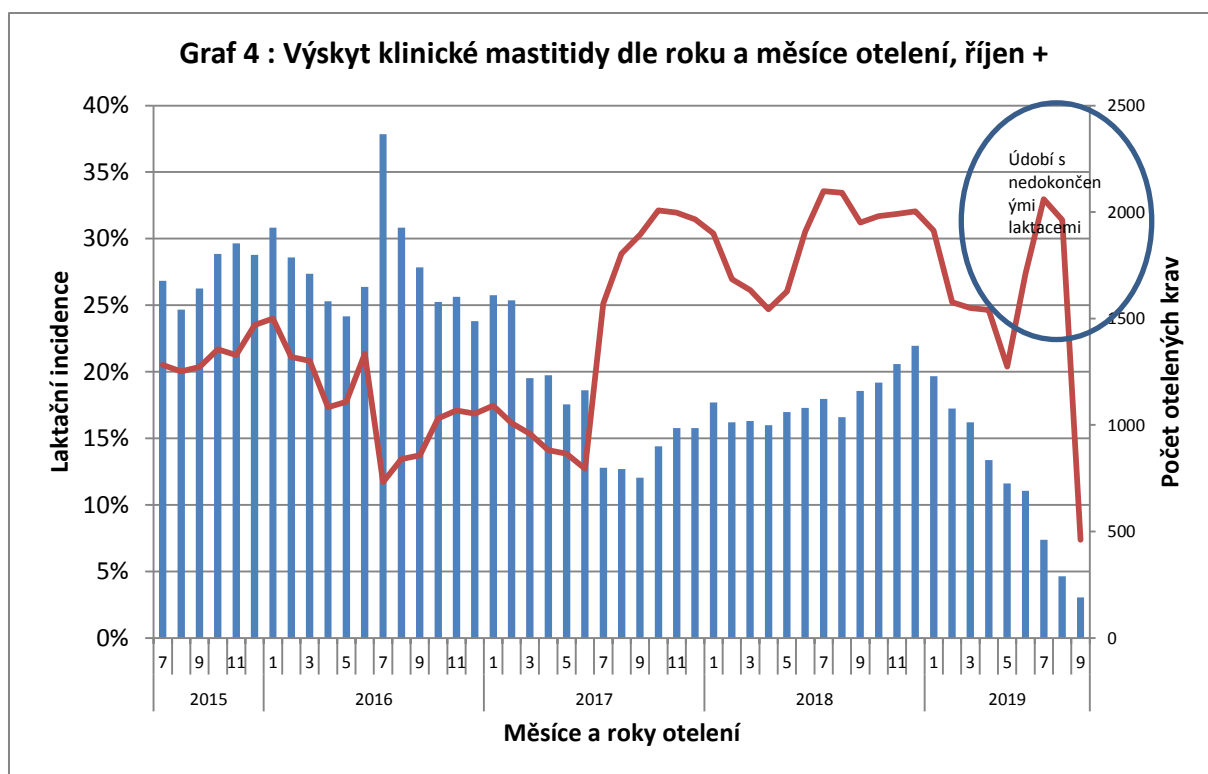
## *PEVNÉ EFEKTY MODELOVÉ ROVNICE*

*STÁDO* slouží pro vytvoření skupin vrstevnic, popisuje specifické prostředí, ve kterém dojnice prokazují svoji náchylnost k nemocem. Vytváří se podle jmenovky chovu. Mezi stády zjišťujeme významné rozdíly ve výskytu nemocí. Dalším podstatným důvodem pro zařazení stád jsou vedle rozdílů v ustájení a velikosti stád i rozdíly v managementu stáda. I když u klinických mastitid předpokládáme, že se významně neliší zaznamenávání výskytu této diagnózy a stejně i přístupy k léčení krav nemocných klinickou mastitidou, přesto závisí velmi počet nalezených a nahlášených nemocí u dojnic na přístupu chovatele. Pro zpřesnění odhadu plemenných hodnot pro nemoci by bylo vhodné rozdíly mezi stády snížit a sjednotit chovatele v přístupu zaznamenávání diagnóz a vyhledávání nemocných zvířat.

*POŘADÍ LAKTACE* 1. až 4. laktace jsou samostatně a pořadí laktace od 5. včetně a výše tvoří jednu skupinu. V současné době po jednom roce sledování nebylo dosaženo optimálního stavu, kdy by u všech krav byl sledován výskyt nemoci od první k následujícím laktacím. Některé krávy tak přispívají informacemi jen o pozdějších laktacích. Další nedokonalost údajů je v tom, že některé laktace nejsou sledovány od počátku. Tyto nedostatky dosavadní databáze budou překonány až po delší době sběru údajů o nemocech dojnic.

*ROK A MĚSÍC OTELENÍ* je vztažen k sezónním vlivům na zdraví dojnic. Pro soubor říjen + byly podchyceny laktace počínající otelením od července roku 2015 až do září roku 2019.

Podle grafu 4 je zřejmé, že v polovině roku 2017 došlo ke změně způsobu sběru údajů. Od tohoto data začíná opět stoupat laktační incidence klinické mastitidy a je zřejmé, že vzhledem k zachycení jen části stád a změně způsobu zaznamenávání diagnóz došlo k ovlivnění i laktační incidence, zejména u krav otelených od poloviny roku 2017. U části těchto laktací byla sledována jen část, a to vytváří dojem nižšího výskytu klinické mastitidy. Stejný jev je možno sledovat u laktací zahájených v roce 2019.



#### NÁHODNÉ EFEKTY MODELOVÉ ROVNICE

**TRVALÝ EFEKT PROSTŘEDÍ KRÁVY** zohledňuje to, že dojnice byla sledována na více laktacích. Vzhledem k tomu, že databáze Deníku nemocí, co se sběru údajů o diagnózách týká, má počátek v srpnu 2018, je sledování více než jedné laktace na krávu omezeno. Jak je zřejmé z Tab.2 doplnění souborů o předcházející údaje z let 2016 a 2017 soubory podstatně rozšířilo. Je tak možné zohlednit opakující se výskyt nemoci u jedné dojnice.

Tab. 2. Počty laktací podle pořadí laktace v jednotlivých souborech

pořadí laktace	Soubory				
	říjen +	srpen +	srpen	květen	březen
1	19376	19448	17672	15087	12813
2	13940	11129	6391	3546	2368
3	6621	5135	1	0	0
4	1788	1201	0	0	0
5	44	3	0	0	0



*ADITIVNĚ GENETICKÝ EFEKT JEDINCE*, který je odhadem plemenné hodnoty jedince a je spojen s rodokmenem. V případě genomické plemenné hodnoty je k rodokmenu připojena i genomická informace. Rodokmen je tvořen na základě 5 generací předků. Genotypovaná zvířata jsou přiřazena do rodokmenu výběrem podle příbuznosti. Soubory pro odhad plemenných hodnot znaků zdraví jsou poměrně malé a zařazení všech genotypovaných zvířat tj. i těch jen vzdáleně příbuzných či nepříbuzných, výpočet zatěžuje a nepřináší žádné zlepšení. V Tab. 3 jsou uvedeny počty genotypovaných jedinců použitých při odhadu. Od srpna jsou zařazovány i jalovice, dcery bez užitkovosti.

Tab. 3 Počty genotypovaných jedinců						
Znak	Soubory					
	Březen	Květen	Květen +	Srpen	Srpen +	Říjen +
Celkem genotypovaných zvířat	4 268	2 673	2 452	6 468	6 675	8 641
Počty genotypovaných býků	2 371	2 259	2 039	2 647	2 631	2 706
Počty genotypovaných býků, otců krav s užitkovostí	822	889	1 447	991	1 281	1 866
Počty genotypovaných krav a jalovic	1 897	414	413	3 952	4 044	5 093
Počty genotypovaných krav s užitkovostí	389	274	24	677	673	1 182

**Plemeno** Výpočet se provádí pouze u holštýnského plemene. Použijí se informace jen o zvířatech, které mají 75 % a vyšší podíl holštýnského plemene. H100 tvoří 96 % hodnocených dojnic.

## VÝSLEDKY

### KOEFICIENTY DĚDIVOSTI

**Koeficienty dědivosti** byly nízké, obvykle do 5%, viz Tab 4. Přesto jsou to hodnoty, které odpovídají hodnotám obvykle uváděným.

Tab. 4 Odhady rozptylů a koeficientu dědivosti pro klinickou mastitidu pro soubory						
	Březen	Květen	Květen +	Srpen	Srpen +	Říjen +
Aditivní rozptyl	0,0038	0,0033	0,0051	0,0018	0,0038	0,0052
Rozptyl trvalého prostředí		0,0024	0,0055	0,0025	0,0055	0,0040
Reziduální rozptyl	0,1166	0,1088	0,1339	0,1012	0,1331	0,1282
Celkem	0,1203	0,1145	0,1444	0,1056	0,1423	0,1374
Koeficient dědivosti	3,12%	2,85%	3,51%	1,74%	2,64%	3,77%
+Zdroj dat: Deník + předchozí sběr údajů z let 2016 a 2017						

Dalším krokem bylo otestovat složení modelové rovnice. Pro další výzkum bude třeba vyhodnotit použití náhodného efektu roku a stáda otelení viz Tab 5. Za účelem dosažení lepšího podchycení rozptylů a efektů prostředí budeme především kombinovat dosavadní efekty, abychom dosáhli zvýšení přesnosti odhadu.

V Tab. 5 došlo k navýšení rozptylu trvalého prostředí a snížení aditivního a reziduálního rozptylu, když byl vytvořen spojený efekt stáda a roku otelení a samostatný efekt období otelení místo původního samostatného efektu stáda a spojeného efektu rok a měsíce otelení. Pokud byl efekt stáda a roku náhodný, změnil se nepatrně jen rozptyl trvalého prostředí a reziduální rozptyl. Vlivem dalšího náhodného efektu a jeho rozptylu se zvýšila celková hodnota rozptylu a tudíž se snížila heritability znaku.

Tab 5. Odhady rozptylů a koeficientu dědivosti pro znaky klinickou mastitidu, různé modely, říjen +				
	I	II	III	IV
Aditivní rozptyl	0,0052	0,0051	0,0040	0,0040
Rozptyl stáda a roku				0,0106
Rozptyl trvalého prostředí	0,0040	0,0039	0,0062	0,0064
Reziduální rozptyl	0,1282	0,1281	0,1219	0,1211
Celkem	0,1374	0,1372	0,1321	0,1420
Koeficient dědivosti	3,77%	3,73%	3,01%	2,80%
+Zdroj dat: Deník + předchozí sběr údajů z let 2016 a 2017				
I modelová rovnice Pevné efekty: Pořadí laktace, stádo, rok a měsíc otelení Náhodné efekty: Trvalé prostředí jedince, aditivní efekt jedince, reziduum				
II modelová rovnice Pevné efekty: Pořadí laktace*trída věku při otelení, stádo, rok a měsíc otelení Náhodné efekty: Trvalé prostředí jedince, aditivní efekt jedince, reziduum				
III modelová rovnice Pevné efekty: Pořadí laktace, Stádo x rok otelení, období otelení Náhodné efekty: Stádo x rok telení, trvalé prostředí jedince, aditivní efekt jedince, reziduum				
IV modelová rovnice Pevné efekty: Pořadí laktace, období otelení Náhodné efekty: Stádo x rok telení, trvalé prostředí jedince, aditivní efekt jedince, reziduum				

### *ODHADNUTÉ GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY A JEJICH SPOLEHLIVOSTI*

Hodnoty relativních genomických plemenných hodnot a jejich spolehlivostí pro genotypované býky i krávy a pro krávy s užitkovostí jsou uvedeny v Tab. 6. Odpovídající počty jsou uvedeny v Tab. 1 a 3. Průměrné hodnoty relativních genomických plemenných hodnot genotypovaných zvířat, býků i krav, případně krav s užitkovostí, nedosahovaly v průměru 100%, tj. průměr všech býků za rok 2010, ke kterým se vztahuje relativní plemenná hodnota pro každou z hodnocených vlastností. Porovnáme-li jednotlivé výpočty, je zřejmé, že se liší ve spolehlivostech plemenných hodnot, viz Tab. 6., ale nepozorujeme nárůst průměru úměrný zvětšování datových či rodokmenových souborů.

Genomické plemenné hodnoty pro klinickou mastitidu a jejich spolehlivosti pro genotypované otce s minimálním počtem 10 dcer v datovém souboru jsou uvedeny v Tab. 7. Genomické plemenné hodnoty jsou blízké 100 a jejich spolehlivosti rostou od březnového k srpnovému výpočtu +, s poklesem pro květnový a srpnový výpočet bez údajů z roku 2016 a 2017.

Dále jsou uvedeny v Tab. 8 hodnoty korelací mezi plemennými hodnotami pro klinickou mastitidu a pro jejich spolehlivosti pro vybrané genotypované otce. Je zřejmé, že zejména mezi spolehlivostmi z různých výpočtů jsou vysoké korelace, hodnoty genomických plemenných

hodnot již tak dalece korelovány nejsou, především mezi vzdálenějšími výpočty. Změnu odhadu genomické plemenné hodnoty můžeme přičíst zejména nárůstu fenotypových informací, Odhady plemenných hodnot úspěšně rozlišily genotypované býky, jak je zřejmé i podle fenotypu jejich potomstva viz Tab. 9. Dcery býků s vysokými GRPH vykazovaly menší výskyt klinické mastitidy, naopak dcery býků s nízkými GRPH měly vysoký výskyt klinické mastitidy.

Tab. 6 Průměrné hodnoty relativních genomických plemenných hodnot (GRPH) a jejich spolehlivostí , minimum a maximum v závorce					
Znak	Výpočty				
	Březen	Květen	Srpen	Srpen +	Říjen +
Genotypovaní býci – GRPH	99,36 (43-156)	97,45 (29-150)	94,78 (37-155)	96,09 (41-142)	97,47 (41-156)
Genotypovaní býci - spolehlivost	19,97 (5-70)	14,29 (5-73)	7,53 (5-66)	20,71 (5-86)	22,63 (0-87)
Genotypované krávy – GRPH	93,51 (25-146)	98,21 (46-127)	95,7 (59-132)	94,07 (-9-163)	96,8 (58-136)
Genotypované krávy - spolehlivost	23,48 (4-44)	13,76 (0-36)	6,52 (0-24)	17 (0-48)	15 (2-43)
Krávy s užitkovostí – GRPH	96,77 (-45 – 146)	97,61 (47-136)	94,99 (43-168)	96,6 (-10 – 141)	97,7 (47-144)
Krávy s užitkovostí- spolehlivost	24,60 (0-37)	15,87 (0-28)	10,54 (0-24)	20,73 (0-41)	22,7 (0-43)
* Zdroj dat: Deník + předchozí sběr údajů z let 2016 a 2017					

Tab. 7 Genomické relativní plemenné hodnoty pro klinickou mastitidu a jejich spolehlivosti pro genotypované otce s minimálním počtem 10 dcer v datovém souboru					
Výpočet	Počet	Průměr	SD	Minimum	Maximum
Spolehlivost genomických plemenných hodnot (%)					
březen	499	33,93	10,536	10,11	70,75
květen	498	29,62	12,847	3,77	73,26
srpen	504	22,61	11,856	0,50	66,59
srpen+	508	45,54	14,978	9,29	86,50
Genomické relativní plemenné hodnoty (%)					
březen	500	99,32	15,666	43,45	156,05
květen	500	99,22	15,811	29,78	150,54
srpen	507	97,28	15,660	37,04	155,63
srpen+	509	97,64	15,504	41,83	142,27

Tab. 8 Korelace mezi plemennými hodnotami pro klinickou mastitidu (pod diagonálou) a pro jejich spolehlivosti (nad diagonálou) pro genotypované otce s minimálním počtem 10 dcer v datovém souboru

výpočet	březen	květen	srpen	srpen +
Březen (hodnota, počet)		0,95 495	0,95 497	0,80 499
květen (hodnota, počet)	0,71 497		0,97 497	0,86 498
srpen (hodnota, počet)	0,71 500	0,84 500		0,87 504
srpen + (hodnota, počet)	0,43 500	0,53 498	0,61 504	

Tab. 9 Výskyt nemocí u krav pro skupiny 10% nejlepších býků podle genomické plemenné hodnoty (GRPH) a 10% nejhorších býků, otců krav s informací o zdraví a nemoci (počet diagnóz/počet krav s diagnózou/průměr na krávu), soubor květen

Počet diagnóz	Klinická mastitida
10 % nejlepších otců dle GEPH	723/415/1,74
10 % nejhorších otců dle GEPH	1920/894/2,24

#### VZTAHY MEZI VÝSKYTEM KLINICKÉ MASTITIDY A EXTERIÉROVÝMI ZNAKY

Na základě souboru 13 775 krav holštýnského plemene, o nichž byly informace o exteriéru a výskytu klinické mastitidy v 33 809 laktacích, jsme provedli analýzu genetických vztahů mezi těmito znaky. Vyhodnoceny byly znaky výskyt klinické mastitidy jako počet případů za prvních 30dnů laktace a za celou laktaci (305 dnů) a lineárního popisu. Prvotní analýza fenotypových korelací ukázala především znaky lineárního popisu vemene jako je hloubka vemene, přední upnutí vemene, výška zadního upnutí vemene, šířka zadního upnutí vemene, závěsný vaz, souhrnnou charakteristiku vemeno a kondici. Byl vytvořen rodokmenový soubor, který zahrnoval 30 704 jedinců, Vlastní analýza byla provedena víceznakovým lineárním modelem, který zahrnoval pro znaky výskytu klinické mastitida pevné efekty stáda, kombinovaný efekt roku a měsíce otelení, pořadí laktace a náhodný efekt jedince a trvalého prostředí krávy, Pro exteriérové znaky se jednalo o pevný efekt stáda a dne hodnocení, klasifikátora, pevné kvadratické regrese na dny laktace při hodnocení a na věk při otelení, Náhodným efektem byl efekt jedince.

Jak je zřejmé z Tab. 10 – 13, počty případů klinické mastitidy za 30 i za 305 dnů laktace jsou geneticky záporně korelovány jak s celkovým hodnocením vemene (-0,30, -0,39), tak s kondicí (- 0,23, -0,21), Znamená to, že horší hodnocení vemene se pojí s vyšším genetickým založením pro výskyt klinické mastitidy, což ospravedlňuje použití celkového hodnocení vemene jako znak použitelný pro šlechtění na zvýšení odolnosti vůči mastitidám. Stejně tak to platí pro kondici,

kdy vyšší hodnocení tj., lepší kondice krávy, je spojena s genetickým předpokladem pro nižší výskyt klinických mastitid. Další silnější genetické korelace byly nalezeny pro hloubku vemene, přední upnutí vemene, šířku zadního upnutí vemene a závěsný vaz. Pro vlastní využití těchto exteriérových znaků to znamená, že jako pomocný ukazatel pro nepřímé šlechtění na snížení výskytu klinické mastitidy je třeba vybírat jedince s plemennou hodnotou pro méně hluboké vemeno, výrazný závěsný vaz, pevně upnuté vemeno a široké vemeno.

Tab. 10 Genetické korelace pro počet případů klinické mastitidy za 30 dnů laktace s exteriérovými znaky vemene

	Hloubka vemene	Přední upnutí vemene	Výška Zadního upnutí vemene	Šířka vemene	Závěsný vaz	Vemeno, souhrnná charakteristika
Přední upnutí vemene	0,75					
Výška zadního upnutí vemene	0,39	0,46				
Šířka zadního upnutí vemene	-0,09	0,09	0,62			
Závěsný vaz	0,36	0,24	0,29	0,06		
Vemeno, souhrnná charakteristika	0,80	0,83	0,69	0,34	0,55	
Počet případů klinické mastitidy za 30 dnů laktace	-0,35	-0,24	0,02	0,25	-0,24	-0,30

Tab. 11 Genetické korelace počet případů klinické mastitidy za 30 dnů laktace s exteriérovými znaky vemene včetně kondice

	Hloubka vemene	Přední upnutí vemene	Výška zadního upnutí vemene	Šířka vemene	Závěsný vaz	Kondice
Přední upnutí vemene	0,75					
Výška zadního upnutí vemene	0,38	0,46				
Šířka zadního upnutí vemene	-0,08	0,10	0,65			
Závěsný vaz	0,36	0,25	0,27	0,09		
Kondice	-0,09	0,17	-0,41	-0,37	-0,04	
Počet případů klinické mastitidy za 30 dnů laktace	-0,35	-0,23	0,02	0,24	-0,25	-0,23

Tab. 12 Genetické korelace počet případů klinické mastitidy za 305 dnů laktace s exteriérovými znaky vemene včetně kondice

	Hloubka vemene	Přední upnutí vemene	Výška zadního upnutí vemene	Šířka zadního upnutí vemene	Závěsný vaz	Kondice
Přední upnutí vemene	0,80					
Výška zadního upnutí vemene	0,44	0,49				
Šířka zadního upnutí vemene	-0,06	0,11	0,67			
Závěsný vaz	0,41	0,28	0,32	0,10		
Kondice	-0,04	0,24	-0,36	-0,35	-0,03	
Počet případů klinické mastitidy za 305 dnů laktace	-0,30	-0,24	0,05	0,32	-0,12	-0,21

Tab. 13 Genetické korelace počet případů klinické mastitidy za 305 dnů laktace s exteriérovými znaky vemene

	Hloubka vemene	Přední upnutí vemene	Výška zadního upnutí vemene	Šířka zadního upnutí vemene	Závěsný vaz	Vemeno, souhrnná charakteristika
Hloubka vemene						
Přední upnutí vemene	0,80					
Výška zadního upnutí vemene	0,44	0,49				
Šířka zadního upnutí vemene	-0,06	0,11	0,65			
Závěsný vaz	0,41	0,27	0,32	0,07		
Vemeno, , souhrnná charakteristika	0,86	0,85	0,71	0,32	0,57	
Počet případů klinické mastitidy za 305 dnů laktace	-0,41	-0,34	-0,05	0,26	-0,31	-0,39

## ZÁVĚR

Závěrem chceme zdůraznit, že přes nízké spolehlivosti odhadů genomických plemenných hodnot pro klinické mastitidy uvedené výsledky ukazují, že v ČR jsou položena základy šlechtění pro odolnost dojeného skotu vůči klinické mastitidě.

V roce 2020 se chceme dále soustředit na další zdokonalení modelu změnou modelové rovnice a využitím víceznakového odhadu.

## SEZNAM POUŽITÉ LITERATURY

Fleischer, P., Pechová, A., Staněk, S., a kol.. 2018. Elektronická evidence klinických mastitid a možnosti jejího využití. *Náš chov*, 9:40-45.

Martin P., Barkema H.W., Brito L. F., a kol., 2018. Novel strategies to genetically improve mastitis resistance in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 101: 2724–2736.