

Ludmila Zavadilová
Eva Kašná
Zuzana Krupová

ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT NA ZVÝŠENÍ ODOLNOSTI VŮČI KLINICKÉ MASTITIDĚ U HOLŠTÝNSKÉHO SKOTU



ISBN: 978-80-7403-250-9

Česká plemenářská inspekce

Slezská 100/7, Praha 2, 120 00

v y d á v á

OSVĚDČENÍ

5085/2021-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:

Odhad genomických plemenných hodnot na zvýšení odolnosti vůči klinické mastitidě u holštýnského skotu

Autoři: Ing. Ludmila Zavadilová, CSc., Ing. Eva Kašná, PhD., Ing. Zuzana Krupová, PhD.

Název organizace/cí: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i., Přátelství 815, 104 00 Praha Uhřetěves

Místo vydání: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

Rok vydání: **2021**

Metodika byla vypracována v rámci výzkumného projektu/podpory na rozvoj výzkumné organizace v rámci řešení projektu QK1910320 „Výzkum postupů šlechtění dojeného skotu s cílem zvýšit odolnost k nemocem využitím genomických plemenných hodnot, rozvoje systému sběru zdravotních dat a cílené genotypizace skotu“ NAZV Ministerstva zemědělství ČR.

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy:

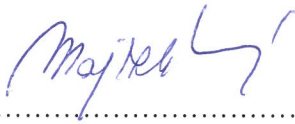
Ing. Zdenka Majzlíková

Funkce zástupce odborného útvaru státní správy:

ředitelka


V Praze dne 12. 7.2021

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 19. 7. 2021


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



Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT NA ZVÝŠENÍ ODOLNOSTI VŮČI KLINICKÉ MASTITIDĚ U HOLŠTÝNSKÉHO SKOTU

Autoři

Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. (50 %)

Ing. Eva Kašná, Ph.D. (40 %)

Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (10 %)

Oponenti

Ing. Zdenka Majzlíková

Česká plemenářská inspekce, Praha

doc. Ing. Karel Mach, CSc.

emeritní docent

Katedra genetiky a šlechtění

Česká zemědělská univerzita v Praze

**Metodika byla vypracována v rámci řešení
projektu QK1910320**

**„Výzkum postupů šlechtění dojeného skotu s cílem zvýšit odolnost k nemocem
využitím genomických plemenných hodnot,
rozvoje systému sběru zdravotních dat a cílené genotypizace skotu“
Národní agentury pro zemědělský výzkum Ministerstva zemědělství ČR**

Předkladatel: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

se sídlem Přátelství 815, 104 00 Praha Uhřetěves

zastoupený doc. Ing. Petrem Homolkou, CSc., Ph.D., ředitelem

Tel.: 267 009 511 (ústředna)

Fax: + 420 267 710 779

www: <http://www.vuzv.cz>

e-mail: vuzv@vuzv.cz

Zástupcem autorského týmu je Ing. Ludmila Zavadilová, CSc.

OBSAH

1	Cíl metodiky	5
2	Vlastní popis metodiky	5
2.1	METODA ODHADU.....	5
2.2	MODELOVÁ ROVNICE	5
2.3	GENETICKÉ PARAMETRY.....	10
2.4	VARIANČNĚ-KOVARIANČNÍ MATICE.....	10
2.5	GENOMICKÁ MATICE	11
2.6	VLASTNÍ VÝPOČET A POUŽITÝ VÝPOČETNÍ SOFTWARE.....	11
2.7	GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY NA ODOLNOST VŮČI KLINICKÉ MASTITIDĚ.....	11
2.8	ZPRACOVÁNÍ VÝSLEDKŮ.....	12
3	Srovnání „novosti postupů“	14
4	Popis uplatnění Certifikované metodiky	15
5	Ekonomické aspekty.....	15
6	Seznam použité literatury	15
7	Seznam publikací, které předcházely metodice.....	17
7.1	Certifikované metodiky	17
7.2	Vědecké publikace	17
7.3	Příspěvky na konferencích.....	17
7.4	Odborné články.....	18
8	PŘÍLOHA ODHAD GENETICKÝCH PARAMETRŮ.....	19
9	PŘÍLOHA GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY	24
9.1	POPIS POUŽITÉHO SOUBORU.....	24
9.2	POPIS METODY VÝPOČTU	25
9.3	ODHADY GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT	26
9.4	ODHADY SPOLEHLIVOSTÍ GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT	28
9.5	ROZDÍLY VE FENOTYPECH PRO DCERY BÝKŮ.....	33
10	PŘÍLOHA Parametrické soubory pro programový balík BLUPF90.....	35
10.1	ZNAK KLINICKÁ MASTITIDA - JEDNOZNAKOVÝ MODEL	35
10.2	ZNAK KLINICKÁ MASTITIDA - VÍCEZNAKOVÝ MODEL	39
11	PŘÍLOHA DATABAZOVÉ SOUBORY	43
11.1	DATOVÝ SOUBOR PRO VÍCEZNAKOVÝ MODEL	43
11.2	DATOVÝ SOUBOR PRO JEDNOZNAKOVÝ MODEL	44
11.3	RODOKMENOVÝ SOUBOR	45
11.4	SOUBOR GENOMICKÝCH ÚDAJŮ	46
12	PŘÍLOHA Výstup programu BLUPF90IOD2	47
13	PŘÍLOHA Zpracování výsledků v programu SAS.....	54

1 CÍL METODIKY

Cílem předkládané metodiky je návrh postupu odhadu genomické plemenné hodnoty (GEPH) pro zvýšení odolnosti vůči klinické mastitidě (KM) u holštýnského skotu, a to víceznakovým modelem s použitím informací o exteriéru a množství somatických buněk v mléce při použití jednokrokové metody genomického odhadu.

2 VLASTNÍ POPIS METODIKY

2.1 METODA ODHADU

- Víceznakový lineární model s opakovatelností.
- Genomický odhad je řešen metodou jednokrokového genomického odhadu.

2.2 MODELOVÁ ROVNICE

V rámci odhadu bude řešena soustava šesti rovnic, pro výskyt klinické mastitidy, hloubku vemene, závěsný vaz, šířku vemene, hodnocení vemene jako celkové charakteristiky, laktační průměr somatických buněk v mléce.

2.2.1 DEFINICE ZÁVISLÉ PROMĚNNÉ

2.2.1.1 **Klinická mastitida (KM)**

je definovaná v hodnotách 0 nebo 1.

Znak nabývá hodnotu 1:

diagnóza KM se vyskytla v době ode dne otelení do 305. dne laktace.

Pro hodnotu 1 není dáno omezení na minimální délku laktace.

Znak nabývá hodnotu 0:

diagnóza KM se nevyskytla do 305. dne laktace, pokud byla laktace o minimální délce 240 dnů laktace.

Diagnóza klinická mastitida v exportu z Deníku nemocí a léčení je definována kódy uvedenými v Tab. 1.

TAB. 1 DIAGNÓZY ODPOVÍDAJÍCÍ KLINICKÉ MASTITIDĚ

Kód diagnózy	Název	Popis
1.14.01.02.	Mastitida - klinická	<p>klinická = s viditelnými změnami sekretu (např. vločky nebo vodnatý sekret), příp. i změnami na vemeni.</p> <p>Za klinickou mastitidu nelze označit pouze vysoký počet somatických buněk zjištěný v rámci kontroly užitkovosti nebo např. pomocí stájových testů.</p> <p>Pro vyhodnocování: Další případ klinické mastitidy = postižení jiné čtvrti (případně i ten samý den, nebo ve dnech následujících), nebo postižení stejné čtvrti po dvoutýdenním odstupu od předchozího záznamu (případně série záznamů) diagnózy/diagnóz spadajících pod klinickou mastitidu. Při uvedeném odstupu do 14 dní (včetně) a téže čtvrti se technicky jedná o jeden a ten samý případ klinické mastitidy.</p>
1.14.01.02.01.	Akutní katarální mastitida	zánět mléčné žlázy se smyslovými změnami mléka (<u>sekret mléku podobný</u>), při trvání příznaků klinické mastitidy do 14 dní.
1.14.01.02.01.01.	Lehká mastitida - akutní	<u>pouze změny mléka</u> , bez příznaků zánětu na vemeni, sekret mléku podobný (např. s vločkami) - při trvání příznaků klinické mastitidy do 14 dní.
1.14.01.02.01.02.	Středně těžká (katarální) mastitida - akutní	<u>zřetelné příznaky zánětu i na vemeni</u> , sekret mléku podobný (např. s vločkami) - při trvání příznaků klinické mastitidy do 14 dní.
1.14.01.02.01.03.	Těžká katarální mastitida - akutní	<u>zřetelné příznaky zánětu na vemeni a narušení celkového zdravotního stavu (zvýšená tělesná teplota, příp. nechutenství apod.)</u> , sekret mléku podobný (např. s vločkami) - při trvání příznaků klinické mastitidy do 14 dní.
1.14.01.02.02.	Chronická katarální mastitida	zánět mléčné žlázy se smyslovými změnami mléka (<u>sekret mléku podobný</u>), kdy předchozí případ klinické mastitidy zjištěný před více jak 2 týdny neskončil (mléko nebylo po dobu 8 dnů bez smyslových změn).

1.14.01.02.03.	Těžká mastitida (parenchymatózní)	silný zánět mléčné žlázy s <u>celkovými příznaky</u> (zvýšená tělesná teplota/horečka u krávy, nechutenství apod.) = těžká; parenchymatózní = sekret mléku nepodobný - většinou sérovitý; výrazné příznaky i na vemenu (silný, bolestivý otok postižené čtvrti, zvýšená teplota); <i>Mastitis acuta gravis</i> ; Systémová mastitida.
1.14.01.02.04.	Zvláštní (parenchymatózní) mastitida	
1.14.01.02.04.01.	Hemoragická mastitida	zánět mléčné žlázy s příměsí krve v sekretu
1.14.01.02.04.02.	Nekrotická (gangrenózní) mastitida	zánět mléčné žlázy s nekrózou tkáně a příměsí hnilobné tkáně v sekretu
1.14.01.02.04.03.	Hnisavá mastitida	(purulentní - apostematózní mastitida) - zánět mléčné žlázy, kdy sekretem je hnis a kdy dochází k tvorbě abscesů
1.14.01.02.04.04.	Nehnisavá intersticiální mastitida	nehnisavý zánět pojivové tkáně mléčné žlázy
1.14.01.02.04.05.	Granulomatózní mastitida	zánět mléčné žlázy s granulomatózní degradací tkáně

2.2.1.2 Znaky exteriéru:

Jsou definované podle pravidel používaných při odhadu plemenných hodnot.

Znaky v bodech:

Hloubka vemene

Šířka vemene

Závěsný vaz

Doporučení: Při vlastní přípravě doporučujeme sjednotit bodové hladiny 1 a 2 případně 8 a 9 na základě četností výskytu do jedné hladiny obsahující hodnocení body 1 a 2; a hladinu zahrnující hodnocení body 8 a 9. Důvodem je četnost v jednotlivých hladinách.

Znaky v %:

Vemeno jako souhrnná charakteristika

Doporučení:

Tvorba hladin rovnoměrně podle hodnocení od nejhůře po nejlépe utvářené vemeno

1. Hodnocení vemene do 69 %
2. Hodnocení vemene od 70 do 75 %
3. Hodnocení vemene od 75 do 80 %
4. Hodnocení vemene od 80 do 85 %
5. Hodnocení vemene nad 85 %

2.2.1.3 Znamky na základě počtu somatických buněk

Laktační průměr somatických buněk v mléce (**LpocSB**) je hodnota, která je vypočtená pro každou dokončenou normovanou laktaci.

LpocSB je počítán podle vzorce:

$$LpocSB = \frac{\sum_1^n MESMLK * pocSB}{MLK}$$

$\sum_1^n MESMLK$ je měsíční produkce mléka v kg, která se vypočte jako počet dní od otelení do prvního kontrolního dne – při první kontrole nebo počtem dní od minulého kontrolního dne – a vynásobí průměrnou produkcí mléka v kg z kontrolního dne stávajícího a minulého. Poslední úsek laktace do dosažení 305 laktačních dnů je snížený o poměrnou část mléka i o poměrnou část sumy mléka vynásobenou poměrnou částí počtu SB.

MLK je produkce mléka (kg) za normovanou laktaci.

n je počet kontrol.

PocSB = je počet SB zjištěných rozbořem mléka při kontrolním dnu v tisících / ml mléka.

První kontrolní den může být proveden nejdříve 6. den po otelení, ale nejvýše 68. den po otelení. V průběhu laktace může být interval mezi daty prováděné kontroly jedenkrát delší než 37 dnů, vždy však musí být kratší než 76 dnů. V případě veterinární uzávěrky se postupuje individuálně po dohovoru se zpracovatelem. Ve všech ostatních případech je laktace neuznána (označena změnou 10). Pro uznání normované laktace musí být v jejím průběhu provedeno alespoň 5 kontrol včetně provedených rozborů na složky mléka. V případech, kdy není zjištěno % tuku, bílkovina a laktózy (vzorek byl před rozbořem rozbit, vylit nebo jinak znehodnocen), vždy se doplní hodnoty z předchozího měsíce (při znehodnocení vzorku z prvního kontrolního dne je vzorek v sestavě doplněn až z následujícího měsíce). Po zjištění % tuku, bílkoviny a laktózy v následujícím údobí po údobí, kdy nebylo možné hodnoty mléčných složek zjistit, je vypočten aritmetický průměr z těchto dvou údobí a takto stanovená hodnota se dosadí místo původně zaznamenané.

**převzato ZÁSADY VEDENÍ ÚSTŘEDNÍ EVIDENCE AUTOMATIZOVANÉ ZPRACOVÁNÍ DAT KONTROLY UŽITKOVOSTI SKOTU poslední aktualizace, Copyright © 2017 ČMSCH, a. s*
[https://www.cmsch.cz/getattachment/Tiskopisy,-dokumenty/Kontrola-uzitkovosti/Metodika-Zasady-vedeni-UE-Automatizovane-zprac-\(1\)/Zasady-AZD-KU_202012.pdf.aspx/?lang=cs-CZ](https://www.cmsch.cz/getattachment/Tiskopisy,-dokumenty/Kontrola-uzitkovosti/Metodika-Zasady-vedeni-UE-Automatizovane-zprac-(1)/Zasady-AZD-KU_202012.pdf.aspx/?lang=cs-CZ)

Hodnocený znak LSSB je skóre laktačního průměru somatických buněk v mléce (LpocSB) vypočtené podle vzorce:

$$LSSB = \log_2 (LpocSB / 100) + 3.$$

2.2.2 DEFINICE PEVNÝCH EFEKTŮ V MODELU

2.2.2.1 Znak klinická mastitida (KM); Znak laktační skóre počtu somatických buněk (LSSB)

- a. Kombinovaný efekt stádo, rok a období otelení

Stádo se definuje podle chovatele a stáje, ve kterých se pravidelně zadávají do Deníku nemoci a léčení údaje o nemocích. Je třeba stanovit začátek zadávání. Pro dané stádo je to první případ zadání

nebo počátek měsíce, ve kterém bylo používání Deníku zahájeno, případně rozmezí dat, ve kterých k zadávání docházelo.

Základní předpoklad je, že první laktace zapojené do odhadu plemenných hodnot jsou ty, které započaly po začátku zadávání, při ukončení zadávání se berou do úvahy laktace započaté v předchozím měsíci.

Rok otelení se definuje jako kalendářní rok otelení.

Období otelení je 3 měsíční období otelení definované jako leden až březen, duben až červen, červenec až září, říjen až prosinec.

b. Kombinovaný efekt pořadí laktace a věku při otelení

Pořadí laktace se bere do úvahy od první do šesté laktace. Hladiny páté a šesté laktace se kombinují do jedné pro zvýšení četnosti. Každá laktace se kombinuje s hladinou věku při otelení. Pro **věk při otelení** se stanoví tři hladiny podle decilů: první hladina věk při otelení rovný a nižší než první decil, druhá hladina věk mezi prvním a devátým decilem a třetí hladina věk při otelení rovný a vyšší než devátý decil.

2.2.2.2 Exteriérové znaky: celková charakteristika vemeno, hloubka vemene, závěsný vaz, šířka vemene.

c. Kombinovaný efekt stádo, rok a období hodnocení

Stádo se definuje podle chovatele a stáje, ve kterých se pravidelně zadávají do Deníku nemoci a léčení údaje o nemocích. Pokud kráva získala lineární hodnocení v jiném stádě než v tom, kde o ní byly získány údaje o klinické mastitidě, potom se k lineárnímu hodnocení nepřihlíží.

Rok hodnocení se definuje jako rok hodnocení.

Období hodnocení je 3 měsíční období otelení definované jako leden až březen, duben až červen, červenec až září, říjen až prosinec.

d. Pevný efekt bonitéra

Bonitér je kód bonitéra.

e. Kvadratické regrese

- i. Věk při prvním otelení
- ii. Počet dnů laktace při hodnocení

Pozn. Tento model je zjednodušený model používaný při odhadu plemenné hodnoty pro exteriér u holštýnského plemene v ČR

https://www.cmsch.cz/CMSCH.cz/media/lib_Plemdat/Popis_exterier.pdf

2.2.3 DEFINICE NÁHODNÝCH EFEKTŮ V MODELU

2.2.3.1 Znak klinická mastitida (KM); Znak laktační skóre počtu somatických buněk (LSSB)

- a. Efekt permanentního prostředí krávy
Je dán počtem krav v datovém souboru, u kterých jsou informace výskytu KM
- b. Efekt jedince
Všichni jedinci zahrnutí do výpočtu.

2.2.3.2 Znaky exteriéru

c. Efekt jedince

Všichni jedinci zahrnutí do výpočtu.

2.3 GENETICKÉ PARAMETRY

Genetické parametry byly odhadnuty pro znaky: vemeno jako celková charakteristika, hloubka vemene, závěsný vaz, šířka vemene, LSSB, KM.

TAB. 2 VARIANCE A KOEFICIENTY DĚDIVOSTI, PŘÍPADNĚ OPAKOVATELNOSTI PRO ZNAKY ZAHRNUTÉ DO MODELU

	Vemeno jako celková charakteristika	Hloubka vemene	Závěsný vaz	Šířka vemene	LSSB	KM
Aditivní variance	0,1235	0,5381	0,2918	0,1845	0,1594	0,0051
Variance permanentního prostředí					0,19153	0,0045
Residuální variance	0,4319	0,8823	1,2093	0,9525	1,1366	0,1171
<i>Celkem</i>	0,5554	1,4204	1,5011	1,1370	1,4875	0,1267
Koeficient dědivosti	0,22	0,38	0,19	0,16	0,11	0,04
Koeficient opakovatelnosti					0,24	0,08

TAB. 3 GENETICKÉ KORELACE MEZI ZNAKY ZAHRNUTÝMI DO MODELU

	Hloubka vemene	Závěsný vaz	Šířka vemene	LSSB	KM
Vemeno jako celková charakteristika	0,88	0,45	0,31	-0,37	-0,30
Hloubka vemene		0,22	-0,07	-0,41	-0,41
Závěsný vaz			0,18	-0,24	-0,30
Šířka vemene				0,17	0,37
LSSB					0,93

2.4 VARIANČNĚ-KOVARIANČNÍ MATICE

TAB. 4 REZIDUÁLNÍ VARIANČNĚ-KOVARIANČNÍ MATICE

	Vemeno jako celková charakteristika	Hloubka vemene	Závěsný vaz	Šířka vemene	LSSB	KM
Vemeno jako celková charakteristika	0,4319	0,2725	0,2769	0,2048	-0,0564	-0,0203
Hloubka vemene	0,2725	0,8823	0,0759	-0,0873	-0,0407	-0,0186
Závěsný vaz	0,2769	0,0759	1,2093	0,1689	-0,0364	-0,0145
Šířka vemene	0,2048	-0,0873	0,1689	0,9525	0,0022	-0,0029
LSSB	-0,0564	-0,0407	-0,0364	0,0022	1,1366	0,0912
KM	-0,0203	-0,0186	-0,0145	-0,0029	0,0912	0,1171

TAB. 5 VARIANČNĚ-KOVARIANČNÍ MATICE PERMANENTNÍHO PROSTŘEDÍ

	Vemeno jako celková charakteristika	Hloubka vemene	Závěsný vaz	Šířka vemene	LSSB	KM
Vemeno jako celková charakteristika	0	0	0	0	0	0
Hloubka vemene	0	0	0	0	0	0
Závěsný vaz	0	0	0	0	0	0
Šířka vemene	0	0	0	0	0	0
LSSB	0	0	0	0	0,1915	0,0158
KM	0	0	0	0	0,0158	0,0045

TAB. 6 ADITIVNÍ VARIANČNĚ-KOVARIANČNÍ MATICE

	Vemeno jako celková charakteristika	Hloubka vemene	Závěsný vaz	Šířka vemene	LSSB	KM
Vemeno jako celková charakteristika	0,1235	0,2274	0,0863	0,0467	-0,0523	-0,0075
Hloubka vemene	0,2274	0,5381	0,0869	-0,0210	-0,1188	-0,0214
Závěsný vaz	0,0863	0,0869	0,2918	0,0415	-0,0524	-0,0116
Šířka vemene	0,0467	-0,0210	0,0415	0,1845	0,0288	0,0114
LSSB	-0,0523	-0,1188	-0,0524	0,0288	0,1594	0,0266
KM	-0,0075	-0,0214	-0,0116	0,0114	0,0266	0,0051

2.5 GENOMICKÁ MATICE

Genomická matice odpovídá běžně používané genomické matici k odhadu genomických plemenných hodnot pro další znaky v rutinním odhadu.

2.6 VLASTNÍ VÝPOČET A POUŽITÝ VÝPOČETNÍ SOFTWARE

Výpočet se provede programy programového balíku BLUPF90 (Misztal et al. 2018).

Příprava	RENUMF90
Výpočet plemenných hodnot	BLUP90IOD2
Výpočet spolehlivosti	PREGSF90 – výpočet diagonální matice Gdiag ACCF90GS – výpočet genomických spolehlivosti

Parametrické soubory jsou v přílohách.

2.7 GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY NA ODOLNOST VŮČI KLINICKÉ MASTITIDĚ

Výsledkem jsou genomické plemenné hodnoty pro KM (GEPH KM), odhad pro náhodný efekt jedince, pro všechny jedince zahrnuté do výpočtu. A spolehlivosti těchto hodnot.

Výše odhadů plemenných hodnot je přímo úměrná vyšší náchylnosti na výskyt KM u jedince. Zvířata s nízkou plemennou hodnotou jsou ta, která jsou proti klinické mastitidě více odolná.

Pro lepší uchopení šlechtitelského postupu jsou plemenné hodnoty představovány jako relativní s tím, že nízké odhady GEPH KM jsou přepočteny tak, aby byly vyšší než 100 % a naopak.

Relativní GEPH = -(((GEPH_KM - průměr / směrodatná odchylka) * 12) - 100),

kde průměr je představován průměrem GEPH KM vybrané báze např. určitého ročníku býků s odpovídající směrodatnou odchylkou.

2.8 ZPRACOVÁNÍ VÝSLEDKŮ

Struktura výsledkových souborů je popsána v manuálu programového balíku BLUPF90 (Manual for BLUPF90 family of programs) ke stažení na

http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf

2.8.1 ODHAD PLEMENNÝCH HODNOT

Výsledkem výstupu je soubor z programu BLUPF90iod2 (název výstupního souboru - **solution**), obsahuje označení znaku, efektu, hladiny a vlastní řešení rovnice (solution). Výstupem pro klinickou mastitidu je znak (trait) 6, aditivní efekt (effect) 10, označení přečíslovaného jedince (level) a vlastní odhad (solution), což v daném případě je odhad plemenné hodnoty.

trait/effect	level	solution
1 10	142483	-0.05777807
2 10	142483	-0.28899764
3 10	142483	-0.24859375
4 10	142483	0.00266275
5 10	142483	-0.08670167
6 10	142483	-0.01310995
1 10	142484	-0.00140049
2 10	142484	0.00570885
3 10	142484	0.00633314
4 10	142484	-0.01800843
5 10	142484	-0.02531419
6 10	142484	-0.00507609

2.8.2 ODHAD SPOLEHLIVOSTI PLEMENNÝCH HODNOT

Výsledkem výstupu je soubor z programu ACCF90GS (název výstupního souboru - **sol_and_acc**), obsahuje označení znaku, efektu, hladiny a vlastní řešení rovnice (solution). Výstupem pro klinickou mastitidu je znak (trait) 6, aditivní efekt (effect) 10, označení přečíslovaného jedince (level) a spolehlivost (rel), což v daném případě je odhad spolehlivosti plemenné hodnoty. Odhad solution, code je vztažen ke známým či neznámým rodičům, sire a dam jsou přečíslovaní rodiče a parent-avg je průměrná spolehlivost rodičů.

trait/effect	level	solution	rel	solution	code	sire	dam	parent-avg
1 10	142483	0.00000000	0.1275	0.00000000	1	135844	166714	0.0892
2 10	142483	0.00000000	0.1370	0.00000000	1	135844	166714	0.0934
3 10	142483	0.00000000	0.0883	0.00000000	1	135844	166714	0.0686
4 10	142483	0.00000000	0.0834	0.00000000	1	135844	166714	0.0664
5 10	142483	0.00000000	0.1085	0.00000000	1	135844	166714	0.0777
6 10	142483	0.00000000	0.1157	0.00000000	1	135844	166714	0.0816
1 10	142484	0.00000000	0.0459	0.00000000	1	166716	166715	0.0058
2 10	142484	0.00000000	0.0511	0.00000000	1	166716	166715	0.0064
3 10	142484	0.00000000	0.0263	0.00000000	1	166716	166715	0.0033
4 10	142484	0.00000000	0.0217	0.00000000	1	166716	166715	0.0027
5 10	142484	0.00000000	0.0226	0.00000000	1	166716	166715	0.0026
6 10	142484	0.00000000	0.0245	0.00000000	1	166716	166715	0.0028

2.8.3 RODOKMENOVÝ SOUBOR

Soubor z programu RENUMF90 (název výstupního souboru - **renadd10.ped**), obsahuje překódovaný rodokmen se strukturou:

- 1) přečíslované číslo zvířete
- 2) otec
- 3) matka
- 4) 3 - počet známých rodičů

- 5) odhad roku narození
- 6) počet známých rodičů (pro genomická zvířata +10)
- 7) počet záznamů z datového souboru (records)
- 8) počet potomků jako otec
- 9) počet potomků jako matka
- 10) původní číslo zvířete tj. registrační číslo

142483 135844 166714 1 0 2 0 0 2 203000331894961
142484 166716 166715 1 0 2 0 0 1 203000331899961

2.8.4 SOUBOR GENOMICKÝCH JEDINCŮ

Soubor kgen001duben_XrefID obsahuje seznam genomických zvířat: překódované číslo zvířete a registrační číslo zvířete.

Příklad:

85070 203000919865021

Býk narozený v roce 2020, genomický.

Spolehlivost

1	10	85070	0.00000000	0.5882	0.00000000	1	66830	19942	0.3214
2	10	85070	0.00000000	0.6228	0.00000000	1	66830	19942	0.3381
3	10	85070	0.00000000	0.4730	0.00000000	1	66830	19942	0.2667
4	10	85070	0.00000000	0.4469	0.00000000	1	66830	19942	0.2538
5	10	85070	0.00000000	0.4415	0.00000000	1	66830	19942	0.2467
6	10	85070	0.00000000	0.4597	0.00000000	1	66830	19942	0.2544

Odhad plemenných hodnot

1	10	85070	0.60364671
2	10	85070	1.22194063
3	10	85070	0.46494867
4	10	85070	0.47226472
5	10	85070	-0.43212358
6	10	85070	0.01032110

Rodokmen

85070 66830 19942 1 0 12 0 0 0 203000919865021

3 SROVNÁNÍ „NOVOSTI POSTUPŮ“

Pro šlechtění na zdravotní stav dojeného skotu je odhad plemenné hodnoty pro výskyt klinické mastitidy zásadní. Má vést ke snížení výskytu klinické mastitidy u dojnic zvýšením jejich odolnosti vůči této nemoci. V předkládané metodice se využívají kromě informací o výskytu klinické mastitidy i informace o počtu somatických buněk v mléce a o vybraných znacích exteriéru. U holštýnského skotu v České republice se doposud šlechtí na zdravotní stav vemene nepřímo pomocí plemenných hodnot pro počet somatických buněk a pro exteriérové znaky, znaky lineárního popisu vemene. Tyto plemenné hodnoty se odhadují samostatně podle speciálních metodik a výsledné plemenné hodnoty vstupují do selekčního indexu. Předkládaná metodika přináší v ČR zcela novou metodu, kdy se jedná o selekci na přímý znak, klinickou mastitidu. Jedná se o zcela nový návrh, který vychází z již používaných postupů šlechtění v ČR a vhodně je doplňuje. Je důležitým podkladem pro další vývoj

šlechtitelských postupů holštýnského plemene, protože zdravotní stav hospodářských zvířat je jedním z důležitých faktorů a z toho důvodu je potřeba tyto znaky sledovat, vytvářet patřičné databáze a vyhodnocovat plemenné hodnoty pro nemoci. V České republice se v současnosti vytváří systém odhadu plemenných hodnot pro znaky zdraví u dojeného skotu s konkrétní aplikací u holštýnského plemene. Předkládaná metodika zapadá do systému šlechtění na odolnost vůči nemocem pro dojený skot a významně jeho vývoj podpoří.

4 POPIS UPLATNĚNÍ CERTIFIKOVANÉ METODIKY

Svaz chovatelů holštýnského skotu ČR, a.s. je uznaným chovatelským sdružením a nositelem jedné společné Plemenné knihy holštýnského skotu pro celou ČR, vydává potvrzení o původu zvířat a stanovuje chovný cíl a standard plemene, stanovuje parametry pro výběr plemenných zvířat a prosazuje intenzifikaci šlechtění a dosažení rentability chovu. Rozhodnutím Ministerstva zemědělství ČR je Svaz uznaným chovatelským sdružením pro holštýnské plemeno skotu. Předkládaná metodika poskytne informace nutné pro šlechtění holštýnského skotu v ČR na snížení výskytu klinické mastitidy u krav.

5 EKONOMICKÉ ASPEKTY

Předpokládané ekonomické přínosy pro uživatele se pohybují na úrovni 0 Kč ve formě hospodářského výsledku v průběhu následujících pěti let v důsledku očekávané delší odezvy na šlechtění. V souladu s doporučením Rady vlády pro výzkum uživatel metodiky nevytváří těmito činnostmi přímý zisk. Vytvářením podkladů a řízením šlechtitelské práce dochází k zvýšení kvality plemenářské práce u chovatelů holštýnského skotu a zlepšují se tak základní předpoklady pro ekonomické přínosy pro jednotlivé chovatele.

6 SEZNAM POUŽITÉ LITERATURY

- GENGLER, N. – GROEN, A. F. (1997): Potential benefits from multitrait evaluation - an example in selection for mastitis resistance based on somatic cell score and udder conformation. A simulation study. *Interbull Bulletin*, roč. 15, s.106-112.
- GOVIGNON-GION, A. – DASSONNEVILLE, R. – BALOCHE, G. – DUCROCQ, V. (2016): Multiple trait genetic evaluation of clinical mastitis in three dairy cattle breeds. *Animal*, roč.10, s. 558–565.
- HALASA, T. – HUIJPS, K. – ØSTERÅS, O. – HOGEVEEN, H. (2007): Economic effects of bovine mastitis and mastitis management: A review. *Veterinary Quarterly*, roč. 9, s. 18-31.
- HERINGSTAD, B., – KLEMETSDAL, G. – RUANE. J. (2000): Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livestock Production Science*, roč. 64, s. 95–106.
- HERINGSTAD, B. – KLEMETSDAL, G. – RUANE. J. (2001): Responses to selection against clinical mastitis in the Norwegian Cattle population. *Acta Agriculturae Scandinavica Section A-Animal Science*, roč. 51, s. 155–160.
- JAMROZIK, J. – KOECK, A. – MIGLIOR, F. – KISTEMAKER, G.J. – SCHENKEL, F.S. – KELTON, D.F. – VAN DOORMAAL, B.J. (2013): Genetic and Genomic Evaluation of Mastitis Resistance in Canada. *Interbull Bulletin* no. 47., s. 43 – 51.
- KVAPILÍK, J. (2014): Mastitidy dojených krav a ekonomické ztráty. *Veterinářství*, roč. 64, s. 946-955.

- LUND, T. – MIGLIOR, F. – DEKKERS, J.C.M. – BURNSIDE, E.B. (1994): Genetic relationships between clinical mastitis, somatic cell count, and udder conformation in Danish Holsteins. *Livestock Production Science*, roč. 39, s. 243–251.
- MARTIN, P. – BARKEMA, H.W. – BRITO, L. F. – NARAYANA, S.G. – MIGLIOR, F., (2018): Novel strategies to genetically improve mastitis resistance in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, roč.101, s. 2724–2736.
- MISZTAL, I. a kol. 2018. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, USA, 142 s.
- MRODE, R. – PRITCHARD, T. – COFFEY, M. – WALL, E. (2012): Joint estimation of genetic parameters for test-day somatic cell count and mastitis in the United Kingdom *Journal of Dairy Science*, roč. 95, s. 4618–4628.
- NEGUSSIE, E. – LIDAUER, M. – MÄNTYSAARI, E. A. (2006): Genetic parameters and single versus multitrait evaluation of udder health traits. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A – Animal Science*, roč. 56, s. 73–82.
- NEGUSSIE, E. – LIDAUER, M. – MÄNTYSAARI, E. A. – STRANDÉN, I. – PÖSÖ, J. – NIELSEN, U. S. – JOHANSSON, K. – ERIKSSON, J.-Å. – AAMAND, G. P. (2010): Combining test day SCS with clinical mastitis and udder type traits: A random regression model for joint genetic evaluation of udder health in Denmark, Finland and Sweden. *Interbull Bulletin*, roč. 42, s. 25–32.
- NEGUSSIE, E. – STRANDÉN, I. – MÄNTYSAARI, E.A. (2008) Genetic associations of clinical mastitis with test-day somatic cell count and milk yield during first lactation of Finnish Ayrshire. Kingdom *Journal of Dairy Science*, roč. 91, s. 1189-1197.
- NĚMCOVÁ, E. – ŠTÍPKOVÁ, M. – ZAVADILOVÁ, L. (2011): Genetic parameters for linear type traits in Holstein cattle, *Czech Journal of Animal Science*, roč. 56, s. 157–162.
- PÉREZ-CABAL, M. A. – DE LOS CAMPOS, G. – VAZQUEZ, A. I. – GIANOLA, D. – ROSA, G. J. M. – WEIGEL, K. A. – ALENDA, R. (2009): Genetic evaluation of susceptibility to clinical mastitis in Spanish Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, roč. 92, s. 3472–3480.
- RUPP, R. – BOICHARD, D. (1999). Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science*, roč. 82, s. 2198–2204.
- RUPP, R., – BOICHARD, D. (2003): Genetics of resistance to mastitis in dairy cattle. *Veterinary Research*, roč.34:671–688.
- SAS (2016): Release 9.4 (TS1M1) of the SAS® System for Microsoft® Windows®. SAS Institute, Inc., Cary, USA.
- SEYKORA, A. J. – MCDANIEL, B. T. (1985): Udder and teat morphology related to mastitis resistance: a review. *Journal of Dairy Science*, roč. 68:2087–2093.
- SØRENSEN, M. K. – JENSEN, J. – CHRISTENSEN, L. G. (2000): Udder conformation and mastitis resistance in Danish first-lactation cows: Heritabilities, genetic and environmental correlations. *Acta Agriculturae Scandinavica Section A-Animal Science*, roč. 50:72–82.
- SCHAEFFER, L. R. (1984): Sire and cow evaluation under multiple trait models. *Journal of Dairy Science*, roč. 67, 1567_1580.
- WOLF, J. – WOLFOVÁ, M. – ŠTÍPKOVÁ, M. (2010): A Model for the Genetic Evaluation of Number of Clinical Mastitis Cases per Lactation in Czech Holstein Cows. *Journal of Dairy Science*, roč. 93, s. 1193-1204.

7 SEZNAM PUBLIKACÍ, KTERÉ PŘEDCHÁZELY METODICE

7.1 CERTIFIKOVANÉ METODIKY

ZAVADILOVÁ, Ludmila, BAUER, Jiří, FLEISCHER, Petr, KRPÁLKOVÁ, Lenka, KAŠNÁ, Eva, STANĚK, Stanislav a ŠLOSÁRKOVÁ, Soňa. Struktura, sestavení a udržování databáze onemocnění dojeného skotu v rámci kontroly užitkovosti. VÝZKUMNÝ ÚSTAV ŽIVOČIŠNÉ VÝROBY, v.v.i. V UHRŇÍNĚVSI a VÝZKUMNÝ ÚSTAV VETERINÁRNÍHO LÉKAŘSTVÍ V BRNĚ. Česká republika. Certifikovaná metodika 3837/2017 - ČPI. 2017-05-17.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, ŠTÍPKOVÁ, Miloslava a KAŠNÁ, Eva. Genetické korelace mezi výskytem klinické mastitidy, chorob a poruch paznehtů a vybranými produkčními, reprodukčními a funkčními znaky u holštýnského skotu. Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i. v Uhříněvsi. Česká republika. Certifikovaná metodika 978-80-7403-185-4. 2018.

7.2 VĚDECKÉ PUBLIKACE

KAŠNÁ, Eva, ZAVADILOVÁ, Ludmila a ŠTÍPKOVÁ, Miloslava. Genetic evaluation of clinical mastitis traits in Holstein cattle. Czech Journal of Animal Science, 2018, 63, 443-451. ISSN 1212-1819.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, ŠTÍPKOVÁ, Miloslava, ŠEBKOVÁ, N. a SVITÁKOVÁ, Alena. Genetic analysis of clinical mastitis data for Holstein cattle in the Czech Republic. Archiv fur Tierzucht-Archives of Animal Breeding , 2015, 58, 199-204. ISSN 0003-9438

ZAVADILOVÁ, Ludmila, BAUER, Jiří, KAŠNÁ, Eva a ŠTÍPKOVÁ, Miloslava., 2016 Genomic and conventional breeding values for clinical mastitis. In Acta fytotechnica et zootechnica, Spec. Issue. Nitra: Slovak University of Agriculture, s. 87-92.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, ŠTÍPKOVÁ, Miloslava, SVITÁKOVÁ, Alena, KRUPOVÁ, Zuzana a KAŠNÁ, Eva. Genetic parameters for clinical mastitis, fertility and somatic cell score in Czech Holstein cattle. Annals of Animal Science, 2017, 17, 1007-1018.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, KRUPOVÁ, Zuzana a BRZÁKOVÁ, Michaela. Genetic parameters for clinical mastitis in Czech Holstein cattle. Czech Journal of Animal Science, 2020, 65, 463-472. ISSN 1212-181

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, KRUPOVÁ, Zuzana a KRANJČEVIČOVÁ, Anita. Breeding values prediction for clinical mastitis in Czech Holstein cattle. Acta Fytotechnica et Zootechnica, 2020, 23, 233-240. ISSN 1336-9245.

7.3 PŘÍSPĚVKY NA KONFERENCÍCH

BRZÁKOVÁ, Michaela, ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, ŠTÍPKOVÁ, Miloslava a KRUPOVÁ, Zuzana., 2017 Genetic relationship between clinical mastitis, somatic cell score, longevity and reproduction trait. In EAAP – 68th Annual Meeting, Tallinn 2017. Wageningen: Wageningen Academic Publishers, s. 249.

FLEISCHER, Petr, KAŠNÁ, Eva, ŠLOSÁRKOVÁ, Soňa, PECHOVÁ, A. a ZAVADILOVÁ, Ludmila., 2019 Mastitis and reproduction disorders in Holstein and Czech Fleckvieh dairy cows - comparison of occurrence in Czechia. In Proceedings of the 17th International Conference on Production Diseases in Farm Animals ICPD 2019. Bern, Switzerland: Universität Bern, s. 182.

- KAŠNÁ, Eva, ZAVADILOVÁ, Ludmila a ŠTÍPKOVÁ, Miloslava., 2017 Breeding values for clinical mastitis in dairy cattle, comparison of several models and traits. In EAAP – 68th Annual Meeting, Tallinn 2017. Wageningen: Wageningen Academic Publishers, s. 251
- KRUPOVÁ, Zuzana, KRUPA, Emil, WOLFOVÁ, Marie, PŘIBYL, Josef a ZAVADILOVÁ, Ludmila., 2019 Claw health traits and mastitis in breeding of the Czech Holstein cows. In Book of Abstracts of the 70th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Wageningen: EAAP, s. 542.

7.4 ODBORNÉ ČLÁNKY

- FLEISCHER, Petr, PECHOVÁ, Alena, ŠLOSÁRKOVÁ, Soňa, KAŠNÁ, Eva a ZAVADILOVÁ, Ludmila. Srovnání výskytu klinických mastitid u dojnic dvou plemen. *Náš chov*, 2019, roč. 79(9), s. 30-34. ISSN 0027-8068.
- FLEISCHER, Petr, PECHOVÁ, Alena, STANĚK, Stanislav, ZAVADILOVÁ, Ludmila a ŠLOSÁRKOVÁ, Soňa. Elektronická evidence klinických mastitid a možnosti jejího využití. *Náš chov*, 2018, roč. 78(9), s. 40-45.
- ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, FLEISCHER, Petr a ŠTÍPKOVÁ, Miloslava. Metodické pokyny k odhadu plemenné hodnoty pro vybrané zdravotní znaky u dojeného skotu. Praha Uhřetěves: Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i., 2018, 10 s.
- ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, FLEISCHER, Petr, KRUPA, Emil, ŠTÍPKOVÁ, Miloslava a KREJČOVÁ, Michaela. Vztah klinické mastitidy, chorob paznehtů a exteriéru u holštýnského skotu. *Výzkum v chovu skotu/Cattle Research*, 2018, roč. LX(2), s. 2-12. 0139-7265.
- ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, KRUPOVÁ, Zuzana a KRUPA, Emil. Přímé šlechtění dojeného skotu na vyšší odolnost dojeného skotu vůči klinické mastitidě a nemocem paznehtů – odhad plemenných hodnot a výpočet indexu zdraví. *Chovatelské listy*, 2019, roč. 2019(2), s. 14-19.
- ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana. Šlechtění na zvýšení odolnosti vůči klinické mastitidě u holštýnského skotu. *Náš chov*, 2019, roč. 79(9), s. 25-29.
- ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, KRUPOVÁ, Zuzana a ŠTÍPKOVÁ, Miloslava. Použití informací o exteriéru při odhadu plemenných hodnot pro výskyt klinické mastitidy u holštýnského skotu v ČR. *Výzkum v chovu skotu/Cattle Research*, 2020, roč. LXII(2), s. 3-14. ISSN 0139-7265.

8 PŘÍLOHA ODHAD GENETICKÝCH PARAMETRŮ

Genetické parametry (Tab. 2) byly odhadnuty na souboru, který zahrnoval údaje o holštýnských kravách chovaných ve stádech poskytujících údaje o výskytu nemocí do Deníku nemocí a léčení. Do vlastního vyhodnocení bylo použito 13 794 holštýnských krav (H100), které dosáhly 18 570 laktací s laktační incidencí klinické mastitidy (KM) 16,95 %. Otelily se v letech 2017 až 2020. KM byla sledována po celou laktaci, která musela trvat min. 240 dní u laktací, kde se KM nevyskytla. Pro každou krávu byly známy hodnoty lineárního popisu, který se zjišťuje u prvotetek. U každé laktace byla známa průměrná hodnota počtu somatických buněk za laktaci (LpocSB). Byly odhadnuty genetické parametry, koeficienty dědivosti a genetické korelace mezi znaky. Použitá metoda odhadu byl lineární víceznakový animal model. Byly použity dva typy modelové rovnice:

Pro klinickou mastitidu (KM) a pro průměrný počet somatických buněk za laktaci (LpocSB):

$$y_{ijko} = \mu + PLvek_i + HYS_j + pe_k + a_o + e_{ijko},$$

y_{ijko} - vybraný znak KM byl definován jako výskyt onemocnění KM 0/1 (0 laktace bez výskytu KM, 1 laktace s výskytem KM) za laktaci od otelení do 305 dnů, laktace bez KM musela mít délku nejméně 240 dnů. Zasažená čtvrt' nebyla brána do úvahy. Druhý znak, pro který byla použita tato rovnice, byl LpocSB, který byl v zájmu dosažení normálního rozdělení transformován na skóre somatických buněk za laktaci (LSSB) podle vzorce $LSSB = \log_2(LpocSB / 100000) + 3$.

μ - průměr; $PLvek_i$ - pořadí laktace kombinované s věkem při otelení (9 hladin.); HYS_j - pevný efekt stáda (436 hladin, 52 stád, roky 2017-2020); pe_k je náhodný efekt trvalého prostředí jedince (13 974 krav), odpovídající více laktacím krávy k ; a_o - náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 56 498 jedinců; e_{ijko} je náhodný reziduální efekt.

Pro znaky lineárního popisu byl použit lineární animal model s modelovou rovnicí:

$$y_{ijklm} = \mu + HD_i + K_j + a_o + \beta_1 age_m + \beta_2 age_m + \beta_1 s_n + \beta_2 s_n + e_{ijklm},$$

y_{ijklm} - upravené skóre pro znak lineárního popisu u prvotelky: hloubku vemene, šířku vemene a závěsný vaz; hladina hodnocení v % pro znak celkové hodnocení exteriéru vemene; počty pozorování a rozdělení hladin viz Tab. 8; μ - průměr; HD_i - pevný kombinovaný efekt stáda a roku a období hodnocení (412 hladin); K_j - pevný efekt bonitéra (6 hladin); $\beta_1 age$, $\beta_2 age$ - pevná lineární a kvadratická regrese na věk zvířete ve dnech při prvním otelení; $\beta_1 s$, $\beta_2 s$ - pevná lineární a kvadratická regrese na počet dnů laktace (DIM) při hodnocení; a_i - náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 56 498 jedinců; e_{ijklm} je náhodný reziduální efekt.

Základní editace a příprava datových souborů, zpracování výsledků a statistické vyhodnocení bylo provedeno programem SAS 9.4. (SAS. 2016). Programový balík BLUPF90 (Misztal) byl použit pro odhad genetických parametrů a plemenných hodnot.

Uvedený soubor byl použit pro odhad genetických parametrů. Ty jsou uvedeny v Tab. 2 Variance a koeficienty dědivosti, případně opakovatelnosti pro znaky zahrnuté do modelu. Koeficienty dědivosti jednotlivých znaků odpovídají publikovaným hodnotám. Nejvyšší dědivost vykázaly znaky lineárního popisu vemene a nejnižší pak výskyt klinické mastitidy. Genetické korelace mezi znaky zahrnutými do modelu jsou uvedeny v Tab. 3. Opět odpovídají hodnotám v literatuře. Znaky vybrané do modelu jsou středně silně (znaky lineárního popisu vemene) a silně (LSSB) korelovány s KM.

Genetické korelace mezi znaky lineárního popisu a LSSB odpovídají ve svých hodnotách korelacím mezi těmito znaky a KM. Na základě velikosti genetických korelací můžeme udělat závěr, že ani jeden z vybraných znaků není plně nahraditelný ostatními. Genetické korelace mezi znaky se liší od jedné, z čehož vyplývá, že ani jeden z vybraných znaků není plně nahraditelný ostatními.

Pro uvedený soubor byl proveden odhad genomických plemenných hodnot a jejich spolehlivosti. Použit byl stejný víceznakový model a metoda jednokrokového odhadu. Rodokmen zahrnoval 67 078 jedinců a 3 625 genomických býků.

Výsledky ukázaly, že spolehlivost plemenných hodnot pro krávy narozené v letech 2014 až 2018 se pohybuje okolo 30 % v průměru (obrázek 3), u býků je tento průměr o něco vyšší (obrázek 4). Spolehlivosti v průměru stoupají s rokem narození zvířat, aby maximum dosáhly okolo ročníku 2013. Tento stoupající trend lze vysvětlit stoupajícím množstvím informací, které byly využity pro odhad PH u zvířat narozených v daném roce.

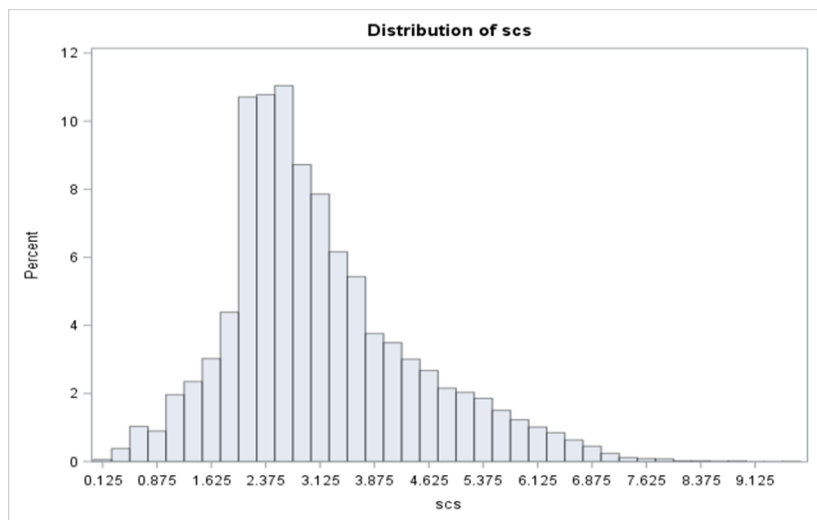
TAB. 7: STATISTICKÉ HODNOTY SKÓRE VYHODNOCENÝCH ZNAKŮ LINEÁRNÍHO POPISU

Znak	Počet pozorování	Průměr	SD	Medián	Modus	Min - popis	Max popis
Vemeno jako celková charakteristika	13 794	79.69	3.81	80	82		
Hloubka vemene	13 794	5.95	1.24	6	7	1 - Hluboké	9 Mělké
Závěsný vaz	13 794	5.66	1.14	6	6	1- Vydutý	9 - Extrémně hluboký
Šířka vemene	13 794	5.58	1.30	6	6	1 - Úzké	9 Široké

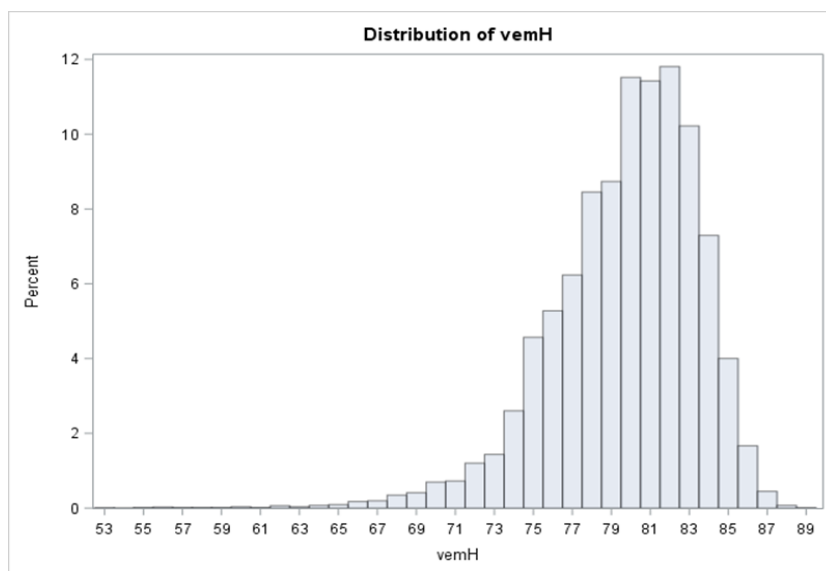
TAB. 8: POČTY KRAV PRO SKÓRE VYHODNOCENÝCH ZNAKŮ LINEÁRNÍHO POPISU A VEMENE

Třídy podle bodů	Hloubka vemene	Závěsný vaz	Šířka vemene	Vemeno jako celková charakteristika	Třída	Rozmezí hodnocení ve třídách
1-2	63	169	57	1	Pod 70 %	220
3	314	539	295	2	70 - 75%	1 549
4	1 351	2 165	1 782	3	76- 80 %	5 548
5	3 118	3 566	3 815	4	81-85 %	6 173
6	3 859	3 584	4 645	5	Nad 85 %	304
7	3 868	3 097	2 613			
8-9	1 221	674	587			

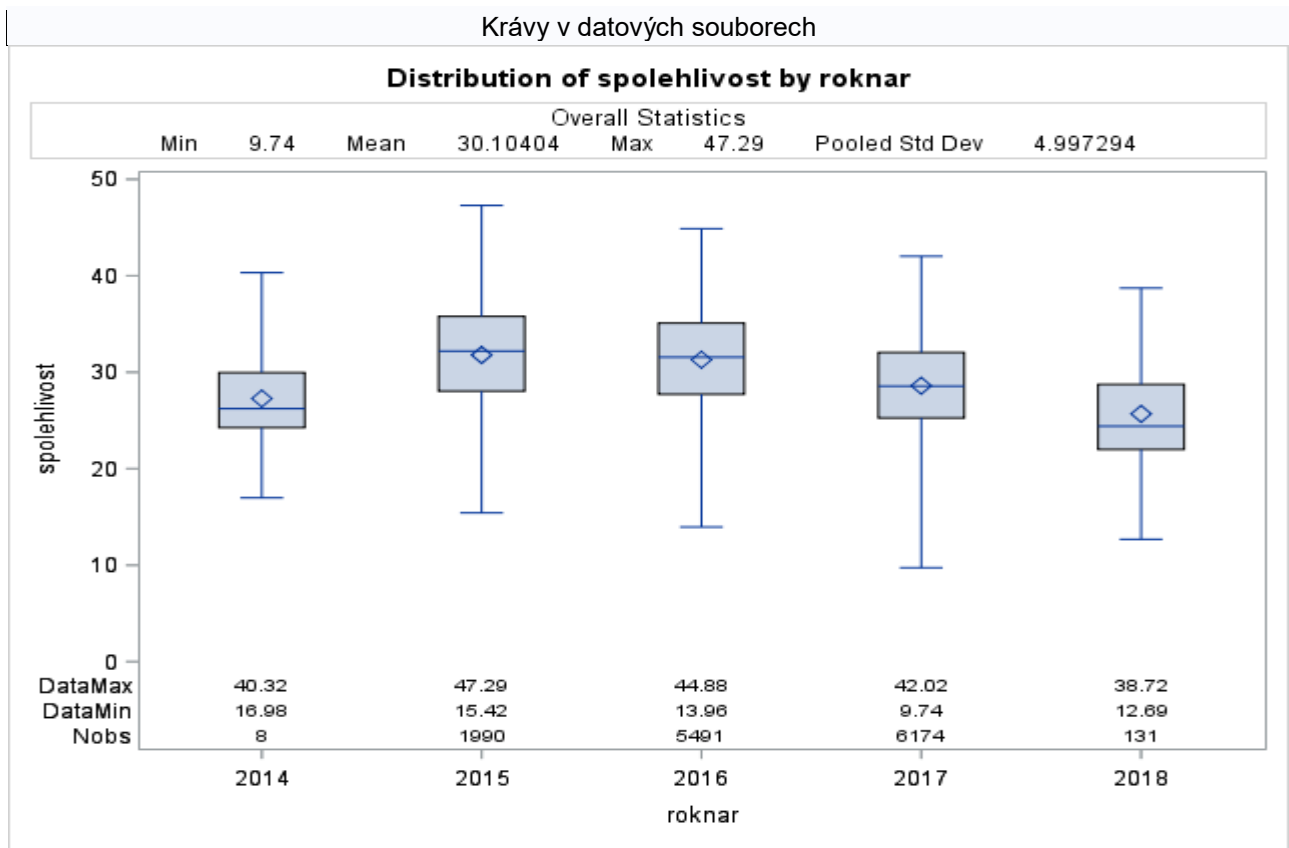
OBRÁZEK 1 ROZLOŽENÍ PROMĚNNÉ SKÓRE SOMATICKÝCH BUNĚK ZA LAKTACI *LSSB*



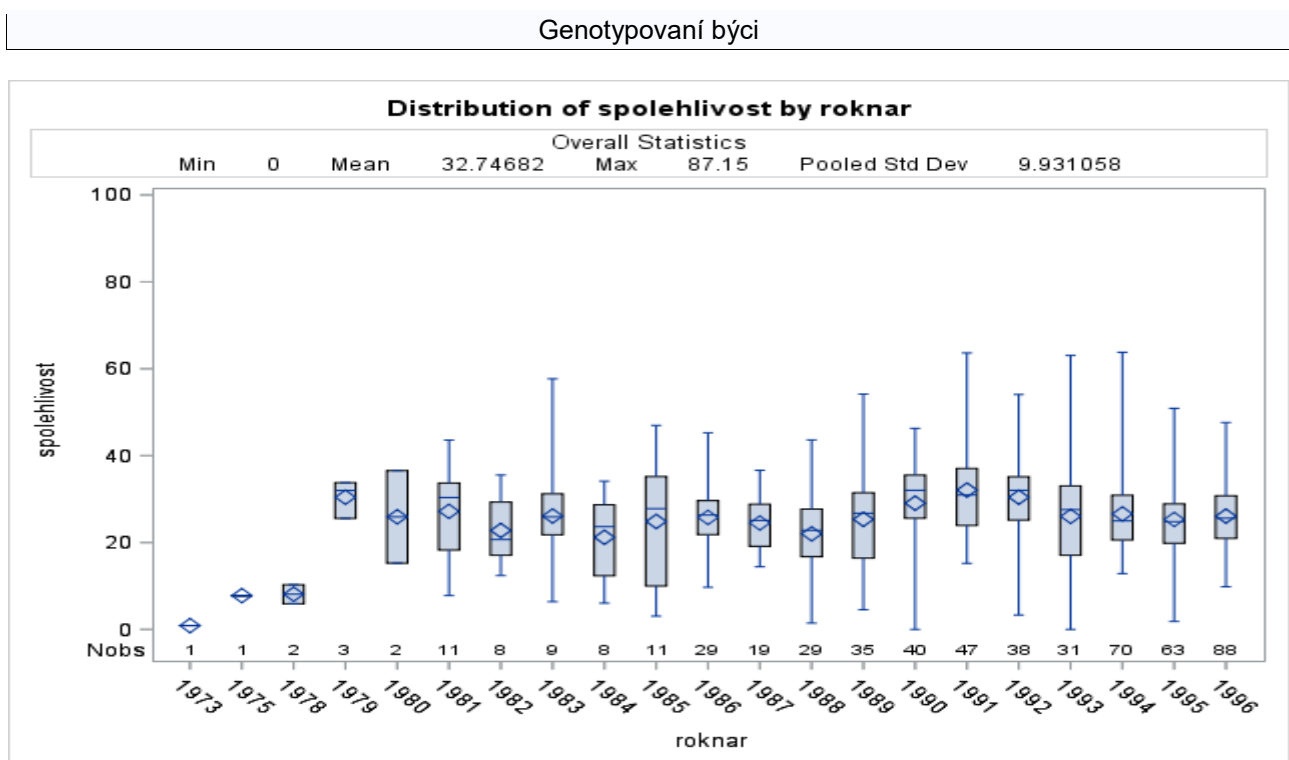
OBRÁZEK 2 ROZLOŽENÍ PROMĚNNÉ HODNOCENÍ VEMENE JAKO CELKOVÉ CHARAKTERISTIKY EXTERIÉRU V %



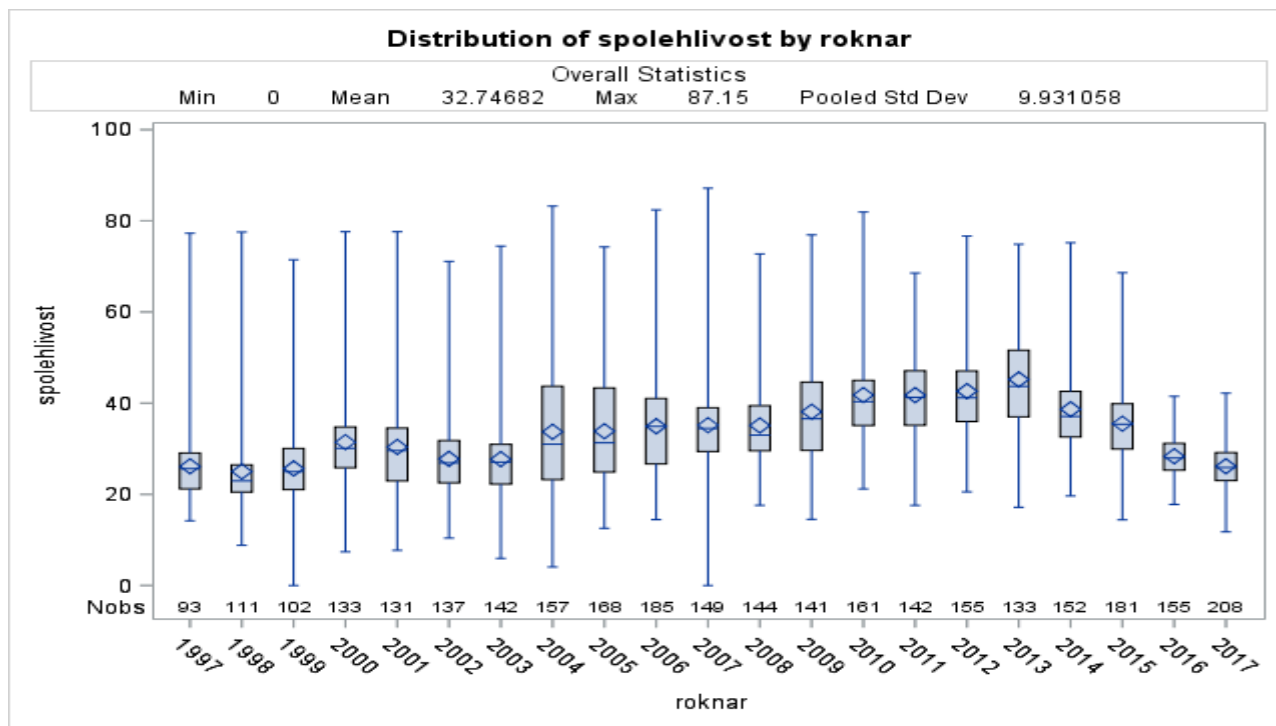
OBRÁZEK 3 ROZLOŽENÍ SPOLEHLIVOSTI GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO KM PRO KRÁVY PODLE ROKU NAROZENÍ



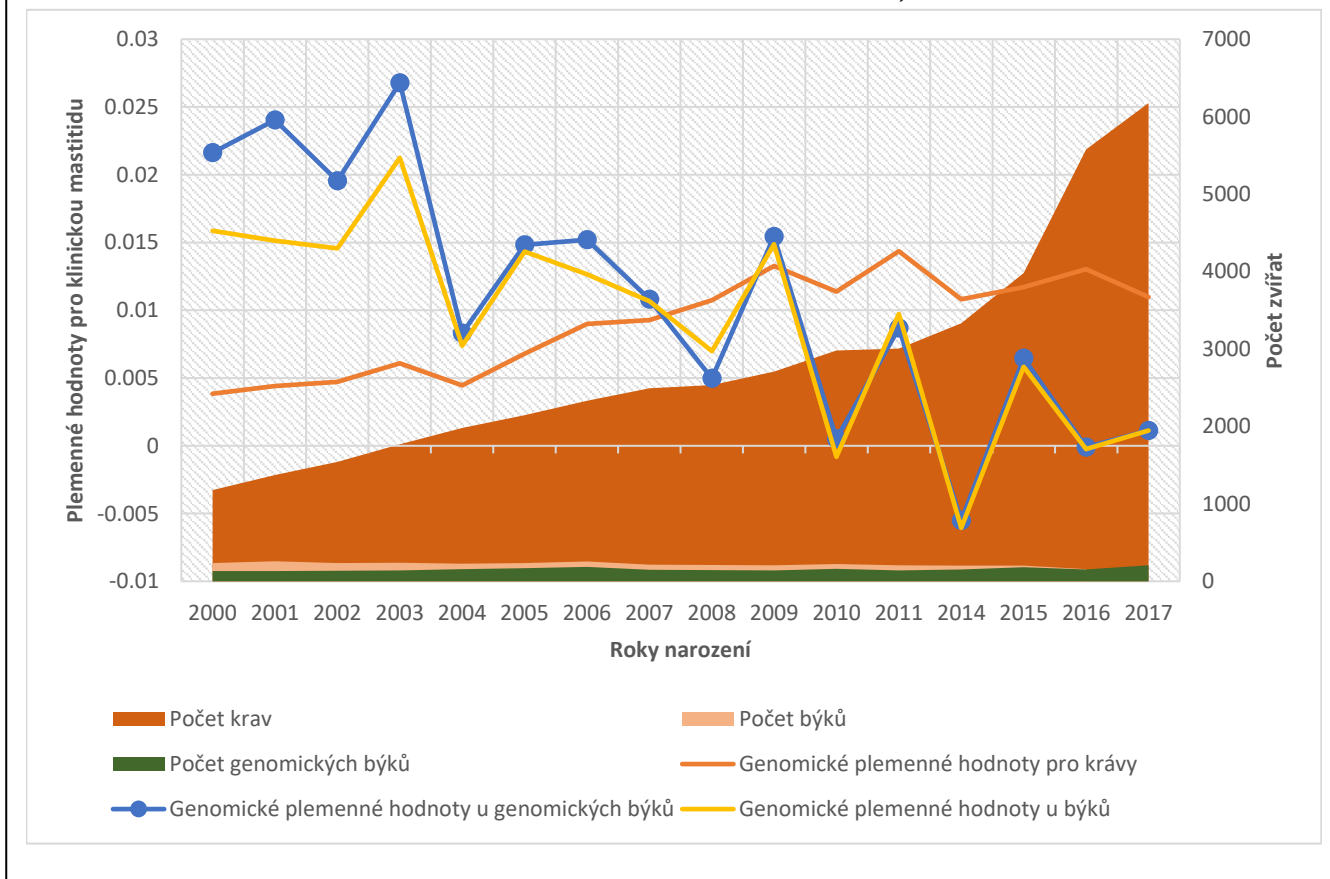
OBRÁZEK 4 ROZDĚLENÍ SPOLEHLIVOSTI GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO KM PODLE ROKU NAROZENÍ U GENOTYPOVANÝCH BÝKŮ



OBRÁZEK 4POKR. ROZDĚLENÍ SPOLEHLIVOSTI GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO KM PODLE ROKU NAROZENÍ U GENOTYPOVANÝCH BÝKŮ



OBRÁZEK 5 GENETICKÉ TRENDY PRO KLINICKOU MASTITIDU U KRAV, BÝKŮ A GENOMICKÝCH BÝKŮ



9 PŘÍLOHA GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY

9.1 POPIS POUŽITÉHO SOUBORU

Genomické plemenné hodnoty byly odhadnuty na souboru, který zahrnoval údaje o holštýnských kravách chovaných ve stádech, které evidují výskyt nemocí v Deníku nemocí a léčení. Do vlastního vyhodnocení bylo použito 62 933 holštýnských krav (od H75 výše), které dosáhly 101 261 laktací s laktační incidencí klinické mastitidy (KM) 19.50 %. Otelily se v letech 2017 až 2021. KM byla sledována po celou laktaci, která musela trvat min. 240 dní u laktací, kde se KM nevyskytla, kromě roku 2021, kde byla tato podmínka rozvolněna, aby se do výpočtu dostala data o mladých genotypovaných prvotelkách. Hodnoty lineárního popisu byly známy u 49 886 krav, a to pro hloubku vemene, závěsný vaz, šířku vemene a pro vemeno jako celkovou charakteristiku. Průměrná hodnota počtu somatických buněk za laktaci (LpocSB) byla známa u 65 564 laktací.

Krávy zastoupené v datovém souboru vykázaly pro použité znaky lineárního popisu nejčastější hodnoty 6 či 5, a pro vemeno jako celkovou charakteristiku 82 %, jak dotvrzují Tab. 9 a 10. Také rozdělení četností LSSB, jak je vidět na obrázku 6 bylo ve prospěch nižších hodnot.

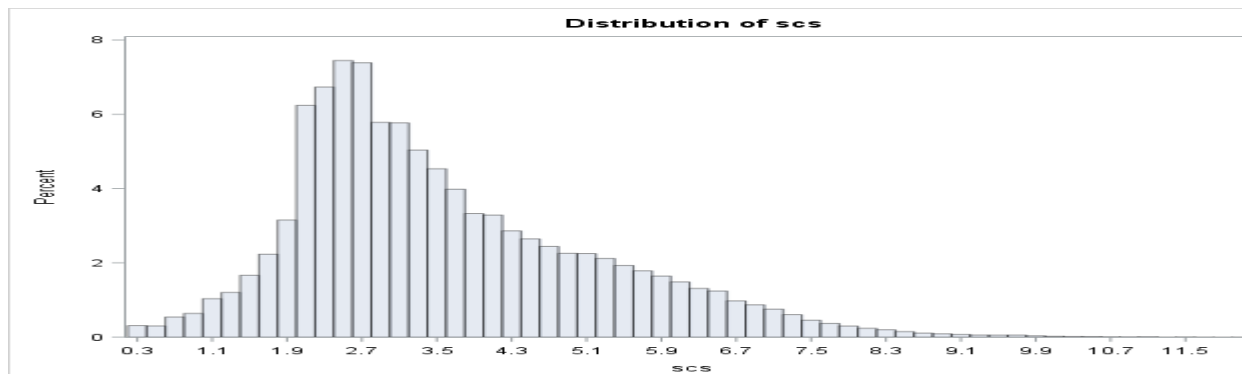
TAB. 9 STATISTICKÉ HODNOTY SKÓRE VYHODNOCENÝCH ZNAKŮ LINEÁRNÍHO POPISU

Znak	Počet pozorování	Průměr	SD	Medián	Modus	Min - popis	Max - popis
Vemeno	49 886	79,65	3,85	80	82		
Hloubka vemene	49 886	5,94	1,21	6	6	1 - Hluboké	9 - Mělké
Závěsný vaz	49 886	5,56	1,30	6	5	1- Vydutý	9 - Extrémně hluboký
Šířka vemene	49 886	5,63	1,15	6	6	1 - Úzké	9 - Široké

TAB. 10 POČTY KRAV PRO SKÓRE VYHODNOCENÝCH ZNAKŮ LINEÁRNÍHO POPISU A VEMENE

Třídy podle bodů	Hloubka vemene	Závěsný vaz	Šířka vemene	Vemeno jako celková charakteristika	
				Třída	Rozmezí hodnocení ve třídách
1-2	228	570	210	1	Pod 70 %
3	1 040	2 150	1 208	2	70 - 75%
4	4 658	7 992	6 676	3	76- 80 %
5	11 649	13 071	13 902	4	81-85 %
6	14 479	12 948	16 720	5	Nad 85 %
7	13 654	10 724	8 926		
8-9	4 178	2 431	2 244		

OBRÁZEK 6 ROZLOŽENÍ PROMĚNNÉ SKÓRE SOMATICKÝCH BUNĚK ZA LAKTACI LSSB



9.2 POPIS METODY VÝPOČTU

Byly odhadnuty genomické plemenné hodnoty. Použitá metoda odhadu byl lineární víceznakový animal model a jednokroková metoda genomického odhadu (Misztal et al. 2018). Variančně-kovarianční matice použité pro výpočet byly odhadnuty v předchozím výpočtu a jsou uvedeny v Tab. 4 Reziduální variančně-kovarianční matice, Tab. 5 Variančně-kovarianční matice permanentního prostředí a Tab. 6. Aditivní variančně-kovarianční matice.

Ve víceznakovém modelu byly použity dva typy modelové rovnice:

Pro klinickou mastitidu (KM) a pro průměrný počet somatických buněk za laktaci (LpocSB):

$$y_{ijko} = \mu + PLvek_i + HYS_j + pe_k + a_o + e_{ijko},$$

y_{ijko} - vybraný znak KM byl definován jako výskyt onemocnění KM 0/1 (0 laktace bez výskytu KM, 1 laktace s výskytem KM) za laktaci od otelení do 305 dnů, laktace bez KM musela mít délku nejméně 240 dnů, kromě roku 2021. Zasažená čtvrt' nebyla brána do úvahy. Druhý znak, pro který byla použita tato rovnice, byl LpocSB, který byl v zájmu dosažení normálního rozdělení transformován na skóre somatických buněk za laktaci (LSSB) podle vzorce $LSSB = \log_2(LpocSB / 100000) + 3$. viz obrázek 6. μ - průměr; $PLvek_i$ - pořadí laktace kombinované s věkem při otelení (15 hladin.); HYS_j - pevný efekt stáda, roku a období otelení (817 hladin, 85 stád, roky otelení 2017-2021, 4 období ročně rozdělená po 3 měsících); pe_k je náhodný efekt trvalého prostředí jedince (62 933 krav), odpovídající více laktacím krávy k ; a_o - náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 172 922 jedinců; e_{ijko} je náhodný reziduální efekt.

Pro znaky lineárního popisu byl použit lineární animal model s modelovou rovnicí:

$$y_{ijklm} = \mu + HD_i + K_j + a_o + \beta_{1age_m} + \beta_{2age_m} + \beta_{1s_n} + \beta_{2s_n} + e_{ijklmno},$$

y_{ijklm} - upravené skóre pro znak lineárního popisu u prvotelky: hloubku vemene, šířku vemene a závěsný vaz; hladina hodnocení v % pro znak celkové hodnocení exteriéru vemene; počty pozorování a rozdělení hladin viz Tab. 10; μ - průměr; HD_i - pevný kombinovaný efekt stáda a roku a období hodnocení (1 955 hladin, 83 chovů, roky hodnocení 2009-2021); K_j - pevný efekt bonitéra (6 hladin); β_{1age} , β_{2age} - pevná lineární a kvadratická regrese na věk zvířete při prvním otelení; β_{1s} , β_{2s} - pevná lineární a kvadratická regrese na počet dnů laktace (DIM) při hodnocení; a_l - náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 172 922 jedinců; $e_{ijklmno}$ je náhodný reziduální efekt.

Základní editace a příprava datových souborů, zpracování výsledků a statistické vyhodnocení bylo provedeno programem SAS 9.4. (SAS. 2016). Programový balík BLUPF90 (Miszta) byl použit pro odhad genetických parametrů a plemenných hodnot.

Rodokmen byl složen z 172 922 jedinců, kde z toho 8 735 býků a 164 187 krav. Genotypovaných krav bylo 21 640 a genotypovaných býků 5 154. Počet generací v rodokmenu byl 3. Počet jedinců bez obou rodičů pak 22 202 krav a 1 443 býků. Všechna genotypovaná zvířata měla oba dva rodiče.

Plemenné zastoupení bylo následující: Datový soubor tvořilo 60 156 krav plemene H100 a další do celkového počtu 62 933 krav byly kříženky s dojnými plemeny min. H75. Otci těchto krav bylo 1 842 býků H100, 120 býků R100 a další tři byli kříženci plemene R. V rodokmenu bylo zastoupeno zvířat mezi otci bez rodičů: C100 109 a H100 887 býků; mezi matkami bez rodičů: C100 323 a H100 14 367 krav. Celkem bylo v rodokmenu H100 142 126 krav a jalovic, H100 6 889 a R100 601 býků. Mezi genotypovanými zvířaty bylo H100 21 116 a R100 311 krav a jalovic; býků H100 4 167, X100 550 a R100 409.

9.3 ODHADY GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT

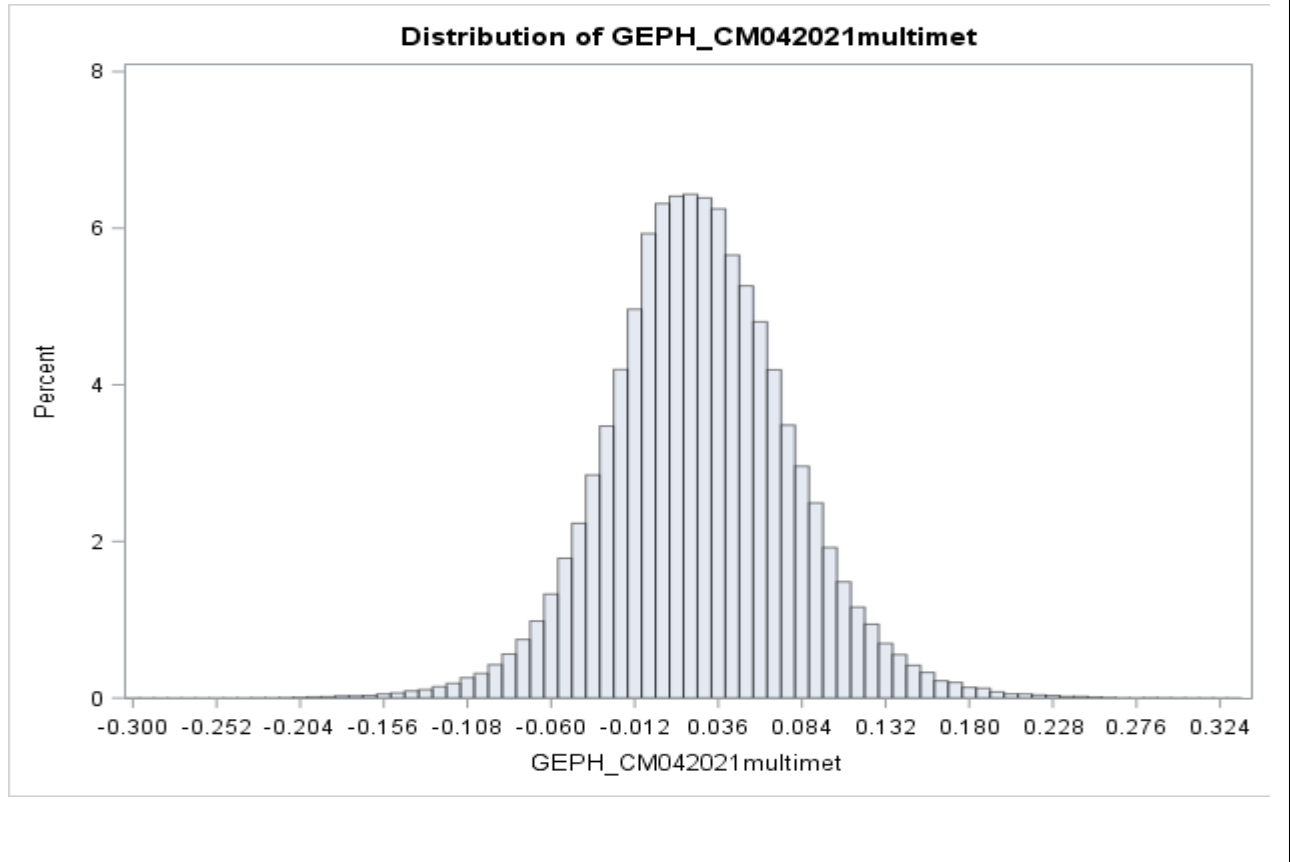
Průměry odhadů genomických plemenných hodnot pro vybrané skupiny zvířat jsou uvedeny v Tab. 11 včetně percentilů. Čím vyšší hodnota GEPH, tím vyšší výskyt KM. Rozložení četnosti pro genomické plemenné hodnoty zvířat bez rodičů je uvedeno na Obrázku 7. Průměr genotypovaných býků je nižší než průměr krav, který je naopak vyšší než průměr celkem. To je v souladu i s genetickými trendy na Obrázku 8, kde trend pro krávy stoupá a pro býky klesá. Podle GEPH lze rozlišit zvířata s různým genetickým základem pro výskyt KM.

TAB 11. PRŮMĚRNÉ GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO KLINICKOU MASTITIDU

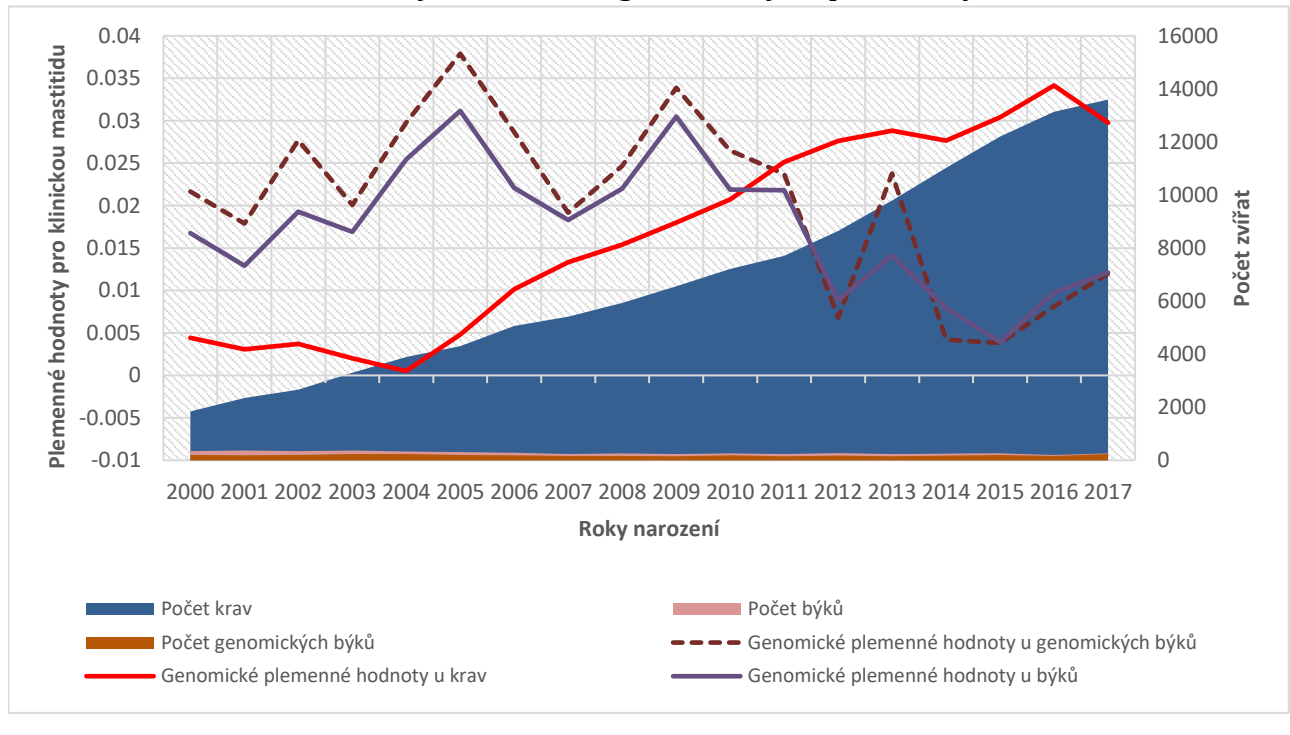
Skupina	Počet	Průměr	Směrodatná odchylka	Minimum	PR 10	PR 25	PR 75	PR 90	Maximum
Celkem	172 922	0,022	0,050	-0,301	-0,034	-0,006	0,052	0,086	0,329
Jedinci s rodiči	148 949	0,025	0,053	-0,301	-0,038	-0,008	0,058	0,091	0,329
Býci	7 284	0,017	0,065	-0,235	-0,063	-0,024	0,058	0,099	0,253
Krávy	141 665	0,026	0,052	-0,301	-0,037	-0,007	0,058	0,091	0,329
Genotypovaní býci	5 154	0,019	0,071	-0,235	-0,072	-0,030	0,068	0,110	0,253
Genotypované krávy	21 640	0,028	0,078	-0,301	-0,072	-0,025	0,081	0,128	0,329
Krávy s fenotypy	62 933	0,031	0,053	-0,216	-0,036	-0,004	0,065	0,098	0,307
Genotypované krávy s fenotypy	4 641	0,034	0,078	-0,216	-0,066	-0,019	0,087	0,134	0,298

PR – percentil

OBRÁZEK 7 ROZLOŽENÍ ČETNOSTI PRO GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY ZVÍŘAT S RODIČI



Obrázek 8 Genetické trendy na základě genomických plemenných hodnot



9.4 ODHADY SPOLEHLIVOSTÍ GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT

Spolehlivosti GEPH pro KM vypočtené víceznakovým modelem jsou uvedeny v Tab. 12. Průměr za všechny zvířata je 0,32 a nejvyšší hodnoty byly zjištěny v průměru u krav s fenotypy (KM 0/1). Maximální spolehlivosti byly zjištěny u býků. Průměrné spolehlivosti plemenných hodnot u býků i krav stoupaly s rokem narození (viz obrázky 9 a 10). U genotypovaných krav s fenotypy (viz obrázek 11) se průměry spolehlivosti nelišily podle roku narození. Na obrázku 12 je ukázáno, že v průměru mají genomičtí býci vyšší průměrnou spolehlivost než negenotypovaní. Obrázek 13 ukazuje vyšší průměr spolehlivosti u krav se sledovaným fenotypem. Celkem bylo nalezeno 7 042 býků se spolehlivostí nad 0,05, viz Tab. 13. Rozdělení četnosti pro relativní GEPH a spolehlivost jsou uvedeny na Obrázku 14 a 15. Relativní GEPH je vyjádřena tak, že hodnoty nad 100 znamenají genetické založení pro nižší výskyt klinické mastitidy.

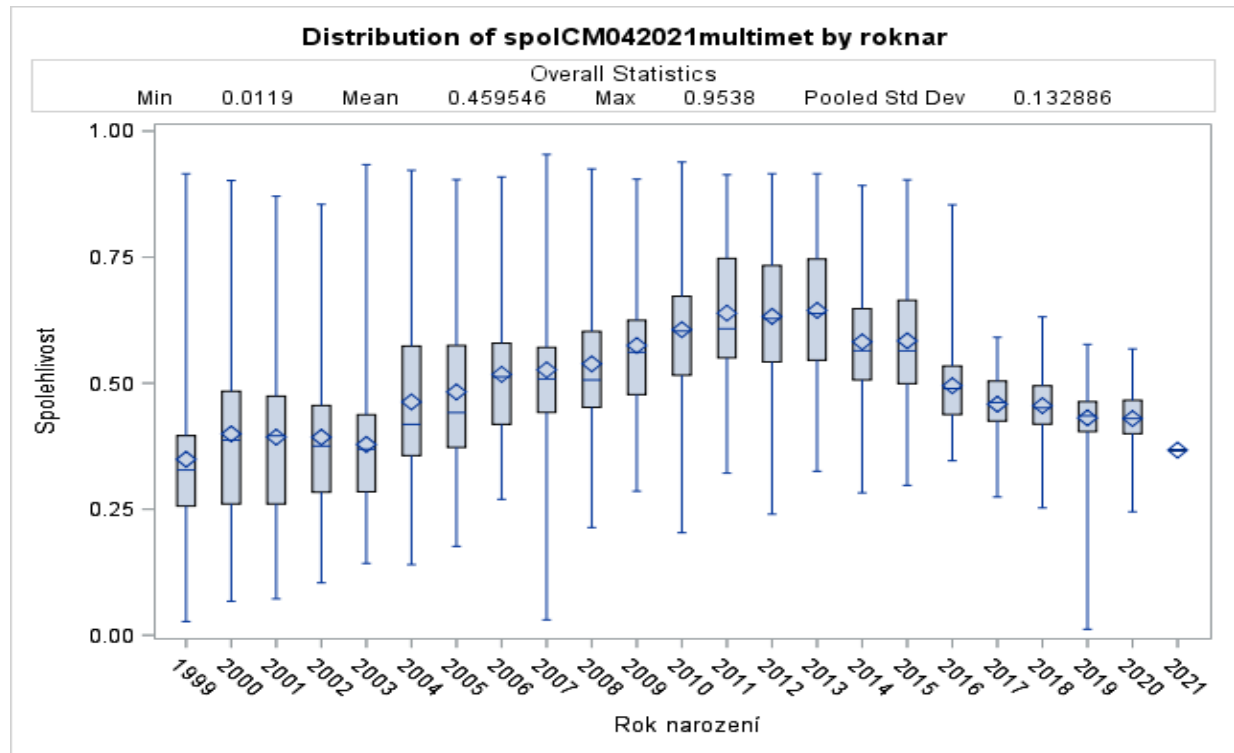
TAB 12. PRŮMĚRNÉ SPOLEHLIVOSTI GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO KLINICKOU MASTITIDU

Skupina	Počet	Průměr	Směrodatná odchylka	Minimum	PR 10	PR 25	PR 75	PR 90	Maximum
Celkem	172 922	0,32	0,181	0,00	0,01	0,18	0,46	0,51	0,95
Jedinci s rodiči	148 949	0,37	0,142	0,00	0,15	0,28	0,47	0,52	0,95
Býci	7 284	0,41	0,194	0,00	0,15	0,28	0,52	0,65	0,95
Krávy	141 665	0,36	0,139	0,00	0,15	0,28	0,47	0,52	0,74
Genotypovaní býci	5 154	0,46	0,167	0,01	0,26	0,36	0,55	0,68	0,95
Genotypované krávy	21 640	0,50	0,061	0,19	0,43	0,46	0,55	0,58	0,74
Krávy s fenotypy	62 933	0,45	0,066	0,14	0,36	0,41	0,49	0,53	0,74
Genotypované krávy s fenotypy	4 641	0,56	0,040	0,38	0,50	0,53	0,59	0,61	0,74

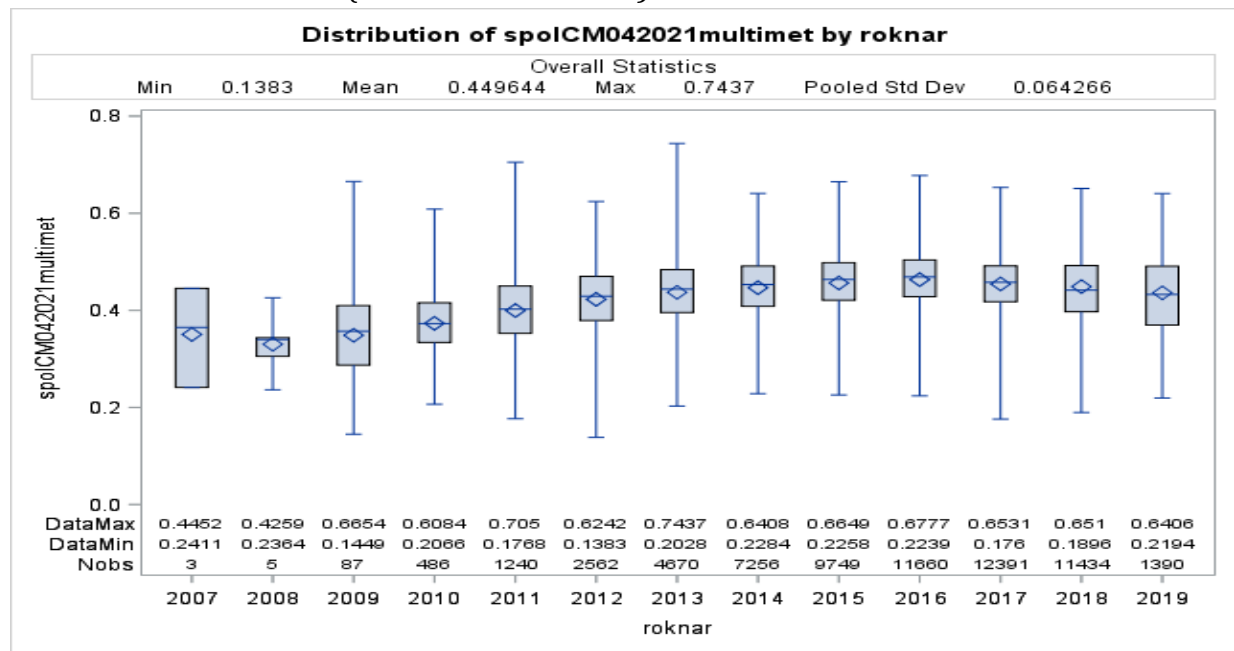
TAB 13. PRŮMĚRNÉ SPOLEHLIVOSTI GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO KM

	Počet	Průměr	Standardní odchylka	Minimum	10th Pctl	25th Pctl	75th Pctl	90th Pctl	Maximum
RGEPH	7 042	100,66	11,474	59,65	86,18	93,35	108,23	115,00	144,71
GEPH	7 042	0,02	0,066	-0,23	-0,06	-0,03	0,06	0,10	0,25
Spolehlivost	7 042	0,42	0,182	0,05	0,18	0,30	0,53	0,66	0,95

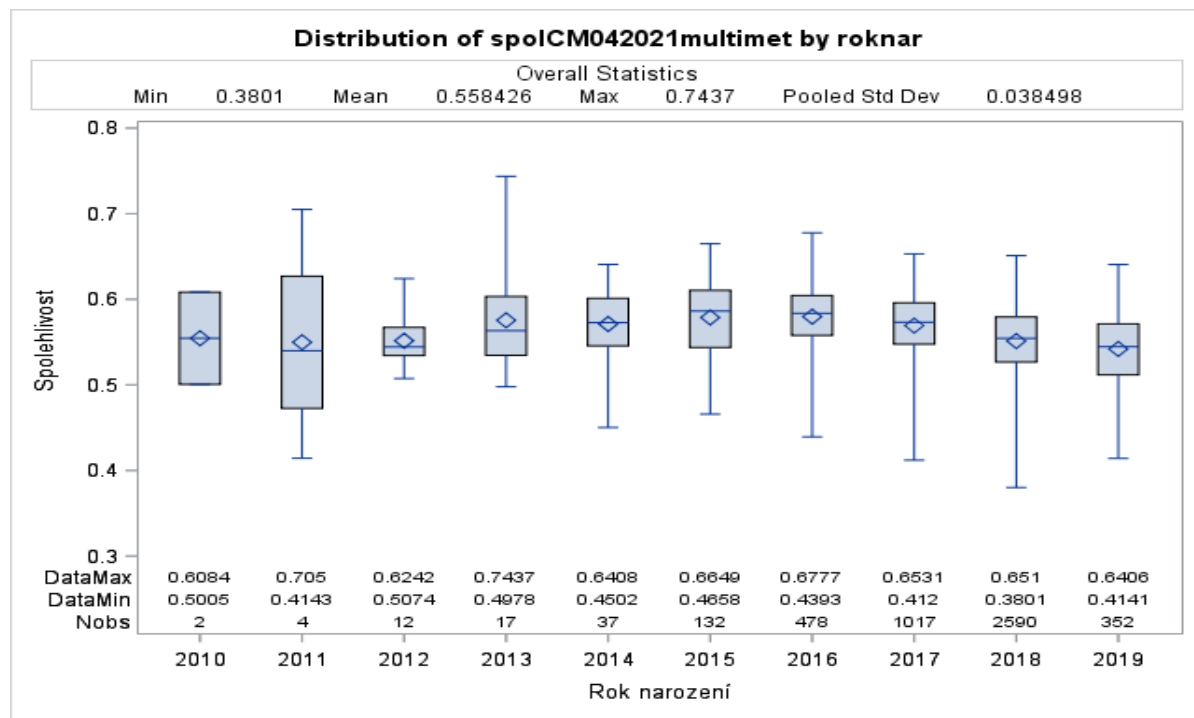
OBRÁZEK 9 PRŮMĚRNÁ SPOLEHLIVOST GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PODLE ROKU NAROZENÍ U GENOTYPOVANÝCH BÝKŮ



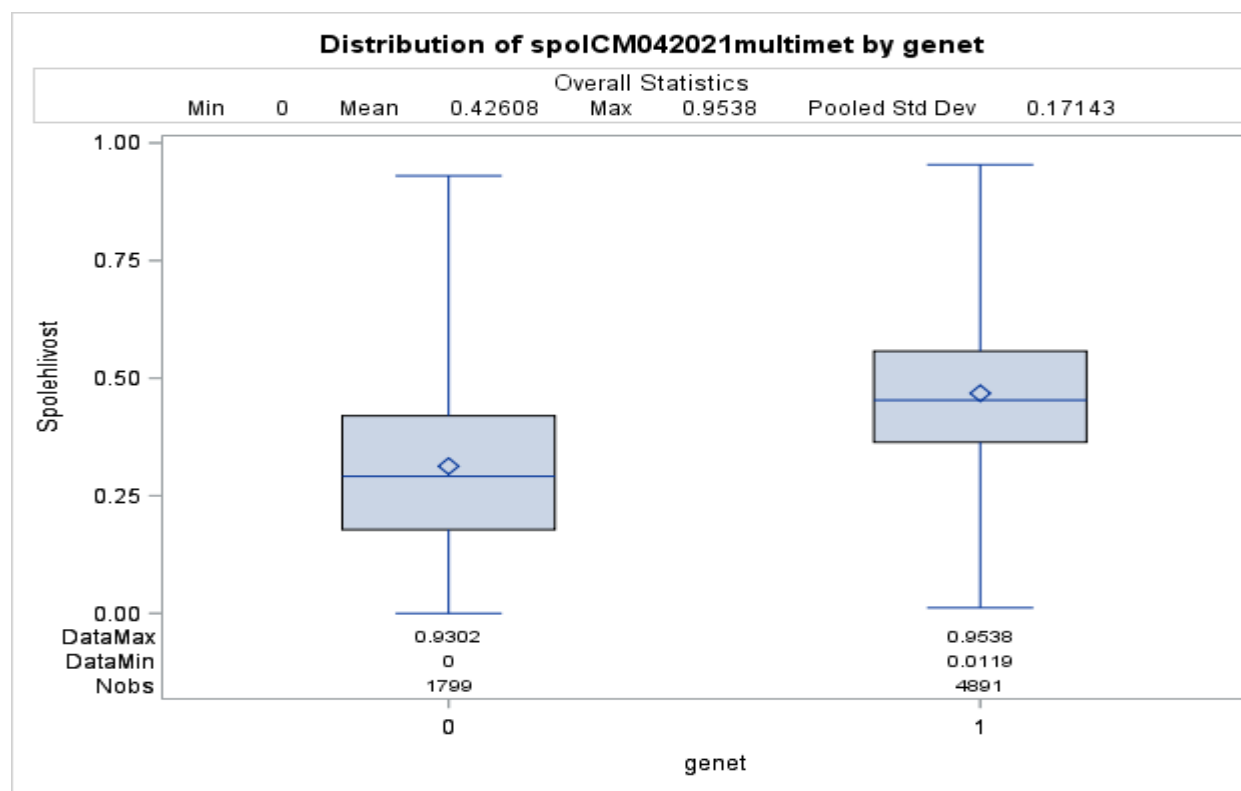
OBRÁZEK 10 PRŮMĚRNÁ SPOLEHLIVOST GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PODLE ROKU NAROZENÍ U KRAV S DATY (SLEDOVANÝ FENOTYP)



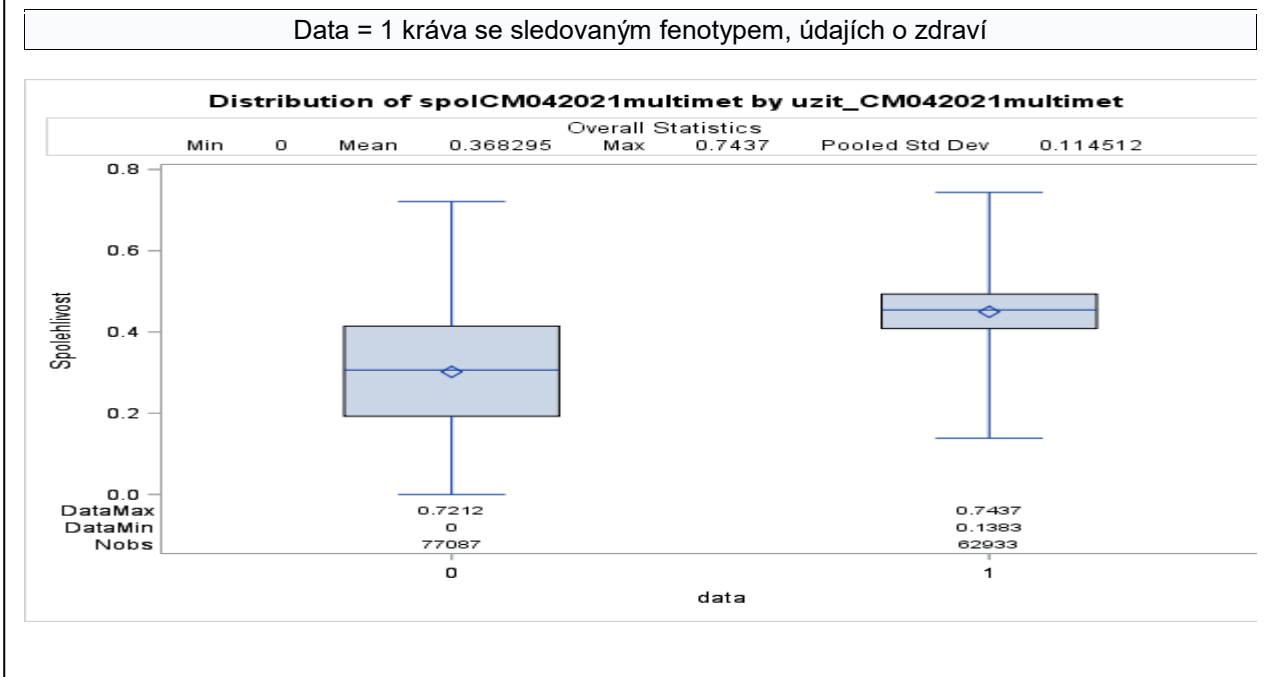
OBRÁZEK 11 PRŮMĚRNÁ SPOLEHLIVOST GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PODLE ROKU NAROZENÍ U GENOTYPOVANÝCH KRAV S UŽITKOVOSTÍ



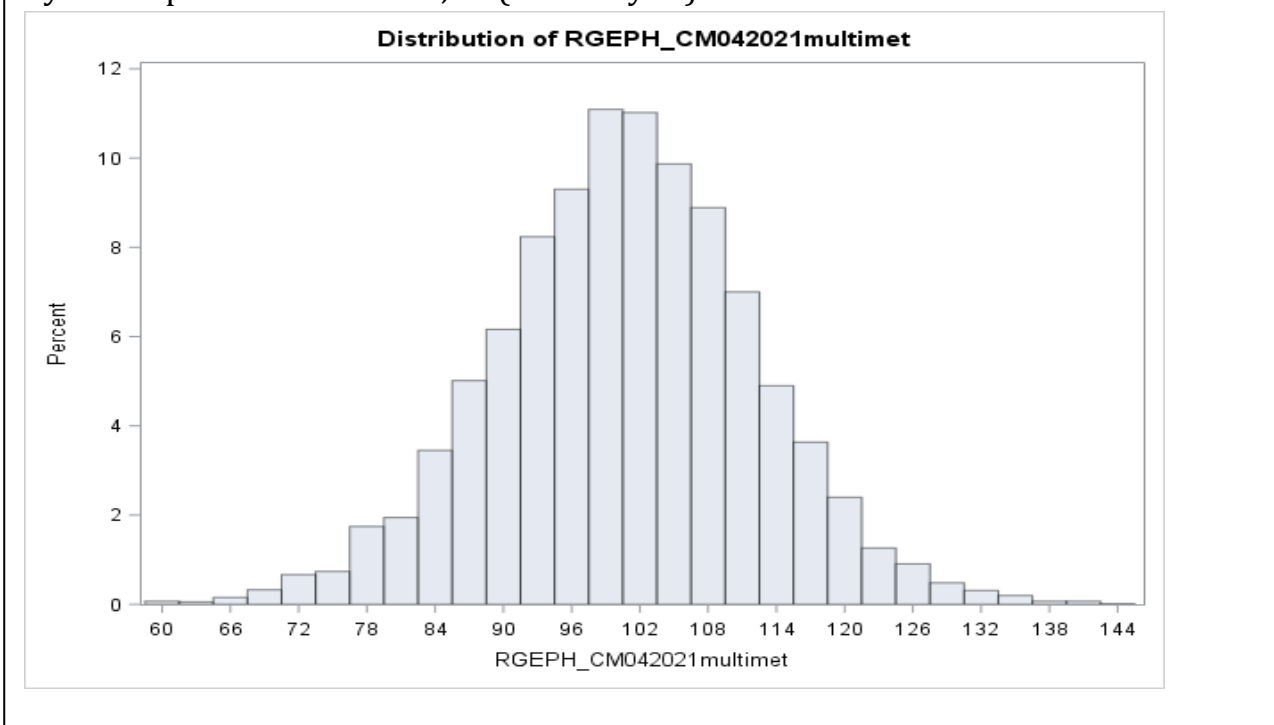
OBRÁZEK 12 PRŮMĚRNÁ SPOLEHLIVOST GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT BÝKŮ negenotypovaných (genet=0) a genotypovaných (genet=1) býků narozených po roku 1990.



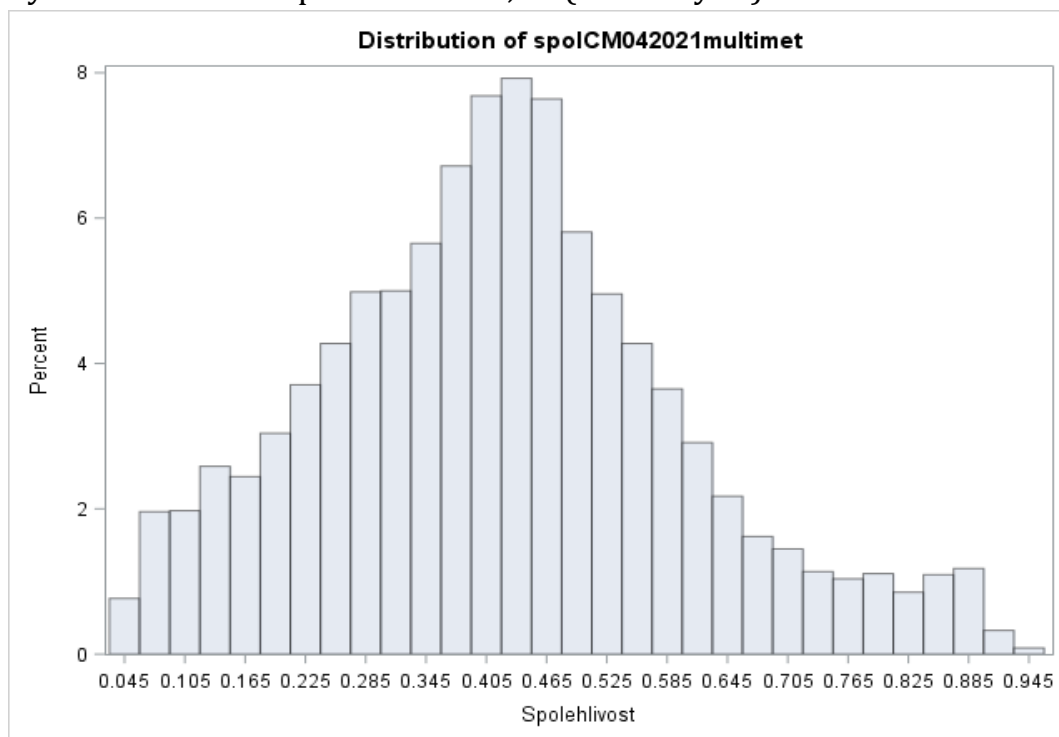
Obrázek 13 Průměrná spolehlivost genomických plemenných hodnot u krav s daty (1) a bez dat (0) narozených po roku 1990.



Obrázek 14 Rozložení četností pro relativní genomické plemenné hodnoty u býků se spolehlivostí nad 0,05 (7 042 býků)



Obrázek 15 Rozložení četnosti spolehlivosti genomických plemenných hodnot u býků s minimální spolehlivostí 0,05 (7 042 býků)



9.5 ROZDÍLY VE FENOTYPECH PRO DCERY BÝKŮ

Z výše uvedených býků s GEPH se spolehlivostí nad 0,05 byly vytvořeny dvě skupiny podle 10 percentilu a 90 percentilu. Skupina s geneticky daným nízkým výskytem KM zahrnovala býky s relativní GEPH nad 115,00, skupina s geneticky daným vysokým výskytem KM zahrnovala býky s relativní GEPH pod 86,18. Vybráno bylo 705 a 704 býků pro obě skupiny. Obě skupiny měly podobnou spolehlivost GEPH viz Tab. 14.

TAB 14. PRŮMĚRNÉ SPOLEHLIVOSTI GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO KM VE TŘECH SKUPINÁCH VYTVOŘENÝCH PODLE VÝŠE RELATIVNÍ GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO KM

Skupina podle relativní GEPH KM	Počet	Průměr	Standardní odchylka	Minimum	Maximum
pod 86,18 „vysoký výskyt KM“	705	0,49	0,162	0,07	0,93
86,18 až 115,00	5 633	0,41	0,185	0,05	0,95
nad 115,00 „nízký výskyt KM“	704	0,45	0,160	0,06	0,92

V Tab. 15 jsou počty diagnóz pro KM a další nemoci, které byly zaznamenány u dcer býků ve skupině s genetickým založením pro „nízký“ a „vysoký“ výskyt KM. Vstupní databázi by Deník nemocí a léčení. Jak je zřejmé, dcery mělo podchyceno v této databázi 365 býků s vysokou a 336 s nízkou relativní GEPH pro výskyt KM. Vysoká hodnota relativní GEPH znamená, že jedince má genetické založení pro nízký výskyt klinické mastitidy a naopak.

Zatímco spolehlivost GEPH byla v průměru pro obě skupiny podobná, průměrná GEPH byla vysoká pro skupinu s „vysokým výskytem KM“ a nízká pro skupinu s „nízkou výskytem KM“, což odpovídá obrácené hodnotě relativní GEPH pro KM. V Deníku bylo podchyceno 2x více dcer býků ze skupiny vysokého výskytu, které prokázaly absolutně více případů KM i dalších uvedených nemocí, u všech nemocí to byl 2x větší počet, což odpovídá 2x většímu počtu dcer; pro KM však nalezen 3,32x větší výskyt. Pokud byla provedena korekce na počet dcer, pak při vyjádření na 1 dceru byl v průměru u býka ze skupiny s vyšším výskytem opravdu **1,64 x** vyšší výskyt KM než ve skupině s nízkým výskytem. Jedná se o fenotypové rozdíly mezi skupinami s nízkou základě genetického odhadu. Potvrdilo se, že plemenné hodnoty pro KM odrážejí fenotypové poměry ve výskytu KM v populaci.

TAB 15. VÝSKYT KM A DALŠÍCH VYBRANÝCH NEMOCÍ V DATABÁZI NEMOCÍ NA ZÁKLADĚ DENÍKU LÉČENÍ PRO SKUPINY BÝKŮ S RELATIVNÍ GEPH PRO KM POD 86,18 A NAD 115,00

Skupina podle rel. GEPH	pod 86,18 Vysoký výskyt KM	nad 115,00 Nízký výskyt KM				
Počet býků	365/324 genomických	336/295 genomických				
GEPH, průměr	0,135±0,03	-0,103±0,03				
Spolehlivost, průměr	0,57± 0,16	0,54±0,15				
Roky narození	1993-2019	1994-2019				
Poměry mezi počty dcer dvou skupin býků						
Počet dcer	29 285	14 448	2,03	Vyjádření na jednu dceru		
Průměr počtu dcer na býka	80,23	43,00		pod 86,18	nad 115,00	poměr
Mastitida klinická	12 120	3 650	3,32	0,41	0,25	1,64
Metritida = poporodní zánět dělohy	4 474	2 096				
			2,13	0,15	0,15	1,05
Kulhání	2 337	1 067	2,19	0,08	0,07	1,08
Digitální dermatitida (DD)	1 995	964	2,07	0,07	0,07	1,02
Cysty = Syndrom ovariálních cyst	1 951	836	2,33	0,07	0,06	1,15
Chodidlový - Rusterholzův vřed (RV)	1 661	785				
			2,12	0,06	0,05	1,04

10 PŘÍLOHA PARAMETRICKÉ SOUBORY PRO PROGRAMOVÝ BALÍK BLUPF90

10.1 ZNAK KLINICKÁ MASTITIDA - JEDNOZNAKOVÝ MODEL

*v případě, že datové soubory budou mít nedostatečný rozsah pro využití víceznakového modelu

*efekt HYS je v následujícím parametrickém souboru rozdělen na 2 efekty: chov a sloučený efekt rok a období otelení

10.1.1 PARAMETRICKÝ MODEL PRO RENUMF90

```
# par pro renum
DATAFILE
data.dt
TRAITS
7
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1 # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
0.1334257
EFFECT
3 cross alpha #chov
EFFECT
4 cross alpha #rok obdobi otelení
EFFECT
6 cross alpha #vekotr
EFFECT
2 cross num #PE
RANDOM
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
0.8067E-02
EFFECT
1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
FILE
rodokmen.rk
FILE_POS
1 2 3 0 4
SNP_FILE
snpsnpsnp
(CO)VARIANCES
0.45111E-02
OPTION missing -999
```

10.1.2 PARAMETRICKÝ MODEL PRO BLUP90IOD2

BLUPF90 parameter file created by RENF90

DATAFILE

renf90.dat

NUMBER_OF_TRAITS

1

NUMBER_OF_EFFECTS

5

OBSERVATION(S)

1

WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT
NESTED]

2 83 cross

3 15 cross

4 15 cross

5 62933 cross

6 172922 cross

RANDOM_RESIDUAL_VALUES

0.13343

RANDOM_GROUP

4

RANDOM_TYPE

diagonal

FILE

(CO)VARIANCES

0.80670E-02

RANDOM_GROUP

5

RANDOM_TYPE

add_animal

FILE

renadd05.ped

(CO)VARIANCES

0.45111E-02

OPTION SNP_file snpsnpsnp

OPTION missing -999

OPTION maxrounds 150000

OPTION conv_crit 1e-14

10.1.3 PARAMETRICKÝ MODEL PRO PREGSF90

Odhad spolehlivosti 1. krok – výpočet diagonály matice G

```
DATAFILE
  renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
  1
NUMBER_OF_EFFECTS
  5
OBSERVATION(S)
  1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT
NESTED]
  2      83 cross
  3      15 cross
  4      15 cross
  5     62933 cross
  6    172922 cross
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
  0.13343
RANDOM_GROUP
  4
RANDOM_TYPE
  diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
  0.80670E-02
RANDOM_GROUP
  5
RANDOM_TYPE
  add_animal
FILE
renadd05.ped
(CO)VARIANCES
  0.45111E-02
OPTION SNP_file snpsnpsnp
OPTION saveDiagG
```

10.1.4 PARAMETRICKÝ MODEL PRO ACCF90GS

Výpočet spolehlivosti 2. krok

```
DATAFILE
  renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
  1
NUMBER_OF_EFFECTS
  5
OBSERVATION(S)
  1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT
NESTED]
  2      83 cross
  3      15 cross
  4      15 cross
  5     62933 cross
  6    172922 cross
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
  0.13343
RANDOM_GROUP
  4
RANDOM_TYPE
  diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
  0.80670E-02
RANDOM_GROUP
  5
RANDOM_TYPE
  add_animal
FILE
renadd05.ped
(CO)VARIANCES
  0.45111E-02
OPTION missing -999
OPTION SNP_file snpsnpsnp
OPTION Diag_file DiagG
OPTION missing -999
OPTION anim 5
OPTION pe 4
OPTION type 1.0
OPTION model animal
OPTION parent_avg yes
OPTION acc_maxrounds 150
```

10.2 ZNAK KLINICKÁ MASTITIDA - VÍCEZNAKOVÝ MODEL

Znaky: celková charakteristika vemene; hloubka vemene; závěsný vaz; šířka vemene; LSSB; KM

10.2.1 PARAMETRICKÝ SOUBOR PRO RENUMF90

```
# par pro renum multi
#put 1cislol15 2PE 3hys_ocomp 4hdcCOMP 5klasif
#6vekotr
#7vekot1 8vekot1_2 9dnyhod 10dnyhod2
#11vemsk 12hlvsk 13ZVsk 14sirvsk
#15scs
#16cm
DATAFILE
data.dt
TRAITS
 11 12 13 14 15 16#vemeno ;hloubka vemene ;zavesny vaz; sirka vemene; Lscs ;KM
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1 # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
 0.43188      0.27245      0.27691      0.20482      -0.56434E-01 -0.20295E-01
 0.27245      0.88232      0.75856E-01 -0.87276E-01 -0.40711E-01 -0.18574E-01
 0.27691      0.75856E-01  1.2093      0.16888      -0.36444E-01 -0.14467E-01
 0.20482      -0.87276E-01  0.16888      0.95248      0.22003E-02 -0.28607E-02
 -0.56434E-01 -0.40711E-01 -0.36444E-01  0.22003E-02  1.1366      0.91218E-01
 -0.20295E-01 -0.18574E-01 -0.14467E-01 -0.28607E-02  0.91218E-01  0.11713

EFFECT
0 0 0 0 3 3 cross alpha #hys
EFFECT
4 4 4 4 0 0 cross alpha #hod
EFFECT
5 5 5 5 0 0 cross alpha #hodnotitel
EFFECT
0 0 0 0 6 6 cross alpha #vek a pořadí laktace
EFFECT
7 7 7 7 0 0 cov #vekot1 * věk při prvním otelení
EFFECT
8 8 8 8 0 0 cov #vekot1_2 na druhou * věk při prvním otelení
EFFECT
9 9 9 9 0 0 cov #dnyhod * dny v laktaci při hodnocení
EFFECT
10 10 10 10 0 0 cov #dnyhod * dny v laktaci při hodnocení na druhou
EFFECT
0 0 0 0 2 2 cross num #PE
RANDOM
diagonal
(CO)VARIANCES
 0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
 0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
 0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
 0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
 0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.19153      0.15834E-01
 0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.15834E-01  0.44794E-02

EFFECT
1 1 1 1 1 1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
FILE
rodokmen.rk
SNP_FILE
spnspnspn
#PED_DEPTH
#4
(CO)VARIANCES
 0.12350      0.22735      0.08627      0.04668      -0.05227      -0.00749
 0.22735      0.53808      0.08695      -0.02102      -0.11876      -0.02141
 0.08627      0.08695      0.29183      0.04148      -0.05244      -0.01160
 0.04668      -0.02102      0.04148      0.18450      0.02880      0.01142
 -0.05227      -0.11876      -0.05244      0.02880      0.15941      0.02661
 -0.00749      -0.02141      -0.01160      0.01142      0.02661      0.00508
OPTION MISSING -999
```

10.2.2 PARAMETRICKÝ SOUBOR PRO BLUPF9IOD2

```

# # BLUPF90 parameter file created by RENF90
DATAFILE
  renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
  6
NUMBER_OF_EFFECTS
  10
OBSERVATION(S)
  1 2 3 4 5 6
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
  0 0 0 0 7 7      817 cross
  8 8 8 8 0 0      1955 cross
  9 9 9 9 0 0        9 cross
  0 0 0 0 10 10     15 cross
 11 11 11 11 0 0 1 cov
 12 12 12 12 0 0 1 cov
 13 13 13 13 0 0 1 cov
 14 14 14 14 0 0 1 cov
  0 0 0 0 15 15    62933 cross
 16 16 16 16 16 16 172922 cross
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
  0.43188      0.27245      0.27691      0.20482      -0.56434E-01 -0.20295E-01
  0.27245      0.88232      0.75856E-01 -0.87276E-01 -0.40711E-01 -0.18574E-01
  0.27691      0.75856E-01  1.2093      0.16888      -0.36444E-01 -0.14467E-01
  0.20482      -0.87276E-01  0.16888      0.95248      0.22003E-02 -0.28607E-02
 -0.56434E-01 -0.40711E-01 -0.36444E-01  0.22003E-02  1.1366      0.91218E-01
 -0.20295E-01 -0.18574E-01 -0.14467E-01 -0.28607E-02  0.91218E-01  0.11713
RANDOM_GROUP
  9
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.19153      0.15834E-01
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.15834E-01  0.44794E-02
RANDOM_GROUP
  10
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
renadd10.ped
(CO)VARIANCES
  0.12350      0.22735      0.86270E-01  0.46680E-01 -0.52270E-01 -0.74900E-02
  0.22735      0.53808      0.86950E-01 -0.21020E-01 -0.11876      -0.21410E-01
  0.86270E-01  0.86950E-01  0.29183      0.41480E-01 -0.52440E-01 -0.11600E-01
  0.46680E-01 -0.21020E-01  0.41480E-01  0.18450      0.28800E-01  0.11420E-01
 -0.52270E-01 -0.11876      -0.52440E-01  0.28800E-01  0.15941      0.26610E-01
 -0.74900E-02 -0.21410E-01 -0.11600E-01  0.11420E-01  0.26610E-01  0.50800E-02
OPTION SNP_file snpsnpsnp
OPTION missing -999
OPTION maxrounds 150000
OPTION conv_crit 1e-14

```

10.2.3 PARAMETRICKÝ MODEL PRO PREGSF90

Odhad spolehlivosti 1. krok – výpočet diagonály matice G

```
# BLUPF90 parameter file created by RENF90
DATAFILE
  renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
  6
NUMBER_OF_EFFECTS
  10
OBSERVATION(S)
  1 2 3 4 5 6
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
  0 0 0 0 7 7 817 cross
  8 8 8 8 0 0 1955 cross
  9 9 9 9 0 0 9 cross
  0 0 0 0 10 10 15 cross
  11 11 11 11 0 0 1 cov
  12 12 12 12 0 0 1 cov
  13 13 13 13 0 0 1 cov
  14 14 14 14 0 0 1 cov
  0 0 0 0 15 15 62933 cross
  16 16 16 16 16 16 172922 cross
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
  0.43188 0.27245 0.27691 0.20482 -0.56434E-01 -0.20295E-01
  0.27245 0.88232 0.75856E-01 -0.87276E-01 -0.40711E-01 -0.18574E-01
  0.27691 0.75856E-01 1.2093 0.16888 -0.36444E-01 -0.14467E-01
  0.20482 -0.87276E-01 0.16888 0.95248 0.22003E-02 -0.28607E-02
  -0.56434E-01 -0.40711E-01 -0.36444E-01 0.22003E-02 1.1366 0.91218E-01
  -0.20295E-01 -0.18574E-01 -0.14467E-01 -0.28607E-02 0.91218E-01 0.11713
RANDOM_GROUP
  9
RANDOM_TYPE
  diagonal
FILE

(CO) VARIANCES
  0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
  0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
  0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
  0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
  0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.19153 0.15834E-01
  0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.15834E-01 0.44794E-02
RANDOM_GROUP
  10
RANDOM_TYPE
  add_animal
FILE
renadd10.ped
(CO) VARIANCES
  0.12350 0.22735 0.86270E-01 0.46680E-01 -0.52270E-01 -0.74900E-02
  0.22735 0.53808 0.86950E-01 -0.21020E-01 -0.11876 -0.21410E-01
  0.86270E-01 0.86950E-01 0.29183 0.41480E-01 -0.52440E-01 -0.11600E-01
  0.46680E-01 -0.21020E-01 0.41480E-01 0.18450 0.28800E-01 0.11420E-01
  -0.52270E-01 -0.11876 -0.52440E-01 0.28800E-01 0.15941 0.26610E-01
  -0.74900E-02 -0.21410E-01 -0.11600E-01 0.11420E-01 0.26610E-01 0.50800E-02
OPTION SNP_file snpsnpsnp
OPTION saveDiagG
```

10.2.4 PARAMETRICKÝ MODEL PRO ACCF90GS

```

# BLUPF90 parameter file created by RENF90
DATAFILE
  renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
  6
NUMBER_OF_EFFECTS
  10
OBSERVATION(S)
  1 2 3 4 5 6
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
  0 0 0 0 7 7      817 cross
  8 8 8 8 0 0      1955 cross
  9 9 9 9 0 0        9 cross
  0 0 0 0 10 10     15 cross
 11 11 11 11 0 0 1 cov
 12 12 12 12 0 0 1 cov
 13 13 13 13 0 0 1 cov
 14 14 14 14 0 0 1 cov
  0 0 0 0 15 15     62933 cross
 16 16 16 16 16 16 172922 cross

RANDOM_RESIDUAL_VALUES
  0.43188      0.27245      0.27691      0.20482      -0.56434E-01 -0.20295E-01
  0.27245      0.88232      0.75856E-01 -0.87276E-01 -0.40711E-01 -0.18574E-01
  0.27691      0.75856E-01  1.2093      0.16888      -0.36444E-01 -0.14467E-01
  0.20482      -0.87276E-01  0.16888      0.95248      0.22003E-02 -0.28607E-02
 -0.56434E-01 -0.40711E-01 -0.36444E-01  0.22003E-02  1.1366      0.91218E-01
 -0.20295E-01 -0.18574E-01 -0.14467E-01 -0.28607E-02  0.91218E-01  0.11713

RANDOM_GROUP
  9

RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.19153      0.15834E-01
  0.0000      0.0000      0.0000      0.0000      0.15834E-01  0.44794E-02

RANDOM_GROUP
  10

RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
renadd10.ped
(CO)VARIANCES
  0.12350      0.22735      0.86270E-01  0.46680E-01 -0.52270E-01 -0.74900E-02
  0.22735      0.53808      0.86950E-01 -0.21020E-01 -0.11876      -0.21410E-01
  0.86270E-01  0.86950E-01  0.29183      0.41480E-01 -0.52440E-01 -0.11600E-01
  0.46680E-01 -0.21020E-01  0.41480E-01  0.18450      0.28800E-01  0.11420E-01
 -0.52270E-01 -0.11876      -0.52440E-01  0.28800E-01  0.15941      0.26610E-01
 -0.74900E-02 -0.21410E-01 -0.11600E-01  0.11420E-01  0.26610E-01  0.50800E-02

OPTION SNP_file snpsnpsnp
OPTION missing -999
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION cg 2 2 2 2 1 1
OPTION anim 10
OPTION pe 9
OPTION type 1.0
OPTION model animal
OPTION parent_avg yes
OPTION acc_maxrounds 1550

```

11 PŘÍLOHA DATABAZOVÉ SOUBORY

11.1 DATOVÝ SOUBOR PRO VÍCEZNAKOVÝ MODEL

1. Registrační číslo zvířete – efekt jedince
2. Pořadové číslo krávy s užitkovostí – efekt trvalého pořadí krávy
3. stádo-rok-období otelení - hys
4. stádo-rok-období hodnocení – hd
5. bonitér
6. Pořadí laktace a věku při otelení
7. Věk při prvním otelení ve dnech
8. Věk při prvním otelení ve dnech na druhou
9. Dny laktace při hodnocení ve dnech
10. Dny laktace ve dnech na druhou
11. Třída pro celkovou charakteristiku vemeno
12. Třída pro hloubku vemene
13. Třída pro závěsný vaz
14. Třída pro šířku vemene
15. Skóre somatických buněk
16. Klinická mastitida

```
203000296264953 12673 7220174 7220152 820 11 750 562500 91 8281 5 7 8 8 1.6040713237 0
203000573739961 45363 5120191 5120163 820 11 732 535824 115 13225 5 7 7 8 2.0840642648 0
203000256668981 6688 3720184 3720161 820 11 778 605284 85 7225 5 6 8 6 2.1634987323 0
203000274802981 9111 3720184 3720163 820 8 739 546121 52 2704 5 7 7 7 -999 0
203000266955971 8052 3220174 3220161 820 8 693 480249 88 7744 5 7 7 7 1.1634987323 0
203000274850981 9139 3720182 3720163 820 8 718 515524 36 1296 5 6 7 6 3.2016338612 0
203000336832953 17777 1220192 1220162 820 9 710 504100 57 3249 5 7 8 7 3.5558161551 0
203000336811953 17769 1220191 1220163 820 9 786 617796 85 7225 5 7 8 7 3.7655347464 0
203000256689981 6711 3720182 3720161 820 11 743 552049 102 10404 5 6 7 7 1.2141248054 0
203000279288981 10024 4020193 4020164 820 11 692 478864 52 2704 5 7 7 5 1.748461233 0
203000537566961 42563 5120191 5120163 820 11 813 660969 147 21609 5 6 7 8 2 0
203000294142952 12199 520182 520153 820 11 766 586756 51 2601 5 7 7 7 2.464668267 0
203000573855961 45395 5120193 5120163 820 11 722 521284 69 4761 5 7 7 7 2.6415460291 1
203000573803961 45381 5120192 5120163 820 11 753 567009 62 3844 5 7 8 7 2.748461233 0
203000314471953 14809 1220193 1220162 820 12 798 636804 62 3844 5 6 7 8 3.2387868596 0
203000573985961 45437 5120194 5120163 820 11 716 512656 85 7225 5 6 8 8 3.5655971759 1
203000279256981 10009 4020193 4020164 820 10 689 474721 73 5329 5 6 8 7 4.1043366598 1
203000296244953 12668 7220181 7220152 820 11 755 570025 101 10201 5 7 7 5 4.3950627995 1
203000537573961 42565 5120184 5120162 820 11 767 588289 79 6241 5 6 7 8 4.8836208163 0
203000573813961 45382 5120184 5120163 820 11 682 465124 132 17424 5 6 8 7 5.7865963619 0
203000573704961 45354 5120191 5120163 820 11 713 508369 150 22500 5 6 7 7 6.6229303509 0
203000256556981 6566 3720183 3720153 820 11 713 508369 123 15129 5 7 7 6 7.1818976431 1
203000255841981 6371 4020194 4020151 820 14 723 522729 51 2601 5 7 8 6 -999 0
203000256076981 6408 4020194 4020154 820 14 673 452929 116 13456 5 7 8 7 -999 0
203000311234952 14286 520174 520162 820 5 721 519841 78 6084 4 6 8 7 3.8237493603 0
203000284060971 11195 4420173 4420163 820 5 711 505521 85 7225 4 5 6 8 4.3504972471 0
203000294155952 12212 520173 520153 820 8 706 498436 77 5929 4 5 8 7 -999 1
203000294212952 12231 520173 520161 820 8 742 550564 75 5625 4 6 7 5 -999 0
203000526088961 41809 3420182 3420154 820 8 766 586756 124 15376 4 6 6 7 0.8797057663 0
203000336949953 17829 1220191 1220163 820 9 660 435600 56 3136 4 7 7 7 3.3561438102 1
```

11.2 DATOVÝ SOUBOR PRO JEDNOZNAKOVÝ MODEL

1. Registrační číslo zvířete – efekt jedince
2. Pořadové číslo krávy s užitkovostí – efekt trvalého pořadí krávy
3. Stádo
4. Pořadí laktace
5. Pořadí laktace a věku při otelení
6. Klinická mastitida

```
203000266404972 7910 79 12019 1 2 0
203000266404972 7910 79 32020 2 6 0
203000628622961 49774 30 22020 3 9 0
276000355742109 62932 30 42020 5 15 1
203000324967953 15874 60 22018 2 5 0
203000418165921 28844 45 42019 2 6 0
203000099643911 5 41 42018 5 14 1
203000541667961 42807 11 22018 3 9 1
203000541667961 42807 11 32019 4 12 0
203000640773961 50392 11 42018 2 5 0
203000640773961 50392 11 22020 3 8 0
203000444237961 32100 11 32018 5 14 1
203000509209961 39829 11 42018 5 14 0
203000368500961 21862 11 22018 5 14 1
203000483193931 36426 68 12018 4 11 0
203000509294961 39846 11 32018 4 12 0
203000509294961 39846 11 42019 5 15 0
203000509294961 39846 11 42020 5 14 0
203000511233961 39972 22 32019 5 14 0
203000463197932 34502 27 32019 3 8 0
203000232301972 3559 79 12018 2 5 1
203000232301972 3559 79 12019 3 8 0
203000232301972 3559 79 12020 4 11 0
203000163698972 393 79 32017 5 14 0
203000497444931 38703 48 22019 5 14 0
203000204749972 1210 79 22018 5 14 0
203000204749972 1210 79 22019 5 14 0
203000260404953 6882 60 22018 5 14 1
203000324824953 15709 60 22018 2 5 0
203000324824953 15709 60 22019 3 8 0
```

11.3 RODOKMENOVÝ SOUBOR

1. Registrační číslo zvířete
2. Registrační číslo otce
3. Registrační číslo matky
4. Rok narození

203000099065487	0	0	2001
203000099065521	203000831865404	0	1982
203000099065526	203316066101501	203000055916526	1986
203000099065527	203316058856510	203000035735527	1985
203000099065541	203316054952609	203000083301541	1993
203000099065543	203316044912505	203000041232543	1993
203000099065549	203316018007521	203000027865549	1988
203000099065587	203000079529581	203000049245547	1993
203000099065590	203000009683790	203000011501550	1997
203000099065601	203000008935708	0	1982
203000099065623	203000035640406	0	0
203000099065624	528000011343901	0	1985
203000099065629	203000842984503	203000093515609	1987
203000099065632	203001085042609	203000072918632	1990
203000099065643	276001020129540	276001021292410	1995
203000099065647	276000913546529	203000061217647	1994
203000099065653	124000000327894	0	1984
203000099065654	0	0	1986
203000099065673	203316001042131	203000088148653	1990
203000099065674	203000002922357	203000082798654	1992
203000099065688	276000107246247	203000023348648	1995
203000099065691	203000084102689	203000013635651	1997
203000099065702	203000810442506	0	0
203000099065726	203316040689203	0	1983

11.4 SOUBOR GENOMICKÝCH ÚDAJŮ

Obsahuje registrační číslo zvířete ve shodném formátu se vstupním rodokmenovým souborem a SNP oddělení alespoň mezerou a překódované podle požadavků programového balíku BLUPF na 0, 1, 2 a 5.

Příklad

```
372211056181109 221221115125212000202020020220221210211011005200  
atd
```

12PŘÍLOHA VÝSTUP PROGRAMU BLUPF90IOD2

BLUP90IOD2 3.111
 Timed version for PLEMDAT
 Expiration date: 2022/3 today is 2021/6
 name of parameter file?

B
 BLUP90IOD2 ver. 3.111 licensed

Parameter file: B
 Data file: renf90.dat
 Number of Traits 6
 Number of Effects 10
 Position of Observations 1 2 3 4 5 6
 Position of Weight (1) 0
 Value of Missing Trait/Observation 0

EFFECTS

#	type	position (2)		levels		[positions for nested]	
1	cross-classified	0	0	0	7	7	817
2	cross-classified	8	8	8	8	0	1955
3	cross-classified	9	9	9	9	0	9
4	cross-classified	0	0	0	10	10	15
5	covariable	11	11	11	11	0	1
6	covariable	12	12	12	12	0	1
7	covariable	13	13	13	13	0	1
8	covariable	14	14	14	14	0	1
9	cross-classified	0	0	0	15	15	62933
10	cross-classified	16	16	16	16	16	172922

Residual (co)variance Matrix
 0.43188 0.27245 0.27691 0.20482 -0.56434E-01-0.20295E-01
 0.27245 0.88232 0.75856E-01-0.87276E-01-0.40711E-01-0.18574E-01
 0.27691 0.75856E-01 1.2093 0.16888 -0.36444E-01-0.14467E-01
 0.20482 -0.87276E-01 0.16888 0.95248 0.22003E-02-0.28607E-02
 -0.56434E-01-0.40711E-01-0.36444E-01 0.22003E-02 1.1366 0.91218E-01
 -0.20295E-01-0.18574E-01-0.14467E-01-0.28607E-02 0.91218E-01 0.11713

Random Effect(s) 9
 Type of Random Effect: diagonal
 trait effect (CO)VARIANCES
 1 9 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000
 2 9 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000
 3 9 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000
 4 9 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000
 5 9 0.000 0.000 0.000 0.000 0.1915 0.1583E-01
 6 9 0.000 0.000 0.000 0.000 0.1583E-01 0.4479E-02

Random Effect(s) 10
 Type of Random Effect: additive animal
 Pedigree File: renadd10.ped
 trait effect (CO)VARIANCES
 1 10 0.1235 0.2273 0.8627E-01 0.4668E-01 -0.5227E-01 -0.7490E-02
 2 10 0.2273 0.5381 0.8695E-01 -0.2102E-01 -0.1188 -0.2141E-01
 3 10 0.8627E-01 0.8695E-01 0.2918 0.4148E-01 -0.5244E-01 -0.1160E-01
 4 10 0.4668E-01 -0.2102E-01 0.4148E-01 0.1845 0.2880E-01 0.1142E-01
 5 10 -0.5227E-01 -0.1188 -0.5244E-01 0.2880E-01 0.1594 0.2661E-01
 6 10 -0.7490E-02 -0.2141E-01 -0.1160E-01 0.1142E-01 0.2661E-01 0.5080E-02

REMARKS

- (1) Weight position 0 means no weights utilized
- (2) Effect positions of 0 for some effects and traits means that such effects are missing for specified traits

* START JOB: 06-01-2021 21h 25m 59s 384

Options read from parameter file
 * convergence criterion (default=1e-12): 1.0000000000000000E-014
 * maximum number of iterations (default=5000): 150000
 * missing observation (default=0): -999

Options read from parameter file for genomic
 * SNP format: BLUPF90 standard (text)
 * SNP file: kgen001duben

* SNP Xref file: kgen001duben_XrefID

Data record length = 16
equations = 1431930
* blksize = 1
* initial equation = 0

G
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.19153 0.15834E-01
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.15834E-01 0.44794E-02

G inverse
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 7.3769 -26.076
0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 -26.076 315.42

G
0.12350 0.22735 0.86270E-01 0.46680E-01-0.52270E-01-0.74900E-02
0.22735 0.53808 0.86950E-01-0.21020E-01-0.11876 -0.21410E-01
0.86270E-01 0.86950E-01 0.29183 0.41480E-01-0.52440E-01-0.11600E-01
0.46680E-01-0.21020E-01 0.41480E-01 0.18450 0.28800E-01 0.11420E-01
-0.52270E-01-0.11876 -0.52440E-01 0.28800E-01 0.15941 0.26610E-01
-0.74900E-02-0.21410E-01-0.11600E-01 0.11420E-01 0.26610E-01 0.50800E-02

G inverse
197.85 -80.581 -30.625 -42.865 48.535 -275.70
-80.581 35.096 12.153 17.343 -19.060 117.71
-30.625 12.153 9.7004 3.0810 -15.186 100.84
-42.865 17.343 3.0810 20.914 8.9378 -76.903
48.535 -19.060 -15.186 8.9378 95.414 -563.33
-275.70 117.71 100.84 -76.903 -563.33 3640.4

datafile : renf90.dat

data integer fields: 7 8 9 10 15 16
data real fields: 1 2 3 4 5 6 11 12 13 14

Create_M
Read 101261 records from data file
Opening pedigree file : renadd10.ped
Read 172922 additive pedigrees

```
*-----*
*                               *
*           Genomic Library: Version 1.295           *
*                               *
*           Optimized OpenMP Version - 56 threads     *
*                               *
* Modified relationship matrix (H) created for effect: 10 *
*-----*
```

Read 172922 animals from pedigree file: "renadd10.ped"
Number of Genotyped Animals: 26794

Creating A22
Extracting subset of: 78254 pedigrees from: 172922 elapsed time: 0.5480
Calculating A22 Matrix by Colleau OpenMP...elapsed time: 2.2461
Numbers of threads=28 56

Reading SNP file
Column position in file for the first marker: 17
Format to read SNP file: (16x,400000i1)
Number of SNPs: 54609
Format: integer genotypes (0 to 5) to double-precision array
Number of Genotyped animals: 26794
Reading SNP file elapsed time: 45.60

Statistics of alleles frequencies in the current population
N: 54609
Mean: 0.539
Min: 0.000
Max: 1.000
Var: 0.106

Quality Control - SNPs with Call Rate < callrate (0.90) will removed: 14301

Quality Control - SNPs with MAF < minfreq (0.05) will removed: 13081

```

Quality Control - Monomorphic SNPs will be removed: 3654
Quality Control - Removed Animals with Call rate < callrate ( 0.90): 324
Quality Control - Check Parent-Progeny Mendelian conflicts

Total animals: 172922 - Genotyped animals: 26794 - Effective: 26470

Number of pairs Individual - Sire: 19704
Number of pairs Individual - Dam: 3237
Number of trios Individual - Sire - Dam: 2460

No sex Chromosome information is available !!
QC for parent-progeny conflicts, HWE or heritability of gene content, could eliminate SNPs in
sex Chr
Provide map information and sex Chr to perform QC using autosomes

Checking SNPs for Mendelian conflicts

Total number of effective SNP: 35909
Total number of parent-progeny evaluations: 22941
Number of SNPs with Mendelian conflicts: 0

Checking Animals for Mendelian conflicts

Total number of effective SNP for checks on Animals: 35909

Number of Parent-Progeny Mendelian Conflicts: 377
Output stored in "Gen_conflicts"

*****
**      ALL PROGENY with conflicts will be removed !!!!      **
**                                                                 **
**      Use seekparentf90 program to correct conflicts !!      **
*****

Number of effective SNPs (after QC): 35909

Number of effective Individuals (after QC): 26115

Statistics of alleles frequencies in the current population after
Quality Control (MAF, monomorphic, call rate, HWE, Mendelian conflicts)
N:          35909
Mean:       0.525
Min:        0.050
Max:        0.950
Var:        0.065

Genotypes missings (%): 34.743

Genotypes missings after cleannig (%): 0.779

Calculating G Matrix
Dgemm MKL #threads= 28 56 Elapsed omp_get_time: 119.1643

Scale by Sum(2pq). Average: 13173.8363032614

Detecting samples with similar genotypes
elapsed time= 5.6

*****
* Possible genotype duplicates samples *
*****

i-j number of sample , i-j renumber Id, G(i,j), G(i,i), G(j,j), r(i,j)
1824 505 64757 63438 1.2101 1.2138 1.2136 0.9970
2676 1075 65609 64008 1.1382 1.1403 1.1411 0.9978
1512 1506 64445 64439 1.0594 1.0615 1.0635 0.9971
3430 3275 66363 66208 0.9058 0.9198 0.9204 0.9845
6690 6689 68896 14707 0.9431 0.9438 0.9438 0.9993
8781 8780 70314 70313 0.9641 0.9653 0.9655 0.9987
9731 9631 71086 70987 0.9290 0.9534 0.9365 0.9831
10518 10517 71600 61087 0.9065 0.9313 0.9792 0.9493
13850 13841 74446 74444 0.9250 0.9471 0.9957 0.9525
14130 14129 5783 74581 1.0437 1.0438 1.0438 0.9999
14396 14395 74644 74643 0.9590 0.9591 0.9591 0.9999
14410 14409 38735 74649 0.9592 0.9592 0.9595 0.9998

```

15027	15025	75183	75181	0.9949	0.9950	0.9949	0.9999
15111	15110	75267	75266	0.9902	0.9912	0.9912	0.9991
15439	15438	1733	47407	1.0007	1.0018	1.0013	0.9992
15583	15582	75451	75450	1.0328	1.0329	1.0328	0.9999
16488	16487	76349	76348	1.0236	1.0237	1.0238	0.9998
18162	18161	77813	19640	0.9774	0.9778	0.9774	0.9998
18878	18877	78348	78347	0.9455	0.9462	0.9462	0.9993
19344	19343	78814	78813	0.9813	0.9826	0.9823	0.9989
20241	20240	34158	16800	1.0518	1.0519	1.0521	0.9998
20774	20773	25102	7912	1.0368	1.0370	1.0369	0.9999
21290	21289	80071	80070	0.9787	0.9788	0.9788	0.9999
21953	21952	80694	80693	0.9793	0.9794	0.9794	0.9999
22738	22737	81379	81378	1.0175	1.0187	1.0186	0.9989
23667	23666	82199	82198	0.9728	0.9780	0.9796	0.9939
25003	24275	83295	82581	0.9909	0.9914	0.9923	0.9991
24288	24287	82594	82593	0.9925	0.9931	0.9932	0.9993
24539	24538	82839	82838	0.9640	0.9741	0.9707	0.9913

elapsed time= 2.9

Blend G as alpha*G + beta*A22: (alpha,beta) 0.950 0.050

Tuning: Scale G matrix according to A22 - Method: 2

Diagonal A:	1.026	Offdiagonal A:	0.052	All A:	0.052	Difference:	0.973
Diagonal G:	1.005	Offdiagonal G:	0.003	All G:	0.003	Difference:	1.003
Diff G Diag - G OffDiag:	1.003	(da-oa)/(dg-og):	0.971				
Diff A OffDiag - G OffDiag:	0.050						
Diff A all - G all:	0.050						
New Alpha:	0.922	New Beta:	0.049				
a + G*b; a:	0.050	b:	0.971				

Method to select individuals: 1

Number of individual selected: 26794

Frequency - Diagonal of G

N: 26115
Mean: 1.026
Min: 0.847
Max: 1.479
Range: 0.032
Class: 20

#Class	Class	Count
1	0.8474	4
2	0.8790	11
3	0.9105	182
4	0.9421	2245
5	0.9737	7716
6	1.005	8062
7	1.037	3782
8	1.068	1779
9	1.100	1155
10	1.132	594
11	1.163	312
12	1.195	128
13	1.226	81
14	1.258	33
15	1.289	19
16	1.321	4
17	1.353	3
18	1.384	2
19	1.416	2
20	1.447	1
21	1.479	0

Check for diagonal of genomic relationship matrix

Check for diagonal of genomic relationship matrix, genotypes not removed: 0

Final Pedigree-Based Matrix

Statistic of Rel. Matrix A22

	N	Mean	Min	Max	Var
Diagonal	26794	1.026	1.000	1.268	0.000
Off-diagonal	717891642	0.052	0.000	0.874	0.001

Final Genomic Matrix

Statistic of Genomic Matrix

	N	Mean	Min	Max	Var
Diagonal	26794	1.025	0.847	1.479	0.003
Off-diagonal	717891642	0.050	-0.127	1.192	0.001

Correlation of Genomic Inbreeding and Pedigree Inbreeding
Correlation: -0.0154

Diagonal elements

Estimating Regression Coefficients $G = b_0 11' + b_1 A + e$
Regression coefficients $b_0 \ b_1 = \quad 1.068 \quad -0.042$

Correlation diagonal elements G & A -0.015

All elements - Diagonal / Off-Diagonal

Estimating Regression Coefficients $G = b_0 11' + b_1 A + e$
Regression coefficients $b_0 \ b_1 = \quad 0.017 \quad 0.636$

Correlation all elements G & A 0.603

Off-Diagonal

Using 632127428 elements from A22 $\geq .02000$

Estimating Regression Coefficients $G = b_0 11' + b_1 A + e$
Regression coefficients $b_0 \ b_1 = \quad 0.016 \quad 0.633$

Correlation Off-Diagonal elements G & A 0.567

Creating A22-inverse

Inverse LAPACK MKL dpotrf/i #threads= 28 56 Elapsed omp_get_time: 64.9804

Final A22 Inv Matrix

Statistic of Inv. Rel. Matrix A22

	N	Mean	Min	Max	Var
Diagonal	26794	2.013	1.000	179.294	11.235
Off-diagonal	717891642	-0.000	-2.178	5.280	0.000

Creating G-inverse

Inverse LAPACK MKL dpotrf/i #threads= 28 56 Elapsed omp_get_time: 66.2945

Final Genomic Inv Matrix

Statistic of Inv. Genomic Matrix

	N	Mean	Min	Max	Var
Diagonal	26794	16.739	1.000	567.079	237.287
Off-diagonal	717891642	-0.001	-20.892	43.729	0.009

Check for diagonal of Inverse Genomic - Inverse of pedigree relationship matrix

Number of genotypes with $G^{ii} < A22^{ii}$: 31

Genotype number, renumber id and G_i-A22_i print in file: "Check_Diagonal_GimA22i"

Final G Inv - A22 Inv Matrix

Statistic of Inv. Genomic - A22 Matrix

	N	Mean	Min	Max	Var
Diagonal	26794	14.727	-150.842	486.117	181.317
Off-diagonal	717891642	-0.001	-19.580	38.448	0.008

* Setup Genomic Done !!!, elapsed time: 455.881 *

Create M elapsed time = 459.7 sec.

Invert M
elapsed time = .0 sec.

* START iteration: 06-01-2021 21h 33m 41s 446

Number of threads iod (default): 56

round =	1	eps =	0.6191	time =	3.92
round =	2	eps =	0.3535E-02	time =	3.91
round =	3	eps =	0.8989E-03	time =	3.92
round =	4	eps =	0.3880E-03	time =	3.82
round =	5	eps =	0.9985E-04	time =	3.86
round =	6	eps =	0.3645E-03	time =	3.25
round =	7	eps =	0.2372E-03	time =	2.37
round =	8	eps =	0.1442E-03	time =	2.45
round =	9	eps =	0.6528E-04	time =	2.43
round =	10	eps =	0.6165E-04	time =	2.19
round =	11	eps =	0.7556E-04	time =	2.17
round =	12	eps =	0.7507E-04	time =	2.09
round =	13	eps =	0.6148E-04	time =	2.09
round =	14	eps =	0.1282E-04	time =	2.15
round =	15	eps =	0.2467E-04	time =	2.04
round =	16	eps =	0.3208E-04	time =	2.04
round =	17	eps =	0.2678E-04	time =	2.03
round =	18	eps =	0.1491E-04	time =	2.00
round =	19	eps =	0.9029E-05	time =	2.00
round =	20	eps =	0.1733E-04	time =	2.06
round =	21	eps =	0.2588E-04	time =	2.02
round =	22	eps =	0.3300E-04	time =	2.01
round =	23	eps =	0.2856E-04	time =	2.01
round =	24	eps =	0.1744E-04	time =	2.01
round =	25	eps =	0.1207E-04	time =	2.02
round =	26	eps =	0.7631E-05	time =	2.01
round =	27	eps =	0.8035E-05	time =	2.01
round =	28	eps =	0.8481E-05	time =	2.01
round =	29	eps =	0.8630E-05	time =	2.01
round =	30	eps =	0.6794E-05	time =	2.01
round =	31	eps =	0.4135E-05	time =	1.99
round =	32	eps =	0.3957E-05	time =	2.00
round =	33	eps =	0.5181E-05	time =	2.01
round =	34	eps =	0.6976E-05	time =	2.01
round =	35	eps =	0.7642E-05	time =	1.96
round =	36	eps =	0.7116E-05	time =	2.01
round =	37	eps =	0.6104E-05	time =	1.96
round =	38	eps =	0.5408E-05	time =	1.99
round =	39	eps =	0.6449E-05	time =	2.02
round =	40	eps =	0.6973E-05	time =	2.00
round =	41	eps =	0.5926E-05	time =	1.96
round =	42	eps =	0.3932E-05	time =	1.95
round =	43	eps =	0.2174E-05	time =	2.07
round =	44	eps =	0.1670E-05	time =	2.08
round =	45	eps =	0.1427E-05	time =	1.96
round =	46	eps =	0.1783E-05	time =	1.95
round =	47	eps =	0.1997E-05	time =	1.93
round =	48	eps =	0.1715E-05	time =	2.09
round =	49	eps =	0.1295E-05	time =	2.02
round =	50	eps =	0.9914E-06	time =	2.03
round =	51	eps =	0.1201E-05	time =	1.97
round =	52	eps =	0.1591E-05	time =	2.08
round =	53	eps =	0.1926E-05	time =	1.93
round =	54	eps =	0.2040E-05	time =	1.97
round =	55	eps =	0.1650E-05	time =	2.01
round =	56	eps =	0.9190E-06	time =	2.01
round =	57	eps =	0.4089E-06	time =	1.96
round =	58	eps =	0.3553E-06	time =	1.93
round =	59	eps =	0.4168E-06	time =	1.96
round =	60	eps =	0.4009E-06	time =	1.93
round =	61	eps =	0.3341E-06	time =	2.01
round =	62	eps =	0.2877E-06	time =	2.01
round =	63	eps =	0.3116E-06	time =	2.02
round =	64	eps =	0.3164E-06	time =	2.02
round =	16555	eps =	0.3643E-11	time =	1.79
round =	16556	eps =	0.4033E-11	time =	1.79
round =	16557	eps =	0.6070E-11	time =	1.77

round = 16558	eps = 0.8887E-11	time = 1.77
round = 16559	eps = 0.1967E-10	time = 1.78
round = 16560	eps = 0.3480E-10	time = 1.78
round = 16561	eps = 0.5676E-10	time = 1.79
round = 16562	eps = 0.7966E-10	time = 1.78
round = 16563	eps = 0.1054E-09	time = 1.79
round = 16564	eps = 0.9363E-10	time = 1.79
round = 16565	eps = 0.6788E-10	time = 1.79
round = 16566	eps = 0.4409E-10	time = 1.80
round = 16567	eps = 0.2605E-10	time = 1.79
round = 16568	eps = 0.1170E-10	time = 1.80
round = 16569	eps = 0.6304E-11	time = 1.79
round = 16570	eps = 0.3112E-11	time = 1.80
round = 16571	eps = 0.2140E-11	time = 1.79
round = 16572	eps = 0.6880E-12	time = 1.77
round = 16573	eps = 0.2164E-12	time = 1.77
round = 16574	eps = 0.2325E-12	time = 1.78
round = 16575	eps = 0.8519E-12	time = 1.78
round = 16576	eps = 0.3732E-11	time = 1.78
round = 16577	eps = 0.7099E-11	time = 1.79
round = 16578	eps = 0.1639E-10	time = 1.79
round = 16579	eps = 0.2939E-10	time = 1.79
round = 16580	eps = 0.3840E-10	time = 1.79
round = 16581	eps = 0.2730E-10	time = 1.79
round = 16582	eps = 0.2292E-10	time = 1.79
round = 16583	eps = 0.1946E-10	time = 1.79
round = 16584	eps = 0.1600E-10	time = 1.80
round = 16585	eps = 0.1008E-10	time = 1.79
round = 16586	eps = 0.8302E-11	time = 1.78
round = 16587	eps = 0.5314E-11	time = 1.78
round = 16588	eps = 0.4340E-11	time = 1.78
round = 16589	eps = 0.2270E-11	time = 1.78
round = 16590	eps = 0.1818E-11	time = 1.78
round = 16591	eps = 0.7613E-12	time = 1.78
round = 16592	eps = 0.7457E-12	time = 1.79
round = 16593	eps = 0.2509E-12	time = 1.79
round = 16594	eps = 0.3404E-12	time = 1.80

round = 16611	eps = 0.3783E-13	time = 1.78
round = 16612	eps = 0.3134E-13	time = 1.79
round = 16613	eps = 0.3638E-13	time = 1.78
round = 16614	eps = 0.2737E-13	time = 1.79
round = 16615	eps = 0.3796E-13	time = 1.79
round = 16616	eps = 0.2797E-13	time = 1.79
round = 16617	eps = 0.3069E-13	time = 1.79
round = 16618	eps = 0.2282E-13	time = 1.79
round = 16619	eps = 0.3177E-13	time = 1.79
round = 16620	eps = 0.2527E-13	time = 1.79
round = 16621	eps = 0.3302E-13	time = 1.79
round = 16622	eps = 0.2779E-13	time = 1.77
round = 16623	eps = 0.3527E-13	time = 1.78
round = 16624	eps = 0.3252E-13	time = 1.78
round = 16625	eps = 0.3113E-13	time = 1.78
round = 16626	eps = 0.2755E-13	time = 1.78
round = 16627	eps = 0.2421E-13	time = 1.79
round = 16628	eps = 0.2515E-13	time = 1.79
round = 16629	eps = 0.1843E-13	time = 1.79
round = 16630	eps = 0.1926E-13	time = 1.79
round = 16631	eps = 0.1284E-13	time = 1.79
round = 16632	eps = 0.1443E-13	time = 1.80
round = 16633	eps = 0.1441E-13	time = 1.79
round = 16634	eps = 0.1844E-13	time = 1.80
round = 16635	eps = 0.1261E-13	time = 1.79
round = 16636	eps = 0.1890E-13	time = 1.80
round = 16637	eps = 0.8636E-14	time = 1.77

Average seconds per round = 1.83

* END iteration: 06-02-2021 06h 02m 21s 396
solutions stored in file: "solutions"
* FINISHED: 06-02-2021 06h 02m 24s 846

13 PŘÍLOHA ZPRACOVÁNÍ VÝSLEDKŮ V PROGRAMU SAS

```
/*Načtení údajů a vytvoření souboru výsledků*/

/*rodokmen*/
DATA ped ;
informat cislol5 $15.;
format cislol5 $15.;

infile 'renadd10.ped' missover lrecl=2500 ;

INPUT
pedid
pedot
petmat
c1
c2
c3
c4
c5
c6
  cislol5 $;
run;

proc sort nodupkey data= ped ;by pedid;run;

/*genomická zvířata*/

DATA XrefCM;
informat cislol5 $15.;
format cislol5 $15.;

infile 'kgen001duben_XrefID' missover lrecl=2500 ;

INPUT
pedid
  cislol5 $
;
keep pedid cislol5 genet ;
genet=1;
run;

proc sort nodupkey data=XrefCM;by pedid;run;

/*spolehlivosti*/

DATA spol;

infile 'sol_and_acc' missover lrecl=2500 ;

INPUT
znak
pocet
pedid
sol
  spolCMmultimet;
      if znak=6 and pocet=10;
keep pedid spolCMmultimet ;
run;

proc sort data= spol;by pedid;run;

DATA GEPHCM;

infile 'solutions' missover lrecl=2500 ;
INPUT
zet
```

```

code
  pedid
  GEPH_CMmultimet;
  if code =10;
    if zet=6;
  keep pedid
  GEPH_CMmultimet ;
run;

proc sort data= GEPHCM;by pedid;run;

data db.CM_multi;
  merge
  GEPHCM(in=in_1)
  spol(in=in_2)
  ped (in=in_3)
  XrefCM (in=in_4);
by pedid ;
if genet=. then genet=0;
run;

proc sort data= db.CM_multi;;by cislol5;run;

/*pohlavi rok nar*/

data POMOC;
set rodokmen;
KEEP POHLAVI ROKNAR cislol5 ;
;run;

proc sort nodupkey data= pomoc ;by cislol5;run;

proc sort nodupkey data= db.CM_multi ;by cislol5;run;

data db.CM_multi;
  merge
  db.CM_multi(in=in_1)
  pomoc (in=in_2);
  ;
if in_1 = 1 ;
by cislol5 ;
run;

/*Relativní plemenné hodnoty*/
/*prumery */;

proc sort data=db.CM_multi ;by rok nar;run;
proc means data=db.CM_multi ;var gepH_CMmultimet ;by rok nar;
where pohlAVI="M" and rok nar=2010 ;run;

rok nar=2010

/*Analysis Variable : GEPH_CMmultimet
N Mean Std Dev Minimum Maximum
262 0.0058314 0.0706153 -0.1930678 0.1848775 */

/*výpočet relativní plemenné hodnoty*/;
data db.CM_multi ;
set db.CM_multi ;
RGEPH_CMmultimet =
-(((GEPH_CMmultimet - 0.0058314 / 0.0706153 ) * 12) - 100);
run;

```

Vydal: Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i., Praha Uhřetěves

Název: ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT NA ZVÝŠENÍ ODOLNOSTI VŮČI KLINICKÉ MASTITIDĚ U HOLŠTÝNSKÉHO SKOTU

Autoři: Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. (50 %)
Ing. Eva Kašná, Ph.D. (40 %)
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (10 %)

Oponenti: **Ing. Zdenka Majzlíková**
Česká plemenářská inspekce, Praha

doc. Ing. Karel Mach, CSc.
emeritní docent, Katedra genetiky a šlechtění, Česká zemědělská univerzita v Praze

ISBN 978-80-7403-250-9

Vydáno bez jazykové úpravy.

Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.

Přátelství 815

104 00 Praha Uhřetěves

WWW.VUZV.CZ