VÚŽV

Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

Ludmila Zavadilová
Eva Kašná
Zuzana Krupová

2022

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

ISBN: 978-80-7403-273-8

Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT NA ZVÝŠENÍ ODOLNOSTI VŮČI NEMOCEM PAZNEHTŮ 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 Uhříněves
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.

Česká plemenářská inspekce

Slezská 100/7, Praha 2, 120 00

v y d á v á

O S V Ě D Č E N Í

8111/2022 - ČPI

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

Název metodiky: **Odhad genomických plemenných hodnot na zvýšení odolnosti vůči nemocem paznehtů u holštýnského skotu**

Autor / autoři: **Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. Ing. Eva Kašná, Ph.D. Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.**

Název organizace/cí: **Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i. se sídlem Přátelství 815, 104 00 Praha Uhříněves**

Místo vydání: **Praha**
Rok vydání: **2022**

Metodika byla vypracována v rámci výzkumného 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“

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy: Ing. Zdenka Majzlíková

Funkce zástupce odborného útvaru státní správy: vedoucí služebního úřadu - ředitelka

V Praze dne 3. 11.2022

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

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

Souhlas ředitele Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V ...Praze..... dne ...3. 11. 2022...

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

OBSAH

1 Cíl metodiky 7

2 Vlastní popis metodiky 7

2.1 Metoda odhadu 7

2.2 Modelová rovnice 7

2.2.1 Definice závislých proměnných 7

2.2.2 Definice pevných efektů v modelu 10

2.2.3 Definice náhodných efektů v modelu 11

2.3 Genetické parametry 11

2.3.1 Infekční nemoci paznehtů (INF) 11

2.3.2 Poruchy rohového pouzdra paznehtu (PRP) 11

2.3.3 Nemoci a poruchy paznehtu celkem (NPC) 12

2.4 Variančně-kovarianční matice 13

2.4.1 Infekční nemoci paznehtů (INF) 13

2.4.2 Poruchy rohového pouzdra paznehtu (PRP) 13

2.4.3 Nemoci a poruchy paznehtu celkem (NPC) 14

2.5 Genomická matice 14

2.6 Vlastní výpočet a použitý výpočetní software 14

2.7 Zpracování výsledků 14

2.7.1 Odhad plemenných hodnot 15

2.7.2 Odhad spolehlivosti plemenných hodnot 15

2.7.3 Rodokmenový soubor 16

2.7.4 Soubor genomických jedinců 16

3 Srovnání „novosti postupů“ 17

4 Popis uplatnění Certifikované metodiky 17

5 Ekonomické aspekty 17

6 Seznam použité literatury 18

7 Seznam publikací, které předcházely metodice 19

7.1 Certifikované metodiky 19

7.2 Vědecké publikace 19

7.3 Příspěvky na konferencích 20

7.4 Odborné články 20

8 Jména oponentů a názvy jejich organizací 21

9 Dedikace 21

10 PŘÍLOHA ODHAD GENETICKÝCH PARAMETRŮ 22

11 PŘÍLOHA GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY 23

11.1 Znak infekční nemoci paznehtů (INF) 23

11.1.1 Popis použitého souboru 23

11.1.2 Popis metody výpočtu 23

11.1.3 Odhady genomických plemenných hodnot 24

11.2 Znak Poruchy rohového pouzdra paznehtu (PRP) 26

11.2.1 Popis použitého souboru 26

11.2.2 Popis metody výpočtu 26

11.2.3 Odhady genomických plemenných hodnot 27

11.3 Znak nemoci paznehtů celkem (NPC) ... 28
11.3.1 Popis použitého souboru ... 28
11.3.2 Popis metody výpočtu ... 29
11.3.3 Odhady genomických plemenných hodnot ... 30
12 PŘÍLOHA ODHADY SPOLEHLIVOSTÍ GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT ... 32
12.1 Znak infekční nemoci paznehtů (INF) ... 32
12.2 Znak nemoci paznehtů celkem (PRP) ... 34
12.3 Znak nemoci paznehtů celkem (NPC) ... 36
13 PŘÍLOHA ROZDÍLY VE FENOTYPECH DCER BÝKŮ VYBRANÝCH PODLE EXTRÉMNÍCH GEPH PRO ZNAKY NEMOCÍ PAZNEHTŮ INF, PRP A NPC ... 39
14 PŘÍLOHA PARAMETRICKÉ SOUBORY pro BLUPF90 ... 41
14.1 Parametrické soubory pro jednoznakový model ... 41
14.1.1 Parametrický model pro RENUMF90 ... 41
14.1.2 Parametrický soubor pro BLUPF9IOD2 ... 44
14.1.3 Parametrický model pro ACCF90GS ... 47
14.2 Parametrické soubory pro víceznakový model ... 50
14.2.1 Znaky LINEÁRNÍHO POPISU použité pro víceznakový model ... 50
14.2.2 Parametrický soubor pro RENUMf90 ... 51
14.2.3 Parametrický soubor pro BLUPF9IOD2 ... 54
14.2.4 Parametrický model pro ACCF90GS ... 57
15 PŘÍLOHA DATABAZOVÉ SOUBORY ... 60
15.1 DATOVÝ SOUBOR PRO VÍCEZNAKOVÝ MODEL ... 60
15.2 DATOVÝ SOUBOR PRO JEDNOZNAKOVÝ MODEL ... 60
15.3 RODOKMENOVÝ SOUBOR ... 61
15.4 SOUBOR GENOMICKÝCH ÚDAJŮ ... 61
16 PŘÍLOHA Výstup programu BLUPF90IOD2 ... 62
17 PŘÍLOHA Výpis z Klíče diagnoz ... 68

1 CÍL METODIKY

Cílem předkládané metodiky je návrh postupu odhadu genomické plemenné hodnoty (GEPH) pro zvýšení odolnosti vůči nemocem paznehtů u holštýnského skotu, a to víceznakovým modelem s použitím informací o exteriéru, a při použití jednokrokové metody genomického odhadu.

2 VLASTNÍ POPIS METODIKY

2.1 METODA ODHADU

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

2.2 MODELOVÁ ROVNICE

Bude řešena soustava rovnic víceznakového lineárního animal modelu samostatně pro každý ze tří souhrnných znaků nemocí paznehtů. Každý z těchto souhrnných znaků je doplněn vybranými znaky lineárního popisu, s nimiž tvoří soustavu rovnic.

2.2.1 DEFINICE ZÁVISLÝCH PROMĚNNÝCH

Skupina nemocí a poruch paznehtu u skotu je poměrně početná, viz Příloha 14 Klíč nemocí. Lze ji ale rozdělit podle etiologie jednotlivých onemocnění do dvou základních skupin, a to na nemoci kůže prstu jako jsou dermatitidy a na poruchy a léze rohového pouzdra paznehtu, jejichž původ se spojuje více s metabolickým stavem zvířete.

V současnosti vycházíme z tvorby skupinových znaků, protože databáze informací o výskytu těchto nemocí a poruch v populaci holštýnského skotu v České republice je poměrně malá, omezená jak na počet dojnic a jejich laktací, tak je i na počet let sledování. Vytváříme podle etiologie nemoci dvě skupiny**: Infekční nemoci paznehtů (INF)** a **Poruchy rohového pouzdra paznehtu (PRP)**. A dále navrhujeme vytvořit jednu hromadnou skupinu **Nemoci a poruchy paznehtu celkem (NPC).**

2.2.1.1 **Infekční nemoci paznehtů (INF)**

2.2.1.1.1 Nemoci použité při odhadu plemenných hodnot pro INF

Infekční nemocí paznehtů je skupina nemocí paznehtu, které jsou zjednodušeno řečeno způsobeny infekcí kůže a dalších tkání patogeny a šíří se mezi zvířaty nákazou. Mezi tyto nemoci patří např. Nekrobacilóza meziprstí (N), Hniloba rohoviny patek (HP), Digitální dermatitida (DD) a Interdigitální / povrchová dermatitida (ID).

Proměnná INF je definovaná v hodnotách 0 nebo 1.

Znak nabývá hodnotu 1:

Diagnózy odpovídající infekčním nemocem paznehtů se vyskytly alespoň jednou v době ode dne otelení do 305. dne laktace.

Pro hodnotu 1 není dáno omezení na minimální délku laktace.

Znak nabývá hodnotu 0:

Diagnózy odpovídající infekčním nemocem paznehtů se nevyskytly do konce laktace, sledovaná laktace musí mít minimální délku 240 dnů, maximální doba sledování je do 305. dne.

Diagnózy **INF** v exportu z Deníku nemocí a léčení je definována kódy uvedenými v Tab. 1. a zahrnují tyto a všechny podřízené diagnózy.

Tab. 1. Diagnózy odpovídající infekčním nemocem paznehtů

Kód diagnózy	**Název**
1.10.07.07.	Nekrobacilóza meziprstí (N)
1.10.07.09.	Hniloba rohoviny patek (HP)
1.10.07.10.	Digitální dermatitida (DD)
1.10.07.11.	Interdigitální / povrchová dermatitida (ID)

2.2.1.1.2 Znaky exteriéru použité v kombinaci s infekčními nemocemi paznehtů:

Jsou definované podle pravidel používaných při odhadu plemenných hodnot.

Znaky v bodech:

- Úhel paznehtu
- Chodivost

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.

2.2.1.2 Poruchy rohového pouzdra paznehtu

2.2.1.2.1 Nemoci použité při odhadu plemenných hodnot pro PRP

Poruchy rohového pouzdra paznehtu je skupina nemocí paznehtu, které jsou způsobeny narušením rohového pouzdra. Také zde dochází k infekci, ale je spíše druhotná a zasaženy jsou měkké části paznehtu jako je paznehtní lůžko a další. Jako základní zástupce uvádíme Dvojité chodidlo (DCh), Trhlina rohoviny (Tr), Vřed paznehtu (V) a Nemoc bílé čáry (BČ). Pevnost a odolnost rohového pouzdra je dána i geneticky, proto se uvažuje o možnosti selekce.

Proměnná je definovaná v hodnotách 0 nebo 1.

Znak nabývá hodnotu 1:

Diagnózy odpovídající poruchám rohového pouzdra paznehtu se vyskytly alespoň jednou v době ode dne otelení do 305. dne laktace.

Pro hodnotu 1 není dáno omezení na minimální délku laktace.

Znak nabývá hodnotu 0:

Diagnózy odpovídající poruchám rohového pouzdra paznehtu se nevyskytly do konce laktace, sledovaná laktace musí mít minimální délku 240 dnů, maximální doba sledování je do 305. dne.

Diagnóza poruchy rohového pouzdra paznehtu v exportu z Deníku nemocí a léčení je definována kódy uvedenými v Tab. 2. a obsahuje tyto a všechny podřízené diagnózy.

Tab. 2. Diagnózy odpovídající poruše rohového pouzdra paznehtu

Kód diagnózy	**Název**
1.10.06.07.	Dvojité chodidlo (DCh)
1.10.06.15.	Trhlina rohoviny (Tr)
1.10.07.03.	Vřed paznehtu (V)
1.10.12.	Nemoc bílé čáry (BČ)

2.2.1.2.2 Znaky exteriéru použité v kombinaci s poruchami rohového pouzdra paznehtu:

Jsou definované podle pravidel používaných při odhadu plemenných hodnot.

Znaky v bodech:

- Postoj končetin z boku
- Úhel paznehtu
- Chodivost

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.

Znaky v %:

- Celkové hodnocení končetin

2.2.1.3 Nemoci a poruchy paznehtu celkem

Proměnná je definovaná v hodnotách 0 nebo 1.

2.2.1.3.1 Nemoci použité při odhadu plemenných hodnot pro NPC

Nemoci paznehtů celkem jsou definovány na základě **INF** a **PRP** a doplněny dalšími diagnózami, které nejsou zařaditelné do **INF** a **PRP**. Jde o laminitida, otoky a tylom.

Znak nabývá hodnotu 1:

diagnózy odpovídající nemocem a poruchám paznehtu celkem se vyskytly alespoň jednou v době ode dne otelení do 305. dne laktace.

Pro hodnotu 1 není dáno omezení na minimální délku laktace.

Znak nabývá hodnotu 0:

diagnózy odpovídající nemocem a poruchám paznehtu celkem se nevyskytly do konce laktace, sledovaná laktace musí mít minimální délku 240 dnů, maximální doba sledování je do 305. dne.

Diagnóza nemocí a poruch paznehtu celkem v exportu z Deníku nemocí a léčení je definována kódy uvedenými v Tab. 3.

Tab. 3. Diagnózy odpovídající nemocem a poruchám paznehtu celkem

Kód diagnózy	**Název**
1.10.06.06.	Laminární oddělování rohoviny stěny paznehtu od pod ní ležící škáry
1.10.06.07.	Dvojité chodidlo (DCh)
1.10.06.09.	Laminitida – Schvácení paznehtů – Difuzní aseptický zánět škáry (Pododermatitis nonpurulenta diffusa)
1.10.06.10.	Tylom (T)
1.10.06.15.	Trhlina rohoviny (Tr)
1.10.07.03.	Vřed paznehtu (V)
1.10.07.07.	Nekrobacilóza meziprstí (N)
1.10.07.08.	Otok korunky a/nebo patky (O)
1.10.07.09.	Hniloba rohoviny patek (HP)
1.10.07.10.	Digitální dermatitida (DD)
1.10.07.11.	Interdigitální / povrchová dermatitida (ID)
1.10.12.	Nemoc bílé čáry (BČ)

2.2.1.3.2 Znaky exteriéru použité v kombinaci s nemocemi a poruchami paznehtu celkem:

Jsou definované podle pravidel používaných při odhadu plemenných hodnot.

Znaky v bodech:

- Chodivost

<u>*Doporučení:*</u> 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.

Znaky v %:

- Celkové hodnocení končetin

2.2.2 DEFINICE PEVNÝCH EFEKTŮ V MODELU

2.2.2.1 **Souhrnné znaky nemocí paznehtů, INF, PRP, NPC**

a. Kombinovaný efekt stádo, rok a období otelení

Stádo se definuje podle chovatele a stáje, ve kterých se pravidelně zadávají do Deníku nemocí 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 se stanoví 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 před ukončením zadávání.

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:**

chodivost, úhel paznehtu, postavení končetin z boku, celkové hodnocení končetin

a. Kombinovaný efekt stádo, rok a období hodnocení

Stádo se definuje podle chovatele a stáje, ve kterém kráva získala lineární hodnocení.

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.

b. Pevný efekt bonitéra

Bonitér je kód bonitéra.

c. Kvadratické regrese
   i. Věk při 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 **Souhrnné znaky nemocí paznehtů**

a. Efekt permanentního prostředí krávy

Je dán počtem krav z datových souboru, u kterých jsou informace výskytu nemocí a poruch paznehtu

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

2.3.1 *Infekční nemoci paznehtů (INF)*

Tab. 4. Variance, heritability and koeficienty opakovatelnosti pro znaky zahrnuté do modelu

	Úhel paznehtu	**Chodivost**	**INF**
Aditivní variance	0,0825	0,1599	0,0076
Variance permanentního prostředí			0,0083
Residuální variance	0,8139	1,3000	0,0971
Celkem	0,8964	1,4599	0,1130
Koeficient dědivosti	0,09	0,11	0,07
Koeficient opakovatelnosti			0,14

Tab. 5. Genetické korelace mezi znaky zahrnutými do modelu

	Úhel paznehtu	**Chodivost**	**INF**
Úhel paznehtu		0,27	**0,23**
Chodivost	0,27		**-0,30**
INF	**0,23**	**-0,30**	

2.3.2 *Poruchy rohového pouzdra paznehtu (PRP)*

Tab. 6. Variance, heritability and koeficienty opakovatelnosti pro znaky zahrnuté do modelu

	Celkové hodnocení končetin v %	**Postoj končetin z boku**	**Úhel paznehtu**	**Chodivost**	**PRP**
Aditivní variance	0,9157	0,1463	0,0743	0,1007	0,0065
Variance permanentního prostředí					0,0066
Residuální variance	9,7820	1,0300	0,8170	1,5340	0,0664
Celkem	10,6977	1,1763	0,8913	1,6347	0,0794
Koeficient dědivosti	0,09	0,12	0,08	0,06	0,08
Koeficient opakovatelnosti					0,16

Tab. 7. Genetické korelace mezi znaky zahrnutými do modelu

	Celkové hodnocení končetin v %	Postoj končetin z boku	Úhel paznehtu	chodivost	PRP
Celkové hodnocení končetin v %		-0,42	0,58	0,93	-0,28
Postoj končetin z boku	-0,42		-0,70	-0,26	0,21
Úhel paznehtu	0,58	-0,70		0,28	-0,33
chodivost	0,93	-0,26	0,28		-0,22
PRP	**-0,28**	**0,21**	**-0,33**	**-0,22**	

2.3.3 NEMOCI A PORUCHY PAZNEHTU CELKEM (NPC)

Tab. 8. Variance, heritability and koeficienty opakovatelnosti pro znaky zahrnuté do modelu

	Celkové hodnocení končetin v %	Chodivost	NPC
Aditivní variance	0,0364	0,1265	0,0049
Variance permanentního prostředí			0,0126
Residuální variance	0,3921	1,4580	0,0962
Celkem	0,4285	1,5845	0,1138
Koeficient dědivosti	0,08	0,08	0,04
Koeficient opakovatelnosti			0,22

Tab. 9. Genetické korelace mezi znaky zahrnutými do modelu

	Celkové hodnocení končetin v %	Chodivost	NPC
Celkové hodnocení končetin v %		0,83	**-0,27**
Chodivost	0,83		**-0,42**
NPC	**-0,27**	**-0,42**	

2.4 VARIANČNĚ-KOVARIANČNÍ MATICE

2.4.1 INFEKČNÍ NEMOCI PAZNEHTŮ (INF)

Tab. 10. Reziduální variančně-kovarianční matice

	Úhel paznehtu	**Chodivost**	**INF**
Úhel paznehtu	0,81390	0,17440	-0,00728
Chodivost	0,17440	1,30000	-0,01269
INF	-0,00728	-0,01269	0,09705

Tab. 11. Variančně-kovarianční matice permanentního prostředí

	Úhel paznehtu	**Chodivost**	**INF**
Úhel paznehtu	0	0	0
Chodivost	0	0	0
INF	0	0	0,00833

Tab. 12. Aditivní variančně-kovarianční matice

	Úhel paznehtu	**Chodivost**	**INF**
Úhel paznehtu	0,08253	0,03073	0,00571
Chodivost	0,03073	0,15990	-0,01041
INF	0,00571	-0,01041	0,00758

2.4.2 PORUCHY ROHOVÉHO POUZDRA PAZNEHTU (PRP)

Tab. 13. Reziduální variančně-kovarianční matice

	Celkové hodnocení končetin v %	**Postoj končetin z boku**	**Úhel paznehtu**	**Chodivost**	**PRP**
Celkové hodnocení končetin v %	9,78200	-0,89760	1,63400	2,64100	-0,06603
Postoj končetin z boku	-0,89760	1,03000	-0,26610	-0,09702	0,00831
Úhel paznehtu	1,63400	-0,26610	0,81700	0,26250	-0,00760
Chodivost	2,64100	-0,09702	0,26250	1,53400	-0,02345
PRP	-0,06603	0,00831	-0,00760	-0,02345	0,06636

Tab. 14. Variančně-kovarianční matice permanentního prostředí

Celkové hodnocení končetin v %	0	0	0	0	0
Postoj končetin z boku	0	0	0	0	0
Úhel paznehtu	0	0	0	0	0
Chodivost	0	0	0	0	0
PRP	0	0	0	0	0,006565

Tab. 15.	Aditivní variančně-kovarianční matice				
Celkové hodnocení končetin v %	0,91570	-0,15410	0,15010	0,28120	-0,02166
Postoj končetin z boku	-0,15410	0,14630	-0,07310	-0,03134	0,00660
Úhel paznehtu	0,15010	-0,07310	0,07430	0,02454	-0,00723
chodivost	0,28120	-0,03134	0,02454	0,10070	-0,00573
PRP	-0,02166	0,00660	-0,00723	-0,00573	0,00648

2.4.3 NEMOCI A PORUCHY PAZNEHTU CELKEM (NPC)

Tab. 16. Reziduální variančně-kovarianční matice

	Celkové hodnocení končetin v %	**Chodivost**	**NPC**
Celkové hodnocení končetin v %	0,39210	0,43100	-0,00761
Chodivost	0,43100	1,45800	-0,01175
NPC	-0,00761	-0,01175	0,09625

Tab. 17. Variančně-kovarianční matice permanentního prostředí

	Celkové hodnocení končetin v %	**Chodivost**	**NPC**
Celkové hodnocení končetin v %	0	0	0
Chodivost	0	0	0
NPC	0	0	0,01262

Tab. 18. Aditivní variančně-kovarianční matice

	Celkové hodnocení končetin v %	**Chodivost**	**NPC**
Celkové hodnocení končetin v %	0,03642	0,05621	-0,00368
Chodivost	0,05621	0,12650	-0,01036
NPC	-0,00368	-0,01036	0,00491

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 spolehlivostí	PREGSF90 – výpočet diagonální matice Gdiag
	ACCF90GS – výpočet genomických spolehlivostí

Parametrické soubory jsou v přílohách.

2.7 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

2.7.1 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 INF je znak (trait) 3, 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	1	0.07451430
2	10	1	-0.06728157
3	10	1	0.02418098
1	10	2	0.00642788
2	10	2	-0.12943768
3	10	2	0.02287628

Výstupem pro NRP je znak (trait) 5, 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	44624	-0.13282902
2	10	44624	0.19845112
3	10	44624	-0.00963736
4	10	44624	-0.06064939
5	10	44624	-0.00657972
1	10	44625	-0.23012512
2	10	44625	0.22628398
3	10	44625	-0.16161603
4	10	44625	-0.05962534
5	10	44625	-0.02405370

Výstupem pro NRP je znak (trait) 3, aditivní efekt (effect) 10, označení přečíslovaného jedince (level) a vlastní odhad (solution), což v daném případě je odhad plemenné hodnoty.

1	10	43168	0.21731017
2	10	43168	-0.05776062
3	10	43168	-0.00091014
1	10	43169	0.09926854
2	10	43169	-0.10790989
3	10	43169	0.03580858

2.7.2 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 INF je znak (trait) 3, aditivní efekt (effect) 10, označení přečíslovaného jedince (level) a spolehlivost (rel), což v daném případě je odhad spolehlivosti plemenné hodnoty. Odhad solution 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	parent-avg				
1	10	1	0.07451430	0.3291	0.07667554	1	43347	53820	0.2772
2	10	1	-0.06728157	0.3436	-0.07152429	1	43347	53820	0.2838
3	10	1	0.02418098	0.2240	0.02719472	1	43347	53820	0.1304
1	10	2	0.00642788	0.3521	-0.06715664	1	44068	61351	0.2771
2	10	2	-0.12943769	0.3699	-0.14895950	1	44068	61351	0.2834
3	10	2	0.02287628	0.2083	0.01699467	1	44068	61351	0.2152
1	10	3	0.11347143	0.4387	0.06154216	1	41118	7907	0.2494
2	10	3	0.08041261	0.4672	0.10484821	1	41118	7907	0.2628
3	10	3	0.08376902	0.2560	0.04162242	1	41118	7907	0.1705

Výstupem pro INF je znak (trait) 5, aditivní efekt (effect) 10, označení přečíslovaného jedince (level) a spolehlivost (rel), což v daném případě je odhad spolehlivosti plemenné hodnoty. Odhad solution 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 parent-avg

```
  1  10        1         0.51454419  0.3381         0.51104926  1     29362     34320  0.2049
  2  10        1         0.09920583  0.4140         0.08543450  1     29362     34320  0.2268
  3  10        1         0.17023771  0.3619         0.19235768  1     29362     34320  0.2085
  4  10        1         0.14095561  0.3270         0.13109091  1     29362     34320  0.2006
  5  10        1         0.00035047  0.1613        -0.02138319  1     29362     34320  0.1147
  1  10        2         0.15285265  0.4436        -0.11742491  1     25402      9867  0.2556
  2  10        2        -0.26526961  0.5097        -0.10098451  1     25402      9867  0.2862
  3  10        2         0.14136255  0.4584         0.00473884  1     25402      9867  0.2611
  4  10        2         0.03337832  0.4325        -0.02372802  1     25402      9867  0.2500
  5  10        2         0.02518519  0.2294         0.02525990  1     25402      9867  0.1639
```

Výstupem pro NPC je znak (trait) 3, aditivní efekt (effect) 10, označení přečíslovaného jedince (level) a spolehlivost (rel), což v daném případě je odhad spolehlivosti plemenné hodnoty. Odhad solution 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 parent-avg

```
  1  10        1        -0.06904154  0.3448        -0.07083248  1     60055     70718  0.2859
  2  10        1        -0.04796136  0.3497        -0.05363228  1     60055     70718  0.2852
  3  10        1         0.03551662  0.2403         0.03810563  1     60055     70718  0.1190
  1  10        2        -0.09512302  0.3701        -0.25309649  1     60776     80283  0.2906
  2  10        2        -0.20722784  0.3746        -0.34712856  1     60776     80283  0.2903
```

2.7.3 *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 záznamů (records)
8) počet potomků jako otec
9) počet potomků jako matka
10) původní číslo zvířete tj. registrační číslo

```
61790 28857 72873 2010 0 2 0 0 2 840003130708889
40 29693 40772 2014 0 2 1 0 0 203000525222921
```

2.7.4 *SOUBOR GENOMICKÝCH JEDINCŮ*

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

Příklad:

`32618 203000904766053` Býk narozený v roce 2021, genomický.

Spolehlivost

```
1  10 32618      0.58164042  0.4033  0.31002349  1 29883  7760  0.2202
2  10 32618     -0.00955696  0.4578  0.03572198  1 29883  7760  0.2483
3  10 32618      0.07678277  0.4148  0.04666922  1 29883  7760  0.2254
4  10 32618      0.17137571  0.3937  0.08836904  1 29883  7760  0.2152
5  10 32618     -0.06502335  0.2135 -0.05771138  1 29883  7760  0.1084
```

Odhad plemenných hodnot

```
1  10      32618          0.5816404
2  10      32618         -0.00955696
3  10      32618          0.07678277
4  10      32618          0.17137571
5  10      32618         -0.06502335

Rodokmen
32618 29883 7760 2084 0 12 0 0 0 203000904766053
```

3 SROVNÁNÍ „NOVOSTI POSTUPŮ“

Přímá selekce na výskyt nemocí paznehtů má vést ke snížení výskytu nemocí paznehtů u dojnic zvýšením jejich odolnosti vůči těmto nemocem. Pro přímé šlechtění na zdravotní stav dojeného skotu je odhad plemenné hodnoty pro výskyt nemocí paznehtů zásadní. Na zdraví paznehtu se doposud šlechtí u holštýnského skotu nepřímo přes znaky SIH jako je dlouhověkost, exteriér či mléčná užitkovost.

K řešení dané problematiky přímé selekce jsme přistoupili tak, že selekce bude prováděna na tři skupinové znaky, a to kombinací jednotlivých nemocí do tří skupin: Infekční nemoci paznehtů (INF). Poruchy rohového pouzdra paznehtu (PRP) a Nemoci a poruchy paznehtu celkem (NPC). Toto dělení je odůvodnitelné jednak etiologicky a jednak z důvodu zvýšení počtu pozorování u jednotlivých znaků. U INF se šlechtěním snažíme dosáhnout vyšší odolnosti vůči infekci, zatímco u PRP se selektuje na zvýšení kvality rohového pouzdra paznehtu. NPC pak se snaží postihnout selekcí celkový dobrý zdravotní stav paznehtu, jak kůže, tak škáry.

V předkládané metodice se využívají kromě informací o výskytu nemocí paznehtů i informace o vybraných znacích exteriéru. U holštýnského skotu v České republice se doposud šlechtí na zdravotní stav paznehtů nepřímo pomocí plemenných hodnot pro dlouhověkost a pro exteriérové znaky, znaky lineárního popisu končetin. 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, onemocnění paznehtu. 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 a významně jeho vývoj podpoří.

4 POPIS UPLATNĚNÍ CERTIFIKOVANÉ METODIKY

Svaz chovatelů holštýnského skotu ČR, a.s. Holstein CZ je uznaným chovatelským sdružením a nositelem jedné společné Plemenné knihy holštýnského skotu (PK) 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 nemocí paznahtů 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

Aguilar, I. – Misztal, I. – Johnson, D. L. – Legarra, A. – Tsuruta, S. – Lawlor, T. J. (2010): Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. Journal of Dairy Science, roč. 93(2), s. 743–752.

Bell, N. J., – Bell, M. J. – Knowles, T. G. – Whay, H. R. – Main, D. J. – Webster, A. J. F. (2009): The development – implementation and testing of a lameness control programme based on HACCP principles and designed for heifers on dairy farms. Veterinary Journal, roč. 180(2), s. 178–188.

Bicalho, R. C. – Machado, V. S. – Caixeta, L. S. (2009): Lameness in dairy cattle: A debilitating disease or a disease of debilitated cattle? A cross-sectional study of lameness prevalence and thickness of the digital cushion. Journal of Dairy Science, roč. 92(7), s. 3175–3184.

Chapinal, N. – Koeck, A. – Sewalem, A. – Kelton, D.F. – Mason, S. – Cramer, G. – Miglior, F. (2013): Genetic parameters for hoof lesions and their relationship with feet and leg traits in Canadian Holstein cows. Journal of Dairy Science, roč. 96(4), s. 2596 – 2604.

Christensen, O. F. – Lund, M. S. (2010): Genomic prediction when some animals are not genotyped. Genetics Selection Evolution, roč. 42(2), s.1-8

De Vries, A. – Marcones, M. (2020): Review: Overview of factors affecting productive lifespan of dairy cows. Animal, roč. 14(S1), s. 155-164.

Green, L. E. – Huxley, J. N. – Banks, C. – Green, M. J. (2014): Temporal associations between low body condition, lameness and milk yield in a UK dairy herd. Preventive Veterinary Medicine, roč.113(1), s. 63–71.

Greenough, P.R. (2007): Bovine laminitis and lameness. 1st ed. Elsevier Limited Philadelphia PA USA; 328 s.

Gernand, E. - Rehbein, P. - von Borstel, U.U. - König, S. 2012. Incidences of and genetic parameters for mastitis, claw disorders, and common health traits recorded in dairy cattle contract herds. Journal of Dairy Science, roč. 95, s. 2144–2156.

Gernand, E. – Dohne, D.A. – Koenig, S. (2016): Genetic background of claw disorders in the course of lactation and their relationships with type traits. Journal of Animal Breeding and Genetics, roč. 130(6), s. 435–444.

Koenig, S – Sharifi A.R – Wentrot, H. – Landmann, D. – Eise, M.– Simianer, H. (2005): Genetic parameters of claw and foot disorders estimated with logistic models. Journal of Dairy Science, roč. 88(9), s. 3316–3325.

Laursen, M. V. – Boelling, D. – Mark,T. (2009): Genetic parameters for claw and leg health, foot and leg conformation, and locomotion in Danish Holsteins. Journal of Dairy Science, roč. 92(4), s. 1770–1777.

Misztal, I. – Tsuruta, S. – Lourenco, D.A.L. – Masuda, Y. – Aguilar, I. – a kol. (2018): Manual for BLUPF90 family programs. University of Georgia. Available at: http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation

Murray, R.D. – Downham, D.Y. – Clarkson, M.J. – Faull, W.B. – Hughes, J.W. – Manson, F.J. – Merritt, J.B. – Russell, W.B. – Sutherst , J.E. – Ward, W.R. (1996): Epidemiology of lameness in dairy cattle: description and analysis of foot lesions. Veterinary Record, roč. 138(24), s. 586-591.

Ødegård, C. – Svendsen, M. – Heringstad, B. (2014): Genetic correlations between claw health and feet and leg conformation in Norwegian Red cows. Journal of Dairy Science, roč. 97(7), s. 4522–4529.

Oltenacu, P.A. – Broom, D.M. (2010): The impact of genetic selection for increased milk yield on the welfare of dairy cows. Animal Welfare, roč. 19(1), s. 39-49.

Onyiro, O. M. – Andrews, L. J. – Brotherstone, S. (2008): Genetic parameters for digital dermatitis and correlations with locomotion , production , fertility traits , and longevity in Holstein-Friesian dairy cows. Journal of Dairy Science, roč. 91(10), s. 4037–4046.

Perez-Cabal, M. A. – Charfeddine, N. (2015): Models for genetic evaluations of claw health traits in Spanish dairy cattle. Journal of Dairy Science, roč. 98(11): 8186–8194.

Rauw, W. – Kanis, E. – Noordhuizen-Stassen, E. – Grommers, F. (1998): Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: a review. Livestock Production Science, roč. 56(1), s. 15–33.

SAS (2016): Release 9.4 (TS1M1) of the SAS® System for Microsoft® Windows®. SAS Institute – Inc. – Cary – USA.

Solano, L. – Barkema, H.W. – Pajor, E.A. – Mason, S. – LeBlanc, S.J. – Orsel, K. (2016): Prevalence and distribution of foot lesions in dairy cattle in Alberta – Canada. Journal of Dairy Science, roč. 99(8), s. 6828–6841.

Šlosárková, S. – Staněk, S. – Pechová, A. – Fleischer, P. (2016): Monitoring onemocnění skotu v České republice. Veterinářství, roč. 66(11), 859-865.

Uggla, E. - Jakobsen, J. H. - Bergsten, C. - Eriksson, J.-Å. – Strandberg, E. 2008. Genetic correlation between claw health and feet and leg conformation traits in Swedish dairy cows. Interbull Bulletin, roč. 38, s. 91–95.

Van Dorp, T. E. – Boettcher, P. – Schaeffer, L. R. (2004): Genetics of locomotion. Livestock Production Science, roč. 90(2-3), s. 247–253.

van der Linde, C. – de Jong, G. – Koenen, E. P. C. – Eding, H. (2010): Claw health index for Dutch dairy cattle based on claw trimming and conformation data. Journal of Dairy Science, roč. 93(10), s. 4883–4891.

van der Waaij, E.H. – Holzhauer, M. – Ellen, E. – Kamphuis, C. – de Jong, G. (2005): Genetic parameters for claw disorders in Dutch dairy cattle and correlations with conformation traits. Journal of Dairy Science, roč. 88(10), s. 3672–3678.

Weber, A. – Stamer, E. – Junge, W. – Thaller, G. (2013): Genetic parameters for lameness and claw and leg diseases in dairy cows. Journal of Dairy Science, roč. 96(5), s. 3310–3318.

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 UHŘÍNĚVSI 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.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana. Definice kombinovaných znaků nemocí a poruch paznehtů pro odhad plemenných hodnot u holštýnského skotu. VÝZKUMNÝ ÚSTAV ŽIVOČIŠNÉ VÝROBY, v.v.i. V UHŘÍNĚVSI. Česká republika. Certifikovaná metodika 978-80-7403-234-9. 2020-09-30.

7.2 VĚDECKÉ PUBLIKACE

KRPÁLKOVÁ, Lenka, CABRERA, Victor E., ZAVADILOVÁ, Ludmila a ŠTÍPKOVÁ, Miloslava. The importance of hoof health in dairy production. Czech Journal of Animal Science, 2019, 64, 107-117. 1212-1819.

KRUPOVÁ, Zuzana, ZAVADILOVÁ, Ludmila, WOLFOVÁ, Marie, KRUPA, Emil, KAŠNÁ, Eva a FLEISCHER, Petr. Udder and Claw-Related Health Traits in Selection of Czech Holstein Cows. Annals of Animal Science , 2019, 19, 647-661. 2300-8733

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, KRUPOVÁ, Zuzana a KLÍMOVÁ, Anita. Health traits in current dairy cattle breeding: A review. Czech Journal of Animal Science, 2021, 66, 235-250.

7.3 PŘÍSPĚVKY NA KONFERENCÍCH

FLEISCHER, Petr, KAŠNÁ, Eva, ŠLOSÁRKOVÁ, Soňa, ZAVADILOVÁ, Ludmila, STANĚK, Stanislav a LIPOVSKÝ, David., 2018 Two years of the national collection of health disorders in Czech dairy cows. In Hungarian Veterinary Journal (Magyar Állatorvosok Lapja) 2018. 140 (Supplement I). Eger, Hungary: Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft., s. 274-275.

KRPÁLKOVÁ, Lenka, MURPHY, Aidan, ZAVADILOVÁ, Ludmila, O¨MAHONY, Niall, CARVALHO, Anderson, CAMPBELL, Sean a WALSH, Joseph., 2019 Detection, prevention and impact of lameness in dairy cattle management. In ISER - ACN International Conference. Singapore: World Research Society, s. 26-30. 978-93-89732-29-0

KRUPOVÁ, Zuzana, KRUPA, Emil, WOLFOVÁ, Marie, PŘIBYL, Josef a ZAVADILOVÁ, Ludmila., 2018 Selection for claw health and feed efficiency in the Czech Holstein. In Book of Abstracts of the 69th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, s. 440.

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

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana., 2019 Genomic breeding values for claw diseases/disorders in Czech Holstein cows. In ASD 2019 – Book of Abstracts. : , s. n..

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana. Genomic breeding values for claw diseases/disorders in Czech Holstein cows. Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis, 2019, 67, 1245-1251. 1211-8516.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana., 2020 Genetic relationship between foot and claw health traits and lameness in Czech Holstein cattle. In Book of Abstracts of the 71st Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Wageningen: Wageningen Academic, s. 535.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KRUPA, Emil, KAŠNÁ, Eva, FLEISCHER, Petr a ŠTÍPKOVÁ, Miloslava., 2018 Analysis of foot and claw diseases/disorders in Czech Holstein cows. In 26th Animal Science Days 2018. Nitra: Slovak University of Agriculture, s. n.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, FLEISCHER, Petr, ŠTÍPKOVÁ, Miloslava a VOSTRÝ, Luboš., 2018 Relationship between foot and claw health traits and conformation traits in Czech Holstein cattle. In Book of Abstracts of the 69th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, s. 534.

7.4 ODBORNÉ ČLÁNKY

FLEISCHER, Petr, PECHOVÁ, Alena, ŠLOSÁRKOVÁ, Soňa, KAŠNÁ, Eva, ZAVADILOVÁ, Ludmila a KUČERA, Josef. Nemoci paznehtů krav holštýnského a českého strakatého skotu. Náš chov, 2020, roč. 80(11), s. 12-16. 0027-8068.

KRUPOVÁ, Zuzana, ZAVADILOVÁ, Ludmila, KRUPA, Emil, KAŠNÁ, Eva a MOTYČKA, Jiří. Index zdraví - selekce na zdraví vemene a paznehtů. Náš chov, 2020, roč. 80(8), s. 22-23.

ZAVADILOVÁ, Ludmila., 2019 Plemenné hodnoty pro klinické mastitidy a nemoci paznehtů u dojeného skotu. In Genomika a šlechtění na zdravotní znaky u dojeného skotu. Praha: Česká technologická platforma pro zemědělství, s. 9-14.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva, FLEISCHER, Petr, KRUPA, Emil, ŠTÍPKOVÁ, Miloslava a KREJČOVÁ, Michaela. Vztah chorob paznehtů k exteriéru u holštýnského skotu. Chovatelské listy, 2018, roč. 2018(1), s. 22-26. .

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 a KLÍMOVÁ, Anita., 2021 Spolehlivost genomických plemenných hodnot pro znaky zdraví u holštýnských dojnic. In Aktuální směry ve šlechtění hospodářských zvířat. Praha Uhříněves: Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i., s. 29-38.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana., 2020 Plemenné hodnoty pro souhrnné znaky nemocí paznehtů a pro kulhání. In Generace za generací: šlechtění v našich chovech. Sborník ze semináře u příležitosti 90. narození prof. Václava Jakubce, DrSc.. Praha Uhříněves: Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i., s. 72-78. 978-80-7403-236-3

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana. Jak přistupovat ke šlechtění na odolnost dojnic vůči nemocem paznehtů? Chovatelské listy, 2021, roč. 2021(1), s. 9-12. .

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana. Využití genomické selekce při šlechtění holštýnských dojnic na odolnost vůči nemocem paznehtů. Černostrakaté novinky, 2021, roč. 2021(1), s. 10-11.

ZAVADILOVÁ, Ludmila, KAŠNÁ, Eva a KRUPOVÁ, Zuzana. Jak dál ve šlechtění na zdravotní znaky dojeného skotu v ČR?. Náš chov, 2021, roč. 81(10), s. 16-19.

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, KRUPOVÁ, Zuzana, KUČERA, J., FLEISCHER, P. a ŠLOSÁRKOVÁ, Soňa. Kulhání krav v genomické selekci holštýnského skotu. Chovatelské listy, 2022, roč. 2022(1), s. 22-25.

8 JMÉNA OPONENTŮ A NÁZVY JEJICH ORGANIZACÍ

Ing. Zdenka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha

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

9 DEDIKACE

Metodika vznikla s podporou Národní agentury pro zemědělský výzkum Ministerstva zemědělství ČR, projektu QK1810253.

10 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.

Pro znaky nemocí paznehtů INF, PRP a NPC:

$y_{ijko} = \mu + PLvek_i + HYS_j + pe_k + a_o + e_{ijko}$,
y_{ijko} - vybraný znak byl definován jako výskyt onemocnění 0/1 (0 laktace bez výskytu nemoci, 1 laktace s výskytem nemoci) za laktaci od otelení do 305 dnů, laktace bez nemoci musela mít délku nejméně 240 dnů. Přední či zadní končetina nebyla brána do úvahy.
μ - *průměr;*
$PLvek_i$ - pořadí laktace kombinované s věkem při otelení (14,15,15 hladin);
HYS_j – pevný efekt stáda (336;202;562 hladin, 32;16;47 stád, roky 2017-2020);
pe_k je náhodný efekt trvalého prostředí jedince (16 305; 7 573; 24 040 krav),
odpovídající více laktacím krávy *k*;
a_o – náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 45 884; 22 329; 66 424 jedinců;
e_{ijko} je náhodný reziduální efekt.

Pro znaky lineárního popisu byl použit lineární animal model s modelovou rovnicí:
$y_{ijklm} = \mu + HD_i + K_j + a_o + \beta_1 age_m + \beta_2 age_m + \beta_1 s_n + \beta_2 s_n + e_{ijkmno}$,
y_{ijklm} – upravené skóre pro znak lineárního popisu u prvotelky:

- INF Úhel paznehtu, Chodivost
- PRP Celkové hodnocení končetin v %, Postoj končetin z boku, Úhel paznehtu, Chodivost
- NPC Celkové hodnocení končetin v %, Chodivost

μ - *průměr;* HD_i – pevný kombinovaný efekt stáda a roku a období hodnocení (332;203;564 hladin); K_j – pevný efekt bonitéra (7,8,8 hladin); $\beta_1$age, $\beta_2$age – pevná lineární a kvadratická regrese na věk zvířete ve dnech při hodnocení; 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 45 884; 22 329; 66 424 jedinců; e_{ijkmno} 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. 4; Tab. 6; Tab. 8. Variance a koeficienty dědivosti, případně opakovatelnosti pro znaky zahrnuté do modelu. Koeficienty dědivosti jednotlivých znaků odpovídají publikovaným hodnotám. Nejvyšší dědivost vykázaly znaky lineárního popisu končetin např. postoj končetin z boku a nejnižší pak nemoci paznehtů. Genetické korelace mezi znaky zahrnutými do modelu jsou uvedeny v Tab. 5; Tab. 7; Tab. 9. Opět odpovídají hodnotám v literatuře. Znaky lineárního popisu vemene vybrané do modelu jsou mírně korelované znaky se všemi skupinovými znaky nemocí paznehtů. Nejsilněší genetická korelace se projevila mezi chodivostí a NPC -0,42. Rozdíly mezi genetickými korelaci pro analyzované znaky nemocí paznehtů např. mezi úhlem paznehtu a INP -0,33 a PRP 0,20 ukazují nutnost použít jinou sadu znaků lineárního popisu i jiný odhad parametrů modelu, protože vybrané znaky nemocí paznehtů se od sebe liší i genetickým založením.

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.

11 PŘÍLOHA GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY

11.1 ZNAK INFEKČNÍ NEMOCI PAZNEHTŮ (INF)

11.1.1 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 INF bylo použito 40 859 holštýnských krav (od H75 výše), které dosáhly 71 219 laktací s laktační incidencí INF 13.30 %. Otelily se v letech 2017 až 2021. INF byla sledována po celou laktaci, která musela trvat min. 240 dní u laktací, kde se INF 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 úhel paznehtu a chodivost.

Tab. 19. Statistické hodnoty skóre vyhodnocených znaků lineárního popisu

Znak	Počet pozorování	Průměr	SD	Medián	Modus	Min - popis	Max - popis
Úhel paznehtu	35 321	5.25	1.03	5	5	1	9
Chodivost	33 611	4.70	1.33	5	4	1	9

	Úhel paznehtu	**Chodivost**
Třídy podle bodů		
1-2	164	1 386
3	1 242	3 461
4	5 709	11 380
5	14 820	9 418
6	9 684	4 659
7	3 174	2 181
8-9	528	1 126

11.1.2 POPIS METODY VÝPOČTU

Pro znaky nemocí paznehtů INF:

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

y_{ijko} – znak INF byl definován jako výskyt onemocnění 0/1 (0 laktace bez výskytu nemoci, 1 laktace s výskytem nemoci) za laktaci od otelení do 305 dnů, laktace bez nemoci musela mít délku nejméně 240 dnů. Přední či zadní končetina nebyla brána do úvahy.

μ - *průměr;*

$PLvek_i$ - pořadí laktace kombinované s věkem při otelení (15 hladin);

HYS_j – pevný efekt stáda (548 hladin, 46 stád, roky 2017-2020);

pe_k je náhodný efekt trvalého prostředí jedince (40 859 krav),
odpovídající více laktacím krávy *k*;

a_o – náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 102 862 jedinců;

e_{ijko} je náhodný reziduální efekt.

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

$y_{ijklm} = \mu + HD_i + K_j + a_o + \beta_1 age_m + \beta_2 age_m + \beta_1 s_n + \beta_2 s_n + e_{ijkmno}$,
y_{ijklm} – upravené skóre pro znak lineárního popisu u prvotelky: chodivost a úhel paznehtů; počty pozorování a rozdělení hladin viz Tab. 19; μ - *průměr;* HD_i – pevný kombinovaný efekt stáda a roku a období hodnocení (1209 hladin); K_j – pevný efekt bonitéra (9 hladin); $\beta_1$age, $\beta_2$age – pevná lineární a kvadratická regrese na věk zvířete ve dnech při hodnocení; 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 102 862 jedinců; e_{ijkmno} 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.

Rodokmen byl složen z 102 862 jedinců, kde z toho 8 241 býků a 94 621 krav. Genotypovaných krav bylo 7 542 a genotypovaných býků 5 417. Počet generací v rodokmenu byl 3. Všechna genotypovaná zvířata měla oba dva rodiče.

Plemenné zastoupení bylo následující: Datový soubor tvořilo 68 446 krav plemene H100 a další do celkového počtu 71 219 krav byly kříženky s dojnými plemeny min. V rodokmenu bylo zastoupeno. H100 82 427 krav a jalovic, H100 6 572 a R100 600 býků. Mezi genotypovanými zvířaty bylo H100 7474 a R100 11 krav a jalovic; býků H100 4 386, X100 543 a R100 460.

11.1.3 ODHADY GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT

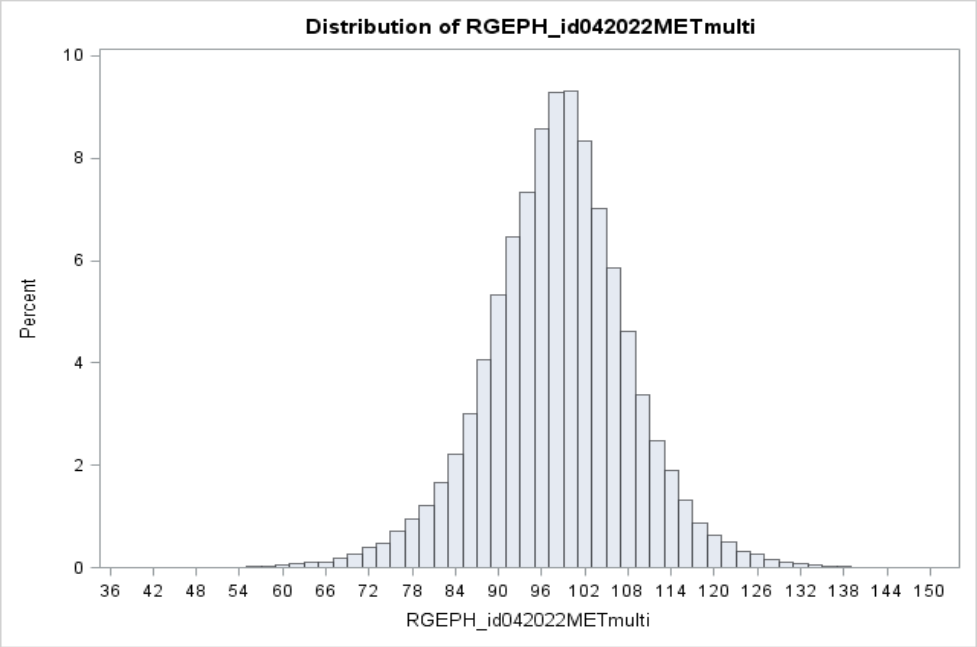
Průměry odhadů genomických plemenných hodnot pro vybrané skupiny zvířat jsou uvedeny v Tab. 20 včetně percentilů. Čím vyšší hodnota GEPH, tím vyšší výskyt INF. Rozložení četnosti pro genomické plemenné hodnoty zvířat bez rodičů je uvedeno v Grafu 1. Průměr genotypovaných býků je nižší než průměr krav, který je naopak vyšší než průměr celkem. To je v souladu i s genetickými trendy na Grafu 2, kde trend pro krávy je pod trendem pro býky. Podle GEPH lze rozlišit zvířata s různým genetickým základem pro výskyt INF.

Tab. 20. Průměrné genomické plemenné hodnoty pro INF

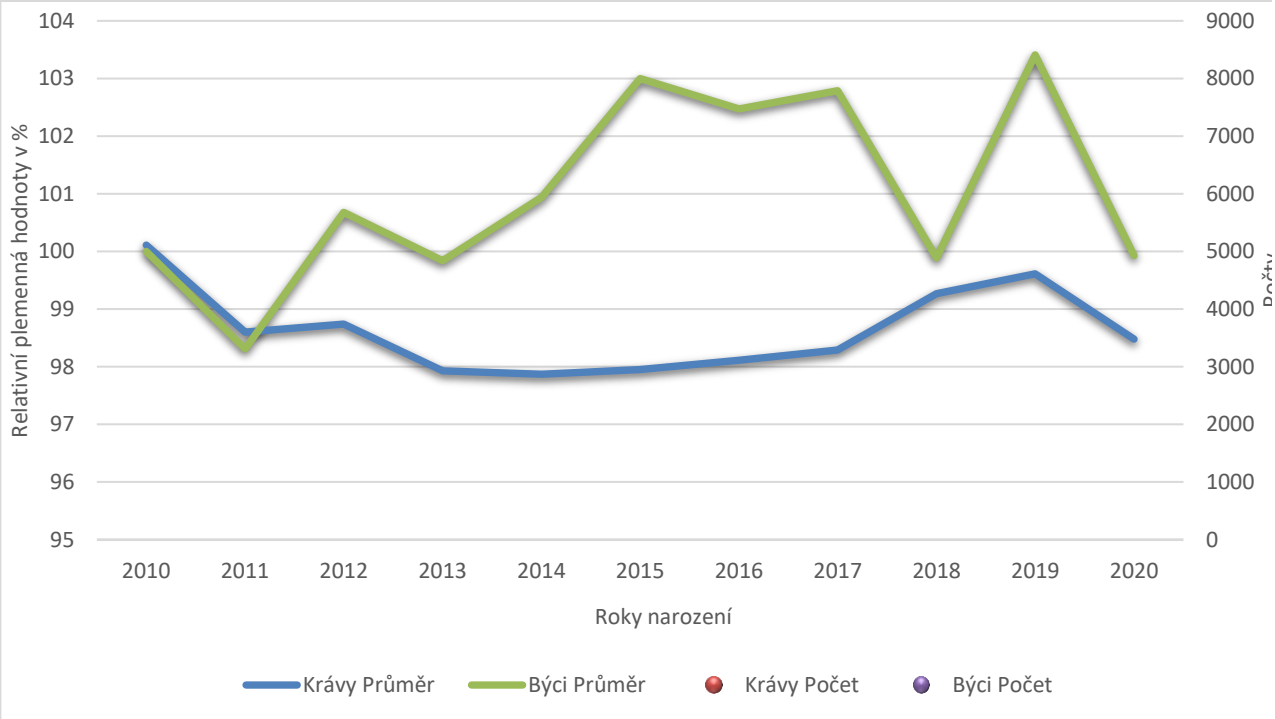
Skupina	Počet	Průměr	Směrodatná odchylka	Minimum	PR 10	PR 25	PR 75	PR 90	Maximum
Celkem	102 862	0,0033	0,034	-0,192	-0,036	-0,014	0,021	0,045	0,228
Jedinci s rodiči	87 617	0,0039	0,037	-0,192	-0,040	-0,018	0,026	0,048	0,228
Býci	8 241	-0,0020	0,041	-0,176	-0,053	-0,024	0,021	0,048	0,228
Krávy	94 621	0,0037	0,033	-0,192	-0,035	-0,014	0,021	0,044	0,199
Genotypovaní	5 417	-0,0022	0,047	-0,176	-0,061	-0,033	0,029	0,057	0,228
Genotypované	7 542	-0,0042	0,052	-0,192	-0,070	-0,040	0,030	0,063	0,199
Krávy s	40 859	0,0047	0,041	-0,192	-0,044	-0,021	0,029	0,056	0,199
Genotypované krávy s fenotypy	5 856	-0,0036	0,054	-0,192	-0,072	-0,040	0,031	0,066	0,199

PR – percentil

Graf 1. Rozložení četnosti pro Relativní genomické plemenné hodnoty zvířat s rodiči pro INF



Graf 2. Genetické trendy na základě genomických plemenných hodnot pro INF



11.2 ZNAK PORUCHY ROHOVÉHO POUZDRA PAZNEHTU (PRP)

11.2.1 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 PRP bylo použito 25 143 holštýnských krav (od H75 výše), které dosáhly 44 265 laktací s laktační incidencí PRP 12.52 %. Otelily se v letech 2017 až 2021. PRP byla sledována po celou laktaci, která musela trvat min. 240 dní u laktací, kde se PRP 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 21 868 krav, a to pro celkové hodnocení končetin, postoj končetin z boku, úhel paznehtu a 20 625 pro chodivost.

Tab. 21. Tab Statistické hodnoty skóre vyhodnocených znaků lineárního popisu

Znak	Počet pozorování	Průměr	SD	Medián	Modus	Min - popis	Max - popis
Celkové hodnocení končetin v %	21 868	80,84	3,335	81	82	50	88
Postoj končetin z boku	21 868	4,72	1,138	5	5	1	9
Úhel paznehtu	21 868	5,26	1,013	5	5	1	9
Chodivost	20 625	4,80	1,361	5	4	1	9

	Úhel paznehtu	**Chodivost**	**Postoj končetin z boku**		**Celkové hodnocení končetin v %**
Třídy podle bodů				Třídy Podle bodů	
1-2	91	815	454	50-69	209
3	696	1 877	2 480	70-75	1 180
4	3 425	6 584	6 289	76-80	78 040
5	9 408	5 897	7 364	81-85	12 777
6	6 002	3 119	4 233	>85	662
7	1 928	1 508	876		
8-9	318	825	172		

11.2.2 POPIS METODY VÝPOČTU

Pro znaky nemocí paznehtů PRP:

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

y_{ijko} – znak PRP byl definován jako výskyt onemocnění 0/1 (0 laktace bez výskytu nemoci, 1 laktace s výskytem nemoci) za laktaci od otelení do 305 dnů, laktace bez nemoci musela mít délku nejméně 240 dnů. Přední či zadní končetina nebyla brána do úvahy.

μ - *průměr;*

$PLvek_i$ - pořadí laktace kombinované s věkem při otelení (15 hladin);

HYS_j – pevný efekt stáda (382 hladin, 30 stád, roky 2017-2020);
pe_k je náhodný efekt trvalého prostředí jedince (25 143 krav),
odpovídající více laktacím krávy *k*;
a_o – náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 72 921jedinců;
e_{ijko} je náhodný reziduální efekt.

Pro znaky lineárního popisu byl použit lineární animal model s modelovou rovnicí:
$y_{ijklm} = \mu + HD_i + K_j + a_o + \beta_1 age_m + \beta_2 age_m + \beta_1 s_n + \beta_2 s_n + e_{ijkmno}$,
y_{ijklm} – upravené skóre pro znak lineárního popisu u prvotelky: chodivost a úhel paznehtů; počty pozorování a rozdělení hladin viz Tab. 21; μ - *průměr;* HD_i – pevný kombinovaný efekt stáda a roku a období hodnocení (809 hladin); K_j – pevný efekt bonitéra (9 hladin); $\beta_1$age, $\beta_2$age – pevná lineární a kvadratická regrese na věk zvířete ve dnech při hodnocení; 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 72 921 jedinců; e_{ijkmno} 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.

Rodokmen byl složen z 72 921 jedinců, kde z toho 8 241 býků a 94 621 krav. Genotypovaných krav bylo 7 542 a genotypovaných býků 5 417. Počet generací v rodokmenu byl 3. Všechna genotypovaná zvířata měla oba dva rodiče.

Plemenné zastoupení bylo následující: Datový soubor tvořilo 24 393 krav plemene H100 a další do celkového počtu 25 143 krav byly kříženky s dojnými plemeny min 75H. V rodokmenu bylo zastoupeno. H100 57 776 krav a jalovic, H100 6 366 a R100 594 býků. Mezi genotypovanými zvířaty bylo H100 7474 a R100 11 krav a jalovic; býků H100 4 386, X100 543 a R100 460.

11.2.3 Odhady genomických plemenných hodnot

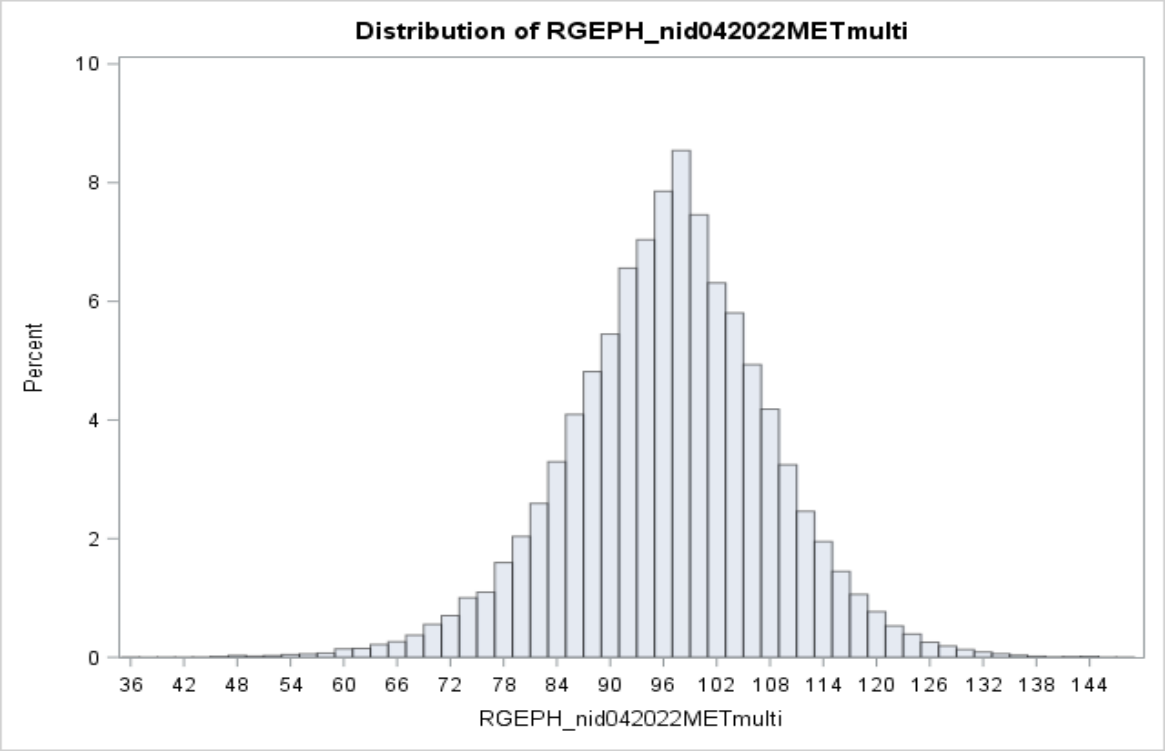
Průměry odhadů genomických plemenných hodnot pro vybrané skupiny zvířat jsou uvedeny v Tab. 22 včetně percentilů. Čím vyšší hodnota GEPH, tím vyšší výskyt PRP. Rozložení četnosti pro genomické plemenné hodnoty zvířat bez rodičů je uvedeno na Grafu 3. Průměry GEPH pod 0 byla nalezena u genotypovaných krav i krav s genotypy, zatímco průměr GEPH genotypovaných býků a průměr GEPH krav byl vyšší než 0. Genetické trendy, viz Graf 4, pro krávy i pro býky stoupají.

Tab. 22. Průměrné genomické plemenné hodnoty pro PRP

Skupina	Počet	Průměr	Směrodatná odchylka	Minimum	PR 10	PR 25	PR 75	PR 90	Maximum
Celkem	72 921	0,0033	0,036	-0,171	-0,040	-0,016	0,022	0,048	0,208
Jedinci s rodiči	61 847	0,0038	0,039	-0,171	-0,043	-0,021	0,027	0,052	0,208
Býci	7 875	0,0027	0,043	-0,162	-0,053	-0,024	0,028	0,057	0,178
Krávy	65 046	0,0034	0,035	-0,171	-0,038	-0,015	0,022	0,047	0,208
Genotypovaní býci	5 417	0,0011	0,048	-0,162	-0,061	-0,034	0,034	0,062	0,178
Genotypované krávy	7 542	-0,0189	0,041	-0,171	-0,068	-0,045	0,006	0,032	0,175
Krávy s fenotypy	25 143	-0,0037	0,042	-0,171	-0,052	-0,031	0,020	0,050	0,208
Genotypované krávy s fenotypy	5 439	-0,0191	0,042	-0,171	-0,070	-0,046	0,006	0,032	0,175

PR – percentil

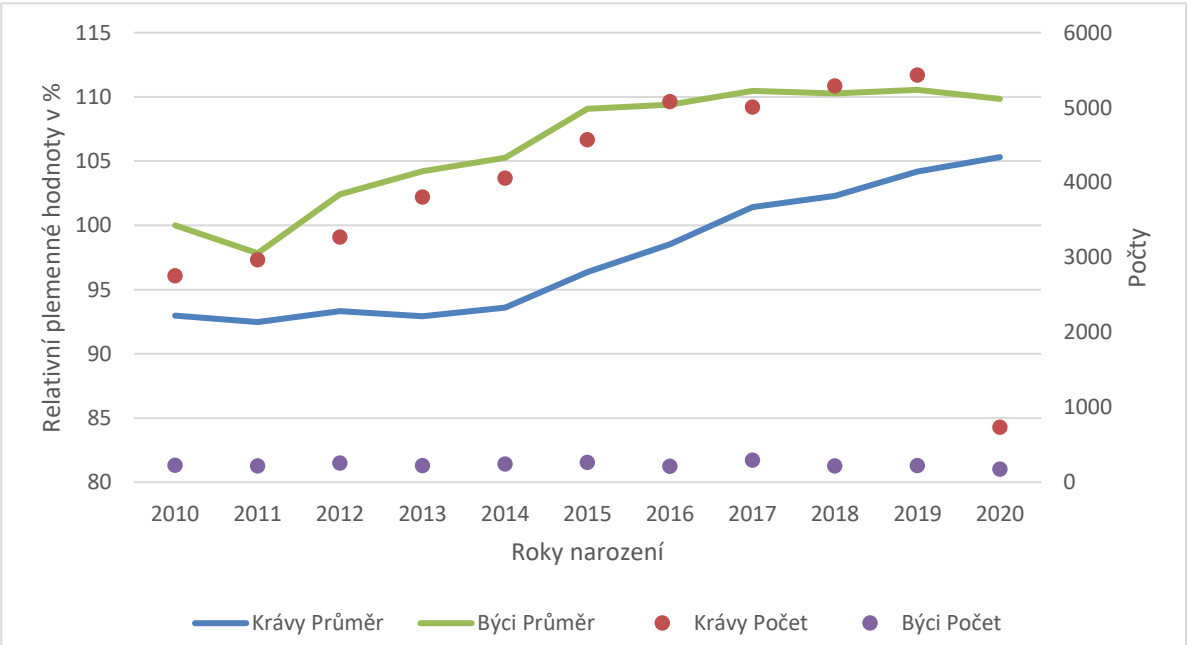
Graf 3 Rozložení četnosti pro relativní genomické plemenné hodnoty PRP zvířat s rodiči



11.3 Znak nemoci paznehtů celkem (NPC)

11.3.1 Popis použitého souboru

Graf 4 Genetické trendy na základě genomických plemenných hodnot pro PRP



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 NPC bylo použito 57 567 holštýnských krav (od H75 výše), které dosáhly 100 903 laktací s laktační incidencí NPC 17,00 %. Otelily se v letech 2017 až 2021. NPC byla sledována po celou laktaci, která musela trvat min. 240 dní u laktací, kde se NPC 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 47 394 krav, a to pro celkové hodnocení končetin v %, a 44 985 krav chodivost.

Tab. 23. Statistické hodnoty skóre vyhodnocených znaků lineárního popisu

Znak	Počet pozorování	Průměr	SD	Medián	Modus	Min - popis	Max - popis
Celkové hodnocení končetin v %	47 394	80,67	3,31	81	82	50	88
Chodivost	44 985	4,73	1,37	5	4	1	9

	Celkové hodnocení končetin v %		**Chodivost**
Třídy		Třídy podle bodů	
50-69	442	1-2	1 959
70-75	2 740	3	4 626
76-80	16 122	4	14 739
81-85	26 873	5	12 521
>85	1 217	6	6 276
		7	3 085
		8-9	1 779

11.3.2 POPIS METODY VÝPOČTU

Pro znaky nemocí paznehtů NPC:

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

y_{ijko} – znak NPC byl definován jako výskyt onemocnění 0/1 (0 laktace bez výskytu nemoci, 1 laktace s výskytem nemoci) za laktaci od otelení do 305 dnů, laktace bez nemoci musela mít délku nejméně 240 dnů. Přední či zadní končetina nebyla brána do úvahy.

μ - *průměr;*

$PLvek_i$ - pořadí laktace kombinované s věkem při otelení (15 hladin);

HYS_j – pevný efekt stáda (784 hladin, 64 stád, roky 2017-2020);

pe_k je náhodný efekt trvalého prostředí jedince (57 567 krav),

odpovídající více laktacím krávy *k*;

a_o – náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 130 354 jedinců;

e_{ijko} je náhodný reziduální efekt.

57 567

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

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

y_{ijklm} – upravené skóre pro znak lineárního popisu u prvotelky: chodivost a úhel paznehtů; počty pozorování a rozdělení hladin viz Tab. 9; μ - *průměr;* HD_i – pevný kombinovaný efekt stáda a roku a období hodnocení (1 622 hladin); K_j – pevný efekt bonitéra (9 hladin); $\beta_1$age, $\beta_2$age – pevná lineární

a kvadratická regrese na věk zvířete ve dnech při hodnocení; $\beta_1 s$, $\beta_2 s$ – pevná lineární a kvadratická regrese na počet dnů laktace (DIM) při hodnocení; a_l – náhodný aditivní efekt jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 130 354 jedinců; e_{ijkmno} 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.

Rodokmen byl složen z 130 354 jedinců, kde z toho 8 544 býků a 121 810 krav. Genotypovaných krav bylo 7 542 a genotypovaných býků 5 417. Počet generací v rodokmenu byl 3. Všechna genotypovaná zvířata měla oba dva rodiče.

Plemenné zastoupení bylo následující: Datový soubor tvořilo 54 940 krav plemene H100 a další do celkového počtu 57 567 krav byly kříženky s dojnými plemeny min. V rodokmenu bylo zastoupeno. H100 104 948 krav a jalovic, H100 6 757 a R100 612 býků. Mezi genotypovanými zvířaty bylo H100 7474 a R100 11 krav a jalovic; býků H100 4 386, X100 543 a R100 460.

11.3.3 ODHADY GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT

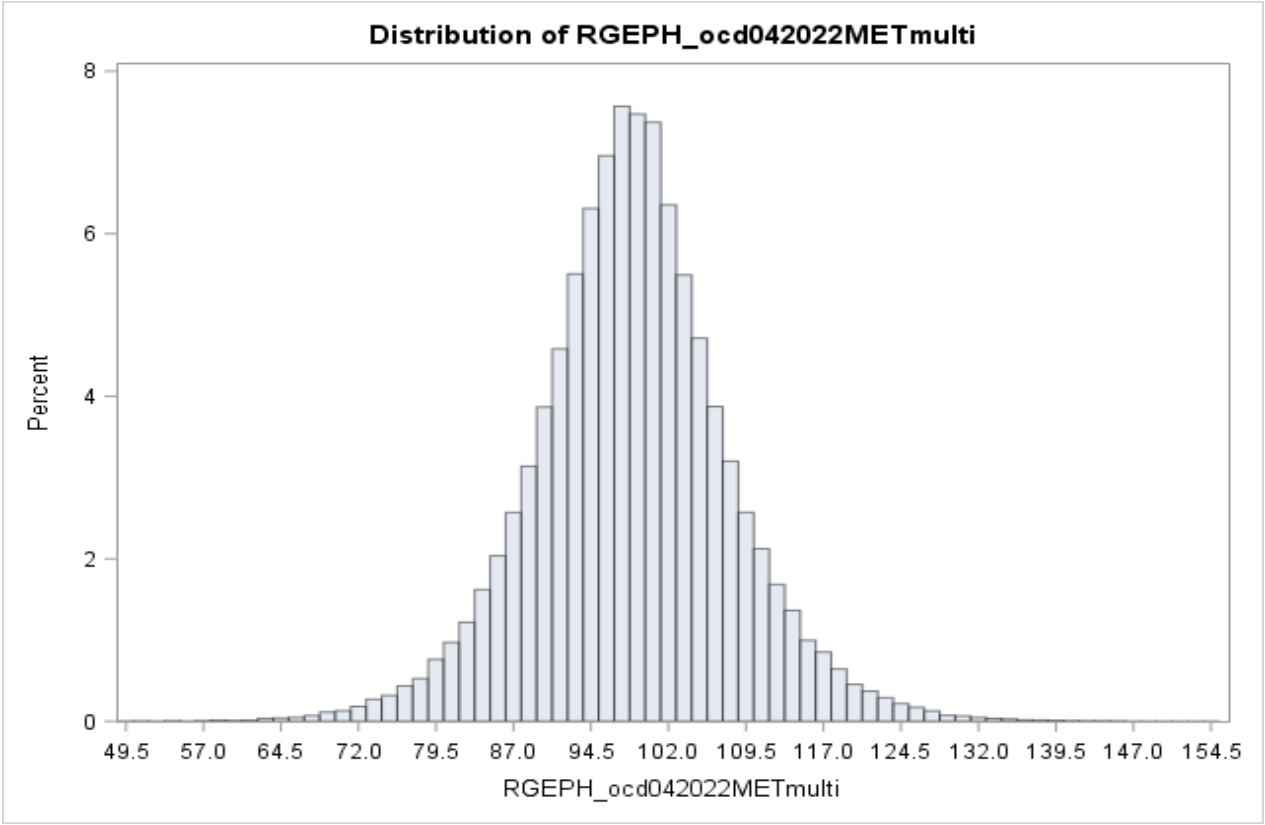
Průměry odhadů genomických plemenných hodnot pro vybrané skupiny zvířat jsou uvedeny v Tab. 24 včetně percentilů. Čím vyšší hodnota GEPH, tím vyšší výskyt NPC. Rozložení četnosti pro genomické plemenné hodnoty zvířat bez rodičů je uvedeno na Grafu 5. Průměr genotypovaných krav je nižší než průměr býků i celkově krav. Průměr GEPH pro býky je nižší než pro krávy. Genotypovaní býci pak vykazovali nižší průměr než býci celkem. Genetické trendy na Grafu 6 stoupaly pro krávy i pro býky.

Tab. 24. Průměrné genomické plemenné hodnoty pro PRP

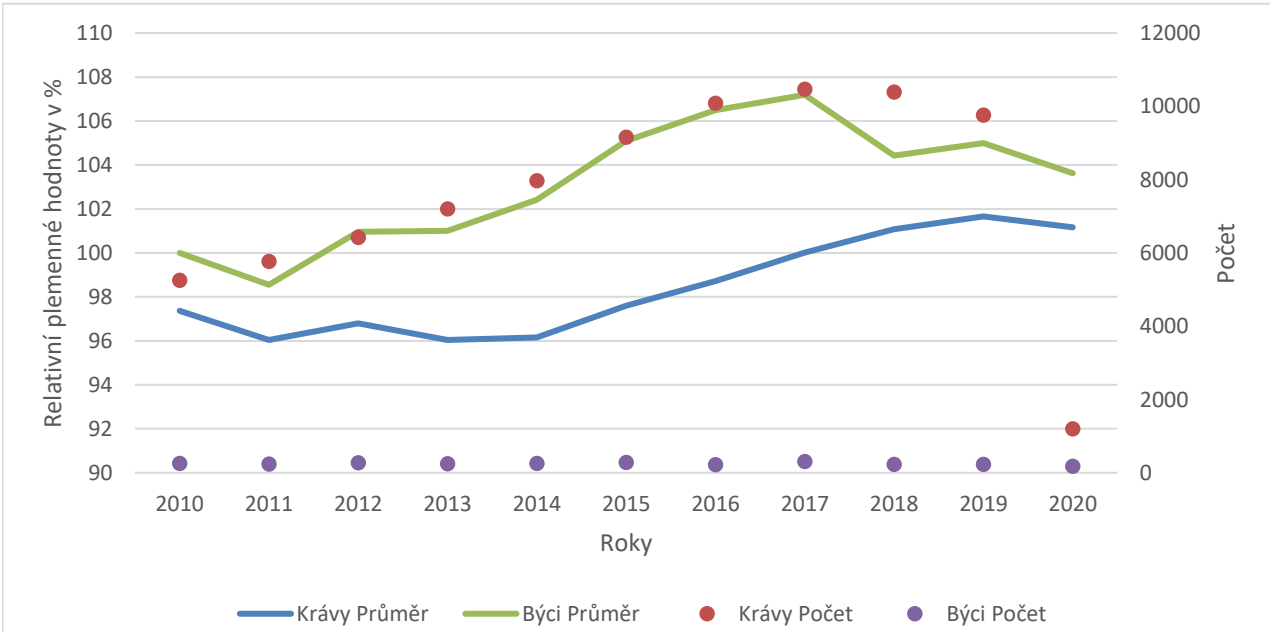
Skupina	Počet	Průměr	Směrodatná odchylka	Minimum	PR 10	PR 25	PR 75	PR 90	Maximum
Celkem	130 354	0,0037	0,028	-0,174	-0,030	-0,010	0,019	0,038	0,162
Jedinci s rodiči	112 433	0,0043	0,030	-0,174	-0,033	-0,013	0,022	0,041	0,162
Býci	8 544	0,0018	0,035	-0,159	-0,042	-0,016	0,021	0,044	0,161
Krávy	121 810	0,0039	0,028	-0,174	-0,029	-0,010	0,019	0,038	0,162
Genotypovaní býci	5 417	0,0012	0,040	-0,159	-0,050	-0,025	0,028	0,050	0,149
Genotypované krávy	7 542	-0,0081	0,044	-0,174	-0,064	-0,038	0,021	0,050	0,162
Krávy s fenotypy	57 567	0,0019	0,034	-0,174	-0,040	-0,019	0,023	0,044	0,162
Genotypované krávy s fenotypy	7 354	-0,0083	0,044	-0,174	-0,064	-0,038	0,021	0,050	0,162

PR – percentil

Graf 5 Rozložení četnosti pro Relativní genomické plemenné hodnoty zvířat s rodiči



Graf 6 Genetické trendy NPC na základě genomických plemenných hodnot



12 PŘÍLOHA ODHADY SPOLEHLIVOSTÍ GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT

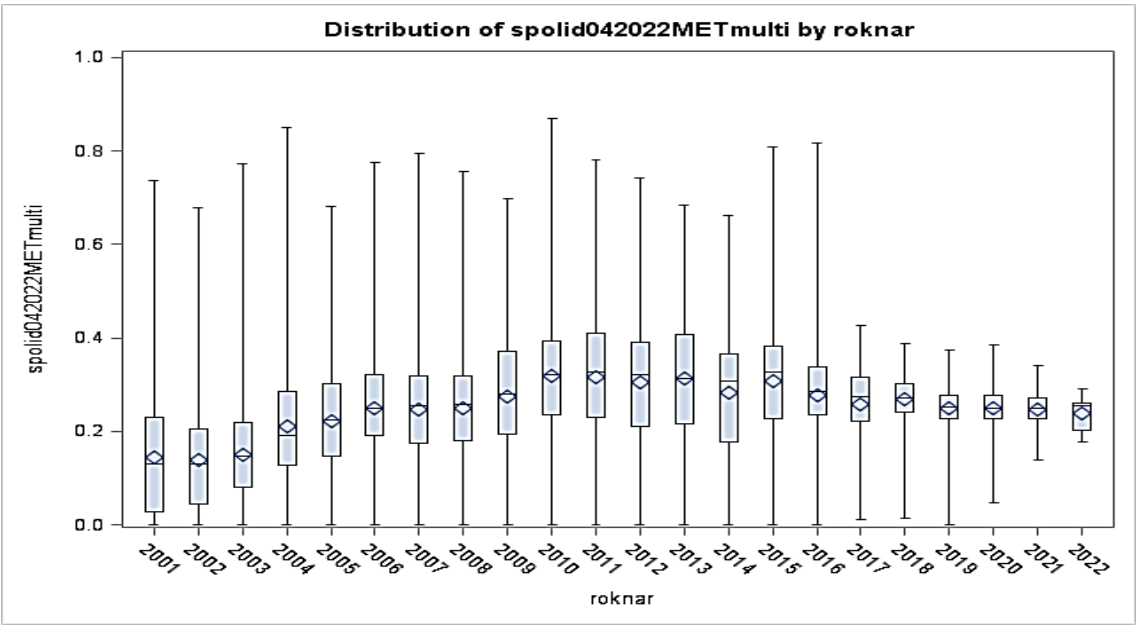
12.1 ZNAK INFEKČNÍ NEMOCI PAZNEHTŮ (INF)

Spolehlivosti GEPH pro INF vypočtené víceznakovým modelem jsou uvedeny v Tab. 25. Průměr za všechny zvířata je 0,14 a nejvyšší hodnoty byly zjištěny v průměru u genotypovaných krav. Nejvyšší spolehlivosti byly zjištěny u býků. Průměrné spolehlivosti plemenných hodnot u býků i krav stoupaly s rokem narození (viz Grafy 7 a 8). U genotypovaných krav s fenotypy (viz Graf 9) se průměry spolehlivosti nelišily podle roku narození. Na Grafu 10 je ukázáno, že v průměru mají genomičtí býci vyšší průměrnou spolehlivost než negenotypovaní. Graf 11 ukazuje vyšší průměr spolehlivosti u krav se sledovaným fenotypem. Celkem bylo nalezeno 1 988 býků se spolehlivostí nad 0,20, viz Tab. 30. Relativní GEPH je vyjádřena tak, že hodnoty nad 100 znamenají genetické založení pro nižší výskyt INF.

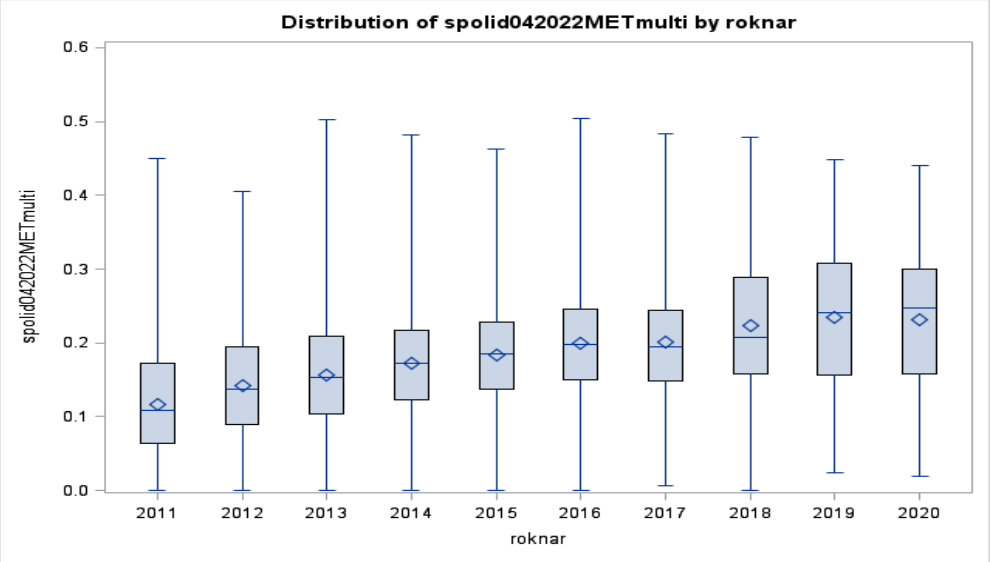
Tab. 25. Průměrné spolehlivosti genomické plemenné hodnoty pro INF

Skupina	Počet	Průměr	Směrodatná odchylka	Minimum	PR 10	PR 25	PR 75	PR 90	Maximum
Celkem	102 862	0,14	0,106	0,00	0,00	0,05	0,22	0,28	0,87
Jedinci s rodiči	87 617	0,17	0,096	0,00	0,04	0,09	0,23	0,29	0,87
Býci	8 241	0,19	0,143	0,00	0,00	0,07	0,29	0,37	0,87
Krávy	94 621	0,14	0,101	0,00	0,00	0,05	0,21	0,27	0,51
Genotypovaní býci	5 417	0,26	0,119	0,00	0,12	0,18	0,32	0,40	0,87
Genotypované krávy	7 542	0,32	0,048	0,10	0,26	0,29	0,35	0,38	0,51
Krávy s fenotypy	40 859	0,21	0,074	0,01	0,12	0,15	0,26	0,31	0,51
Genotypované krávy s fenotypy	5 856	0,32	0,046	0,15	0,27	0,29	0,35	0,38	0,51

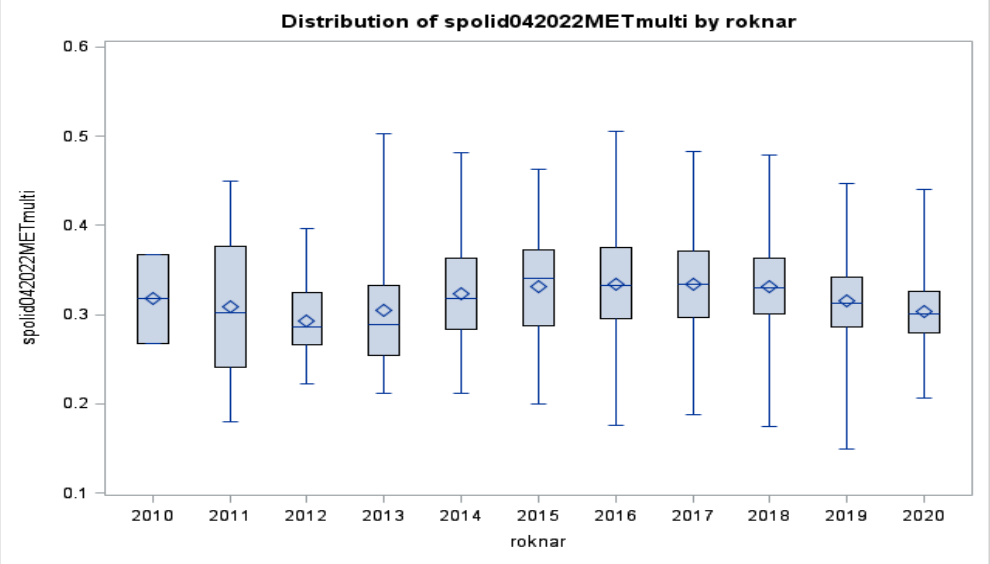
Graf 7 Průměrné spolehlivosti GEPH INF býků podle roku narození



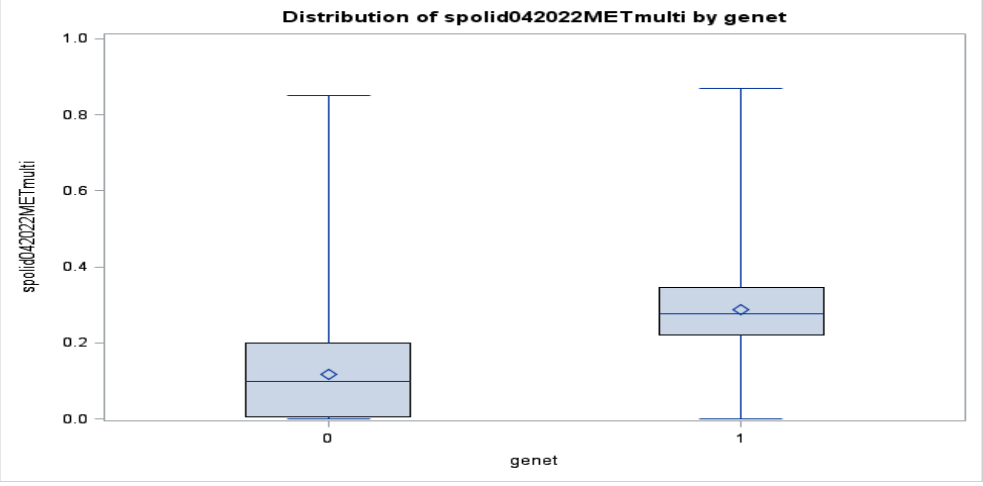
Graf 8 Průměrné spolehlivosti GEPH INF krav podle roku narození



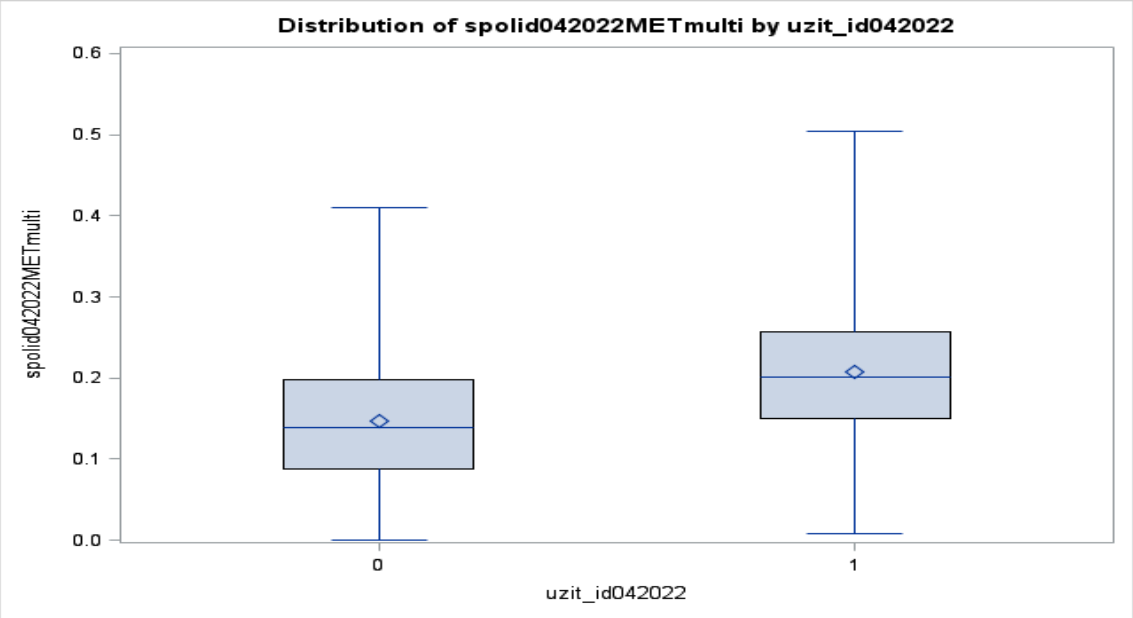
Graf 9 Průměrné spolehlivosti GEPH INF genotypovaných krav s fenotypy podle roku narození



Graf 10 Průměrné spolehlivosti GEPH INF býků genotypovaných a negenotypovaných narozených od roku 2010



Graf 11 Průměrné spolehlivosti GEPH INF krav s užitkovosti a bez užitkovosti narozených od roku 2010



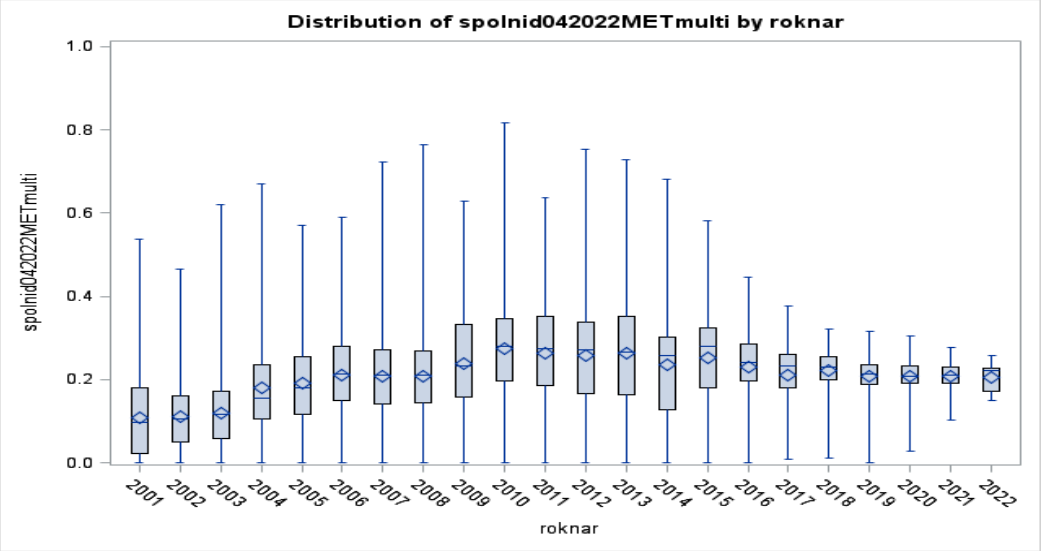
12.2 ZNAK NEMOCI PAZNEHTŮ CELKEM (PRP)

Spolehlivosti GEPH pro PRP vypočtené víceznakovým modelem jsou uvedeny v Tab. 26. Průměr za všechny zvířata je 0,12 a nejvyšší hodnoty byly zjištěny v průměru u genotypovaných krav. Nejvyšší spolehlivosti byly zjištěny u býků. Průměrné spolehlivosti plemenných hodnot u býků i krav stoupaly s rokem narození (viz Grafy 12 a 13). U genotypovaných krav s fenotypy (viz Graf 14) se průměry spolehlivosti nelišily podle roku narození. Na Grafu 15 je ukázáno, že v průměru mají genomičtí býci vyšší průměrnou spolehlivost než negenotypovaní. Graf 16 ukazuje vyšší průměr spolehlivosti u krav se sledovaným fenotypem. Celkem bylo nalezeno 1 743 býků se spolehlivostí nad 0,20, viz Tab. 31. Relativní GEPH je vyjádřena tak, že hodnoty nad 100 znamenají genetické založení pro nižší výskyt PRP.

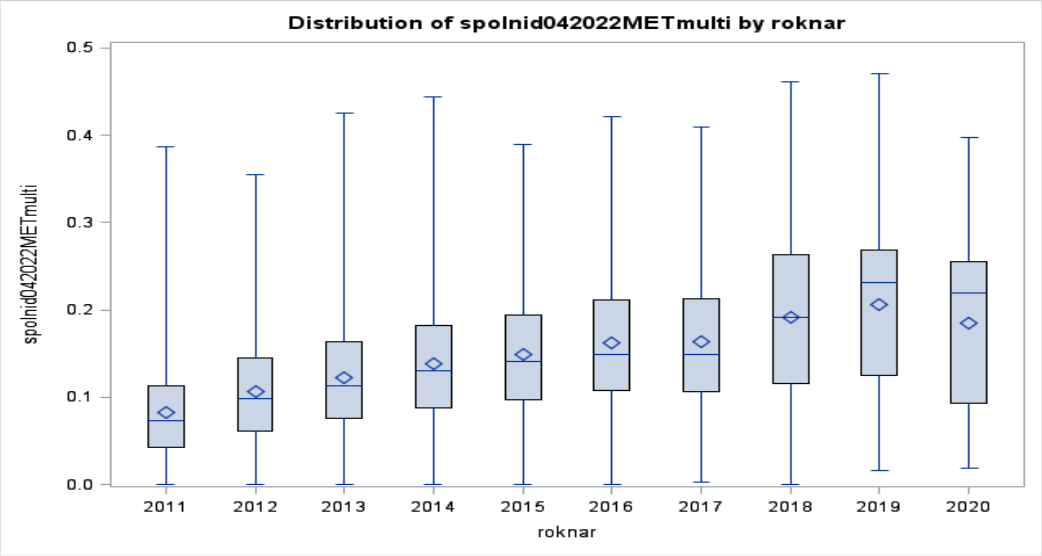
Tab. 26. Průměrné Spolehlivosti genomické plemenné hodnoty pro PRP

Skupina	Počet	Průměr	Směrodatná odchylka	Minimum	PR 10	PR 25	PR 75	PR 90	Maximum
Celkem	72 921	0,12	0,097	0,00	0,00	0,03	0,18	0,26	0,82
Jedinci s rodiči	61 847	0,13	0,092	0,00	0,02	0,06	0,20	0,26	0,82
Býci	7 875	0,16	0,121	0,00	0,00	0,05	0,24	0,31	0,82
Krávy	65 046	0,11	0,092	0,00	0,00	0,03	0,17	0,25	0,47
Genotypovaní býci	5 417	0,21	0,105	0,00	0,08	0,14	0,27	0,34	0,82
Genotypované krávy	7 542	0,26	0,044	0,06	0,21	0,24	0,29	0,32	0,47
Krávy s fenotypy	25 143	0,17	0,077	0,01	0,08	0,11	0,24	0,28	0,47
Genotypované krávy s fenotypy	5 439	0,27	0,042	0,12	0,22	0,24	0,29	0,32	0,47

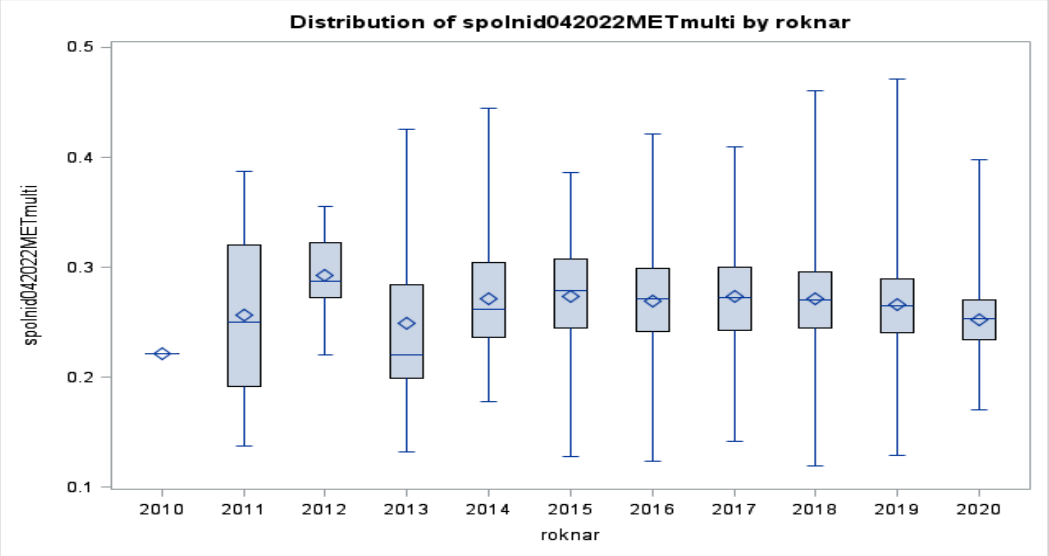
Graf 12 Průměrné spolehlivosti GEPH PRP býků podle roku narození



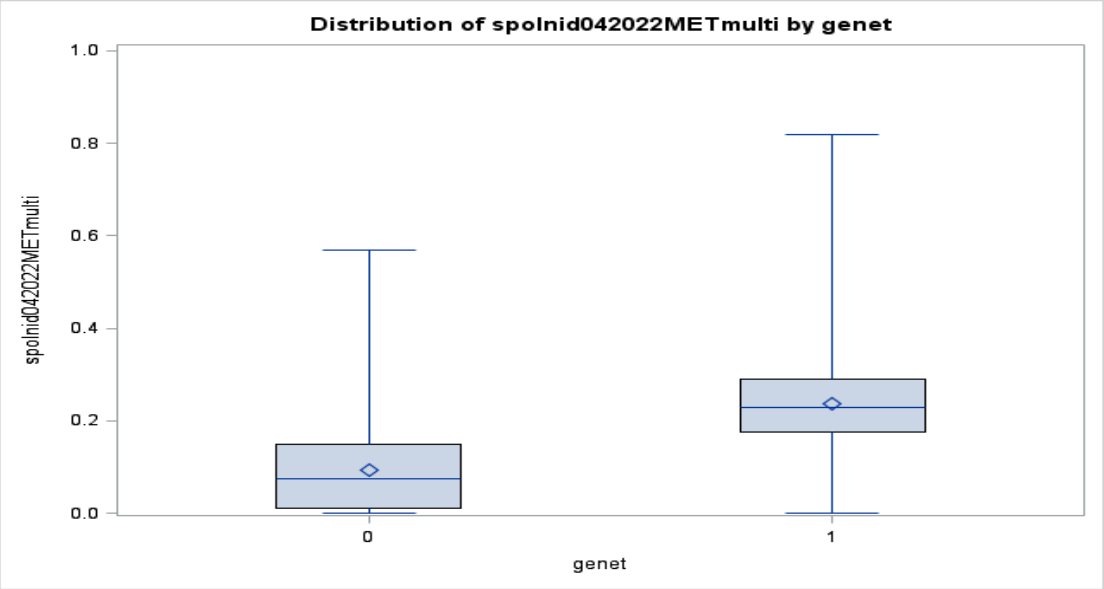
Graf 13 Průměrné spolehlivosti GEPH PRP krav podle roku narození



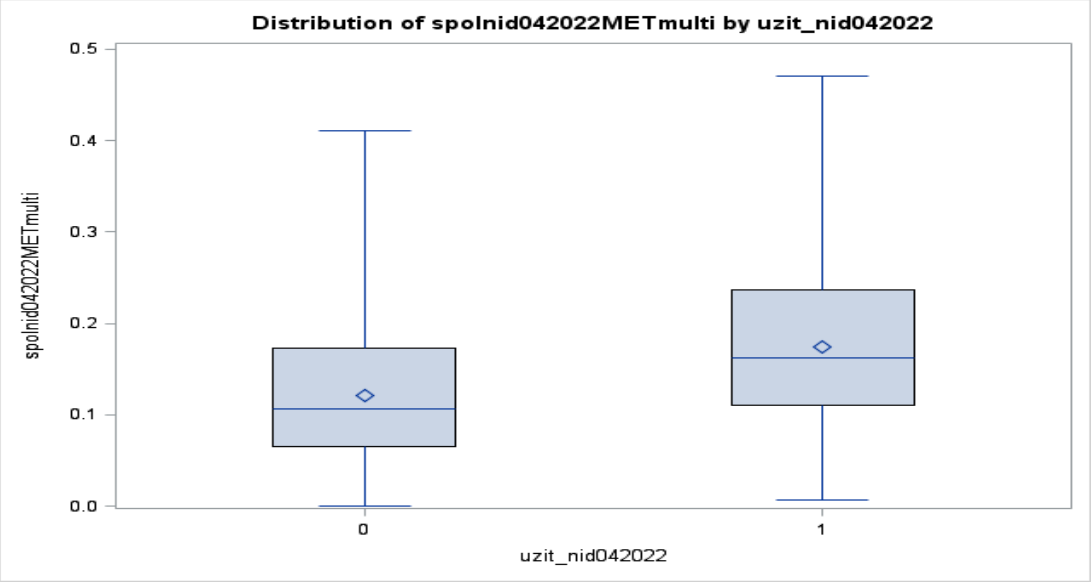
Graf 14 Průměrné spolehlivosti GEPH INF genotypovaných krav s fenotypy podle roku narození



Graf 15 Průměrné spolehlivosti GEPH INF býků genotypovaných a negenotypovaných narozených od roku 2010



Graf 16 Průměrné spolehlivosti GEPH INF krav s užitkovosti a bez užitkovosti narozených od roku 2010



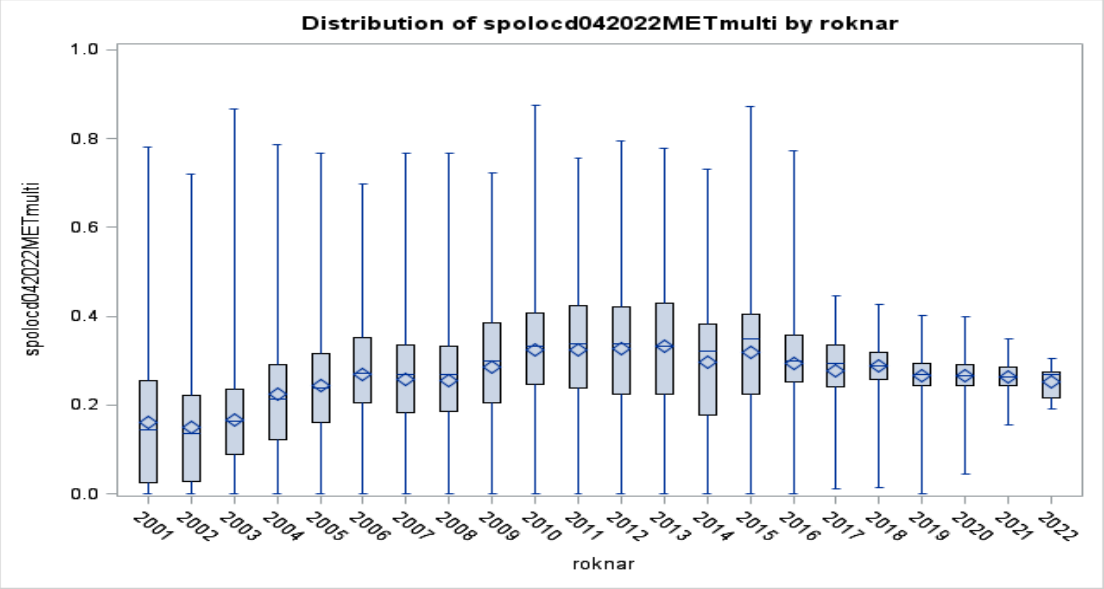
12.3 ZNAK NEMOCI PAZNEHTŮ CELKEM (NPC)

Spolehlivosti GEPH pro NPC vypočtené víceznakovým modelem jsou uvedeny v Tab. 27. Průměr za všechny zvířata je 0,15 a nejvyšší hodnoty byly zjištěny v průměru u genotypovaných krav. Nejvyšší spolehlivosti byly zjištěny u býků. Průměrné spolehlivosti plemenných hodnot u býků i krav stoupaly s rokem narození (viz Grafy 14 a 15). U genotypovaných krav s fenotypy (viz Graf 16) průměry spolehlivosti stoupaly podle roku narození. Na Grafu 17 je ukázáno, že v průměru mají genomičtí býci vyšší průměrnou spolehlivost než negenotypovaní. Graf 18 ukazuje vyšší průměr spolehlivosti u krav se sledovaným fenotypem. Celkem bylo nalezeno 2 019 býků se spolehlivostí nad 0,20, viz Tab. 31. Relativní GEPH je vyjádřena tak, že hodnoty nad 100 znamenají genetické založení pro nižší výskyt PRP.

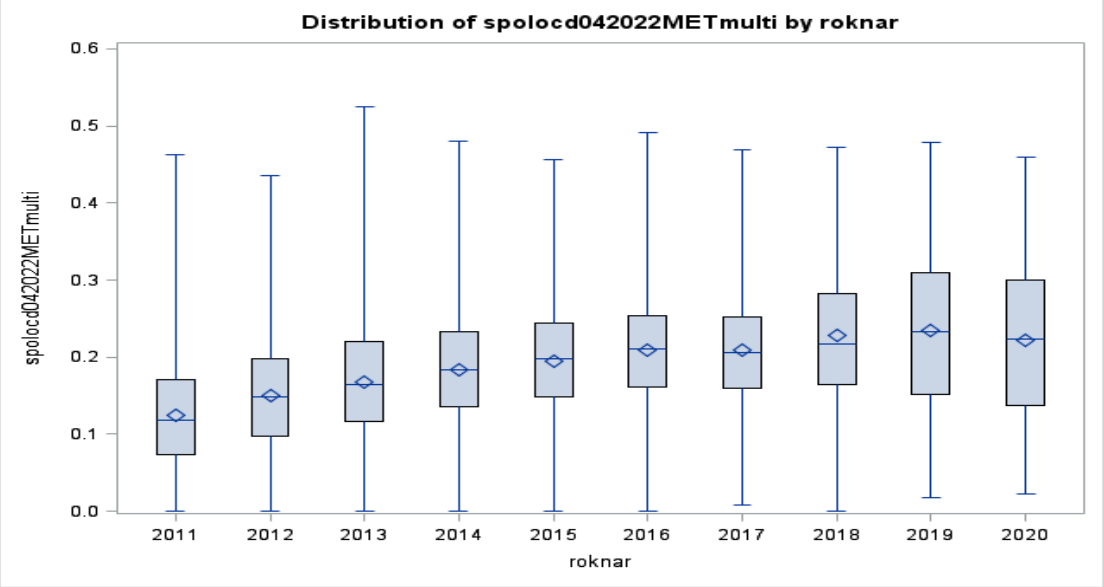
Tab. 27. Průměrné Spolehlivosti genomické plemenné hodnoty pro NPC

Skupina	Počet	Průměr	Směrodatná	Minimum	PR 10	PR 25	PR	PR	Maximum
Celkem	130 354	0,15	0,107	0,00	0,00	0,06	0,23	0,29	0,88
Jedinci s rodiči	112 433	0,17	0,097	0,00	0,05	0,10	0,24	0,29	0,88
Býci	8 544	0,20	0,153	0,00	0,00	0,07	0,30	0,39	0,88
Krávy	121 810	0,15	0,102	0,00	0,00	0,06	0,22	0,28	0,52
Genotypovaní býci	5 417	0,28	0,125	0,00	0,13	0,20	0,34	0,42	0,88
Genotypované	7 542	0,20	0,153	0,00	0,00	0,07	0,30	0,39	0,88
Krávy s fenotypy	57 567	0,21	0,076	0,01	0,12	0,16	0,26	0,32	0,52
Genotypované krávy s fenotypy	7 354	0,34	0,047	0,16	0,28	0,31	0,38	0,40	0,52

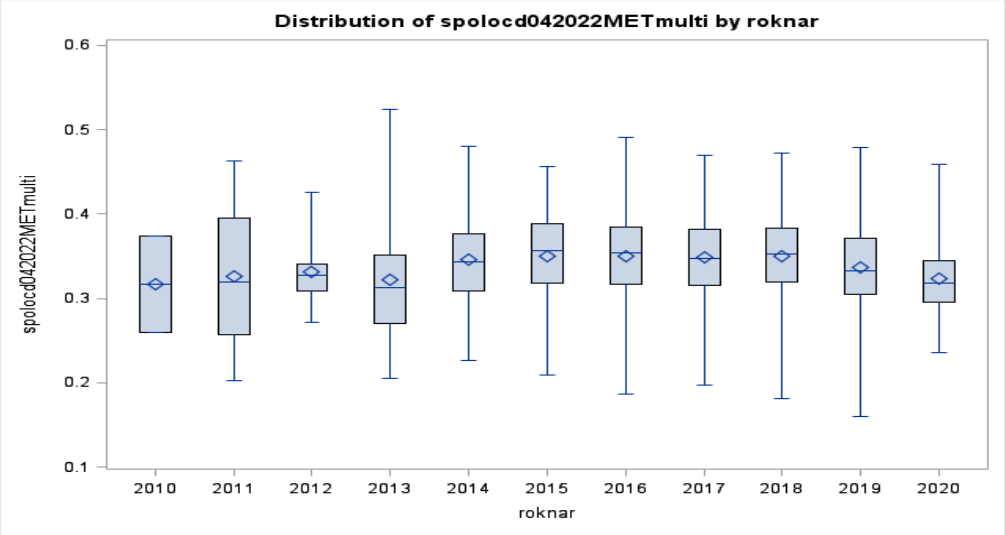
Graf 17 Průměrné spolehlivosti GEPH NPC býků podle roku narození



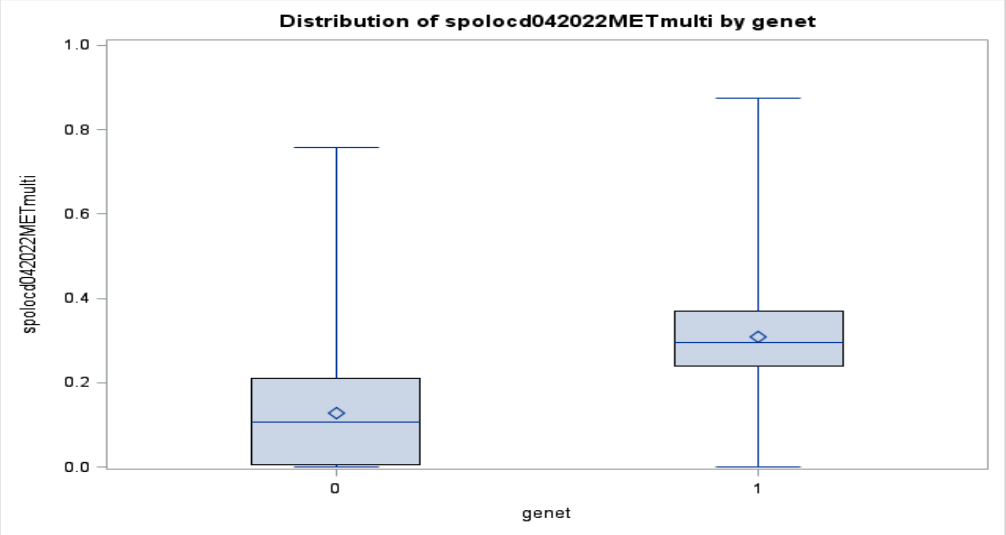
Graf 18 Průměrné spolehlivosti GEPH NPC krav podle roku narození



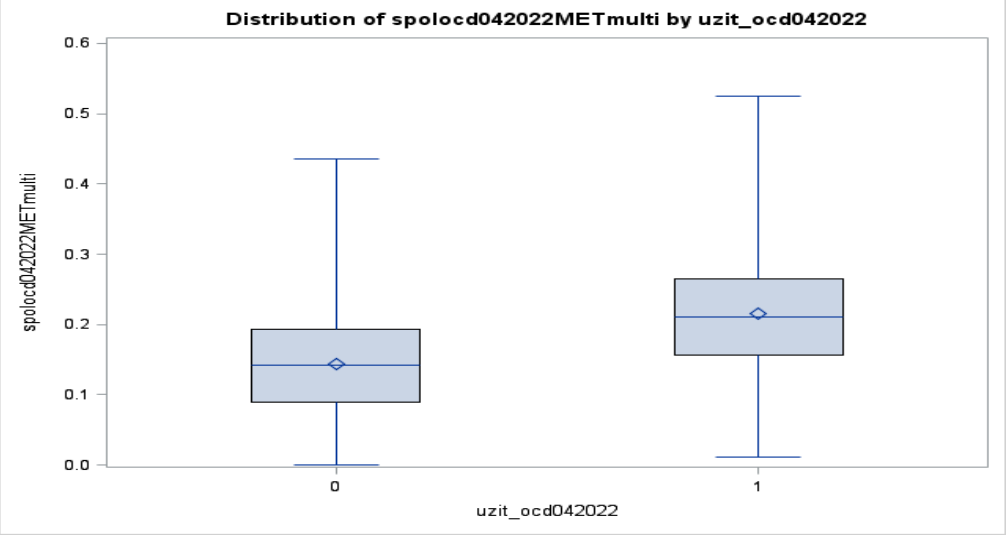
Graf 19 Průměrné spolehlivosti GEPH NPC genotypovaných krav s fenotypy podle roku narození



Graf 20 Průměrné spolehlivosti GEPH NPC býků genotypovaných a negenotypovaných narozených od roku 2010



Graf 21 Průměrné spolehlivosti GEPH NPC krav s užitkovosti a bez užitkovosti narozených od roku 2010



13 PŘÍLOHA ROZDÍLY VE FENOTYPECH DCER BÝKŮ VYBRANÝCH PODLE EXTRÉMNÍCH GEPH PRO ZNAKY NEMOCÍ PAZNEHTŮ INF, PRP A NPC

Z býků s GEPH INF (PRP; NPC) se spolehlivostí nad 0,20 byly vytvořeny dvě skupiny podle 10 percentilu a 90 percentilu pro každý ze tří uvedených znaků. Hodnoty použité pro výběr jsou v Tab. 28 až 30. U dcer těchto extrémních býků jsme porovnali výskyt nemocí: klinické mastitidy, INF, PRP a NPC, jak byly nahlášeny chovateli do Deníku nemocí. V Grafu 22 je uvedeno, kolikrát se u dcer býků s nízkou relativní plemennou hodnotou (malá odolnost proti nemoci) pro znaky nemocí paznehtů vyskytovala tato choroba v porovnání s dcerami býků s vysokou relativní plemenou hodnotou (vysoká odolnost vůči nemoci). Dcery býků s nízkou odolností vykazovaly téměř vždy vyšší výskyt nemoci, ať té, podle které byl prováděn výběr, tak ostatních, avšak v různé výši. Vždy byl nalezen nejvyšší rozdíl mezi skupinami dcer pro tu vlastnost, podle které se dělal výběr. Zároveň se ukazuje, že výskyt klinické mastitidy je vyšší zejména u dcer býků, kteří vykazují geneticky nízkou odolností vůči PRP a NPC. A zatímco u vyběr podle INF zachytí i vyšší výskyt PRP, opačný vztah je slabší. Zato výběr podle NPC podchytil fenotypový výskyt jak INF, tak PRP. Z toho můžeme usuzovat, že výběr a definice znaků selekce proti nemocem paznehtů splňuje požadavky na ni kladené.

Tab. 28.Průměrné genomické plemenné hodnoty pro INF a jejich spolehlivosti u genotypovaných býků narozených po roce 2010 do roku 2019 s minimální spolehlivostí 0,20

	Počet	Průměr	Standardní odchylka	Minimum	10th Pctl	25th Pctl	75th Pctl	90th Pctl	Maximum
GEPH	1 988	-0,0075	0,0497	-0,1759	-0,0711	-0,0400	0,0239	0,0539	0,2283
RGEPH	1 988	101,34	13,65	36,55	**84,47**	92,72	110,26	**118,81**	147,61
Spolehlivost	1 988	0,33	0,09	0,20	0,23	0,26	0,37	0,44	0,87

Tab. 29.Průměrné genomické plemenné hodnoty pro PRP a jejich spolehlivosti u genotypovaných býků narozených po roce 2010 do roku 2019

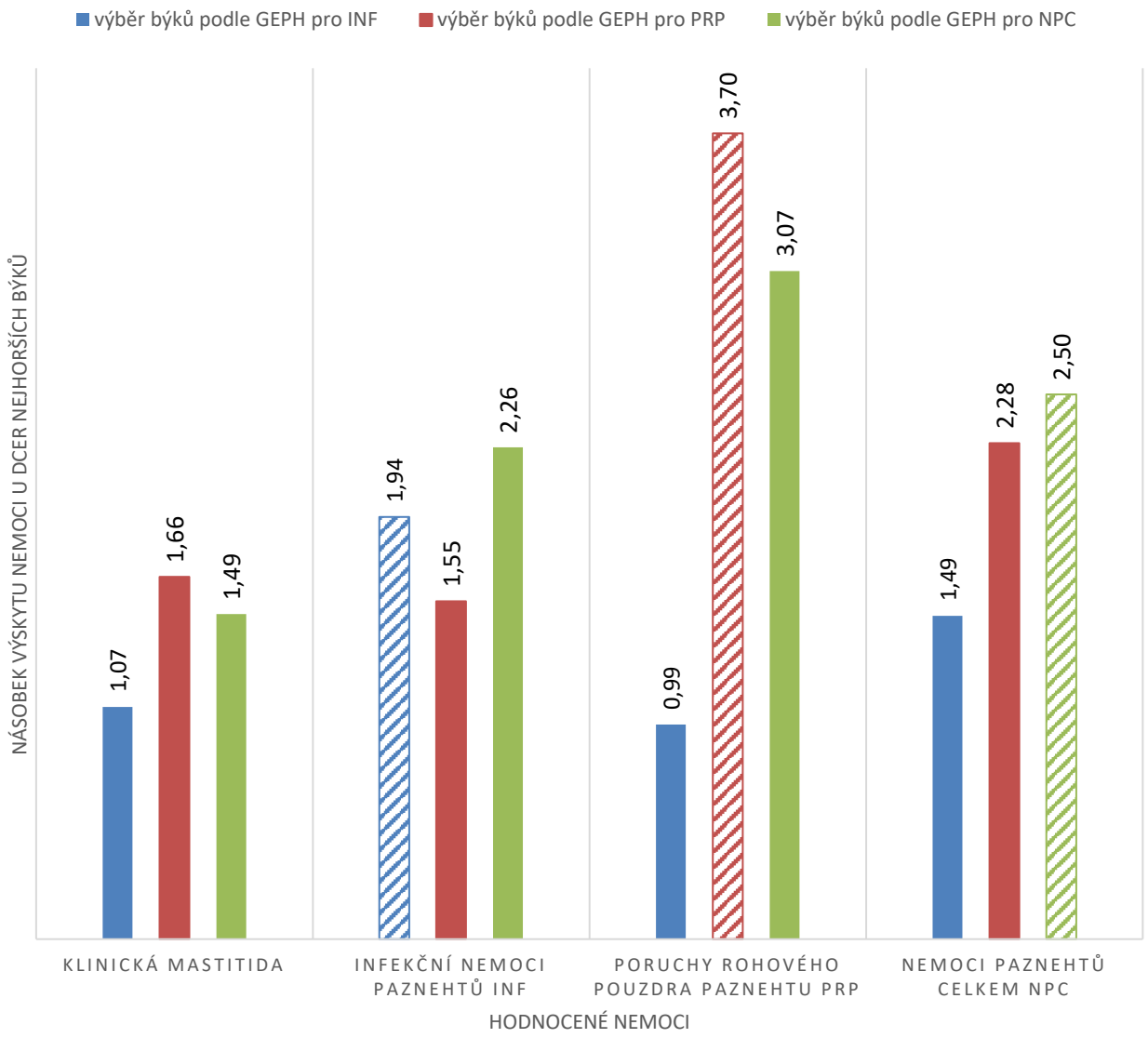
	Počet	**Průměr**	**Standardní odchylka**	**Minimum**	**10th Pctl**	**25th Pctl**	**75th Pctl**	**90th Pctl**	**Maximum**
GEPH	1 743	-0,0324	0,0401	-0,1620	-0,0798	-0,0582	-0,0082	0,0208	0,1293
RGEPH	1 743	107,30	11,83	59,60	**91,62**	100,16	114,92	**121,28**	145,54
Spolehlivost	1 743	0,29	0,08	**0,20**	0,22	0,24	0,32	0,38	0,82

Tab. 30.Průměrné genomické plemenné hodnoty pro NPC a jejich spolehlivosti u genotypovaných býků narozených po roce 2010 do roku 2019

	Počet	**Průměr**	**Standardní odchylka**	**Minimum**	**10th Pctl**	**25th Pctl**	**75th Pctl**	**90th Pctl**	**Maximum**
GEPH	2 019	-0,0129	0,0424	-0,1586	-0,0690	-0,0404	0,0154	0,0402	0,1354
RGEPH	2 019	103,77	13,17	57,75	**87,31**	95,01	112,33	**121,20**	149,03
Spolehlivost	2 019	0,35	0,10	**0,20**	0,25	0,28	0,39	0,46	0,88

GRAF 22 POROVNÁNÍ VÝSKYTU NEMOCÍ U DCER BÝKŮ S EXTRÉMNÍMI GEPH PRO ZNAKY NEMOCÍ PAZNEHTŮ

KOLIKRÁT BYL VYŠŠÍ VÝSKYT NEMOCI U DCER NEHORŠÍCH BÝKŮ VE SROVNÁNÍ S DCERAMI NEJLEPŠÍCH BÝKŮ



14 PŘÍLOHA PARAMETRICKÉ SOUBORY PRO BLUPF90

14.1 PARAMETRICKÉ SOUBORY PRO JEDNOZNAKOVÝ MODEL

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

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

14.1.1 PARAMETRICKÝ MODEL PRO RENUMF90

14.1.1.1 **Znak INF**

```
# par pro renum single
DATAFILE
datadata
TRAITS
 19 # INF
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
 1 # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
0.09705
EFFECT
 3   cross alpha #hys
EFFECT
 6  cross alpha  #vekottr
EFFECT
2  cross num #PE
RANDOM
diagonal
(CO)VARIANCES
 0.00833
EFFECT
 1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
FILE
pedigree
SNP_FILE
snpsnpsnp
#PED_DEPTH
#4
(CO)VARIANCES
 0.00758
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
OPTION saveDiagG
```

14.1.1.2 **Znak PRP**

```
# par pro renum single
DATAFILE
datadatadata
TRAITS
15   # NID
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1 # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
0.6636E-01
EFFECT
 3   cross alpha #hys
EFFECT
6  cross alpha  #vekottr
EFFECT
 2  cross num #PE
RANDOM
diagonal
(CO)VARIANCES
0.6565E-02
EFFECT
 1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
FILE
pedigree
SNP_FILE
snpsnpsnp
#PED_DEPTH
#4
(CO)VARIANCES
0.6481E-02
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
OPTION saveDiagG
```

14.1.1.3 **Znak NPC**

```
# par pro renum single
DATAFILE
datadatadata
TRAITS
  13 #13 NPC
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1 # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
0.09625
EFFECT
3   cross alpha #hys
EFFECT
6  cross alpha  #vekottr
EFFECT
2  cross num #PE
RANDOM
diagonal
(CO)VARIANCES
 0.01262
EFFECT
 1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
FILE
pedigree
SNP_FILE
snpsnpsnp
#PED_DEPTH
#4
(CO)VARIANCES
0.00491
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION saveDiagG
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
```

14.1.2 PARAMETRICKÝ SOUBOR PRO BLUPF9IOD2

14.1.2.1 **Znak INF**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90

DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           1
NUMBER_OF_EFFECTS
           4
OBSERVATION(S)
    1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 2       543 cross
 3        15 cross
 4     40859 cross
 5    102862 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.97050E-01
 RANDOM_GROUP
     3
 RANDOM_TYPE
 diagonal
 FILE

(CO)VARIANCES
  0.83300E-02
 RANDOM_GROUP
     4
 RANDOM_TYPE
 add_an_upginb
 FILE
renadd04.ped
(CO)VARIANCES
  0.75800E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
OPTION saveDiagG
```

14.1.2.2 **Znak PRP**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90

DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           1
NUMBER_OF_EFFECTS
           4
OBSERVATION(S)
    1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 2       382 cross
 3        15 cross
 4     25143 cross
 5     72921 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.66360E-01
 RANDOM_GROUP
     3
 RANDOM_TYPE
 diagonal
 FILE

(CO)VARIANCES
  0.65650E-02
 RANDOM_GROUP
     4
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd04.ped
(CO)VARIANCES
  0.64810E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
OPTION saveDiagG
```

14.1.2.3 **Znak NPC**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90

DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           1
NUMBER_OF_EFFECTS
           4
OBSERVATION(S)
    1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 2       784 cross
 3        15 cross
 4     57567 cross
 5    130354 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.96250E-01
 RANDOM_GROUP
     3
 RANDOM_TYPE
 diagonal
 FILE

(CO)VARIANCES
  0.12620E-01
 RANDOM_GROUP
     4
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd04.ped
(CO)VARIANCES
  0.49100E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION saveDiagG
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
```

14.1.3 PARAMETRICKÝ MODEL PRO ACCF90GS

Výpočet spolehlivosti 2. krok

14.1.3.1 **Znak INF**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           1
NUMBER_OF_EFFECTS
           4
OBSERVATION(S)
    1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 2       543 cross
 3        15 cross
 4     40859 cross
 5    102862 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.97050E-01
 RANDOM_GROUP
     3
 RANDOM_TYPE
 diagonal
 FILE

(CO)VARIANCES
  0.83300E-02
 RANDOM_GROUP
     4
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd04.ped
(CO)VARIANCES
  0.75800E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION anim 4
OPTION pe 3
OPTION type 1.0
OPTION model animal
OPTION parent_avg yes
OPTION acc_maxrounds 1550
```

14.1.3.2 **Znak PRP**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           1
NUMBER_OF_EFFECTS
           4
OBSERVATION(S)
    1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 2       382 cross
 3        15 cross
 4     25143 cross
 5     72921 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.66360E-01
 RANDOM_GROUP
     3
 RANDOM_TYPE
 diagonal
 FILE

(CO)VARIANCES
  0.65650E-02
 RANDOM_GROUP
     4
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd04.ped
(CO)VARIANCES
  0.64810E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION anim 4
OPTION pe 3
OPTION type 1.0
OPTION model animal
OPTION parent_avg yes
OPTION acc_maxrounds 1550
```

14.1.3.3 **Znak NPC**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           1
NUMBER_OF_EFFECTS
           4
OBSERVATION(S)
    1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 2       784 cross
 3        15 cross
 4     57567 cross
 5    130354 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.96250E-01
 RANDOM_GROUP
     3
 RANDOM_TYPE
 diagonal
 FILE

(CO)VARIANCES
  0.12620E-01
 RANDOM_GROUP
     4
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd04.ped
(CO)VARIANCES
  0.49100E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION anim 4
OPTION pe 3
OPTION type 1.0
OPTION model animal
OPTION parent_avg yes
OPTION acc_maxrounds 1550
```

14.2 PARAMETRICKÉ SOUBORY PRO VÍCEZNAKOVÝ MODEL

14.2.1 ZNAKY LINEÁRNÍHO POPISU POUŽITÉ PRO VÍCEZNAKOVÝ MODEL

14.2.1.1 **INF**

- Úhel paznehtu
- Chodivost

14.2.1.2 **PRP**

- Celkové hodnocení končetin v %
- Postoj končetin z boku
- Úhel paznehtu
- Chodivost

14.2.1.3 **NPC**

- Celkové hodnocení končetin v %
- Chodivost

14.2.2 PARAMETRICKÝ SOUBOR PRO RENUMF90

14.2.2.1 **INF**

par pro renum multi

```
DATAFILE
Duben2022_305_ID_ext_met.dt
TRAITS
17 18  19 #17Paznsk 18chodsk 19 ID
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1 1 1 # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
0.81390     0.17440     -0.00728
0.17440     1.30000     -0.01269
-0.00728 -0.01269 0.09705
EFFECT
0  0 3   cross alpha #hys
EFFECT
4 4  0    cross alpha #hod
EFFECT
5 5  0   cross alpha  #klasif
EFFECT
0 0 6  cross alpha  #vekottr
EFFECT
7 7 0  cov #vekot1 * věk při prvním otelení
EFFECT
8 8 0  cov #vekot1_2 na druhou * věk při prvním otelení
EFFECT
9 9 0  cov #dnyhod * dny v laktaci při hodnocení
EFFECT
10 10 0 cov #dnyhod na druhou
EFFECT
0 0 2  cross num #PE
RANDOM
diagonal
(CO)VARIANCES
   0.000      0.000 0.000
   0.000      0.000 0.0000
   0.000      0.000 0.00833
EFFECT
1 1 1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
FILE
rod2022_renum.rk
SNP_FILE
kgen001duben_met
#PED_DEPTH
#4
(CO)VARIANCES
0.08253     0.03073     0.00571
0.03073     0.15990     -0.01041
0.00571     -0.01041 0.00758
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
OPTION saveDiagG
```

14.2.2.2 **PRP**

```
# par pro renum multi
DATAFILE
Duben2022_305_NIDext_metH5.dt
TRAITS
11 12 13 14 15   #koncetiny postojzboku pazneht chodivost NID
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1 # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
   9.782     -0.8976       1.634       2.641     -0.6603E-01
 -0.8976       1.030     -0.2661     -0.9702E-01  0.8314E-02
   1.634     -0.2661      0.8170      0.2625     -0.7595E-02
   2.641     -0.9702E-01  0.2625       1.534     -0.2345E-01
 -0.6603E-01  0.8314E-02 -0.7595E-02 -0.2345E-01  0.6636E-01
EFFECT
0 0 0 0 3   cross alpha #hys
EFFECT
4 4 4 4 0    cross alpha #hod
EFFECT
5 5 5 5 0   cross alpha  #klasif
EFFECT
0 0 0 0 6  cross alpha  #vekottr
EFFECT
7 7 7 7 0  cov #vekot1 * věk při prvním otelení
EFFECT
8 8 8 8 0  cov #vekot1_2 na druhou * věk při prvním otelení
EFFECT
9 9 9 9 0  cov #dnyhod * dny v laktaci při hodnocení
EFFECT
10 10 10 10 0 cov #dnyhod na druhou
EFFECT
0 0 0 0 2  cross num #PE
RANDOM
diagonal
(CO)VARIANCES
    0.000       0.000       0.000       0.000       0.000
   0.000       0.000       0.000       0.000       0.000
   0.000       0.000       0.000       0.000       0.000
   0.000       0.000       0.000       0.000       0.000
   0.000       0.000       0.000       0.000      0.6565E-02
EFFECT
1  1 1 1 1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
FILE
rod2022_renum.rk
SNP_FILE
kgen001duben_met
#PED_DEPTH
#4
(CO)VARIANCES
  0.9157     -0.1541      0.1501      0.2812     -0.2166E-01
 -0.1541      0.1463     -0.7310E-01 -0.3134E-01  0.6597E-02
  0.1501     -0.7310E-01  0.7430E-01  0.2454E-01 -0.7230E-02
  0.2812     -0.3134E-01  0.2454E-01  0.1007     -0.5729E-02
 -0.2166E-01  0.6597E-02 -0.7230E-02 -0.5729E-02  0.6481E-02
  OPTION missing -999
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
OPTION saveDiagGd
```

14.2.2.3 **NPC**

```
 # par pro renum multi
DATAFILE
Duben2022_305_ocdext_metH3.dt
TRAITS
11 12  13 #11 koncetiny 12chodsk 13OCD
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1 # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
0.39210     0.43100     -0.00761
0.43100     1.45800     -0.01175
-0.00761    -0.01175    0.09625
EFFECT
0 0   3   cross alpha #hys
EFFECT
4 4   0    cross alpha #hod
EFFECT
5 5  0   cross alpha  #klasif
EFFECT
0 0  6  cross alpha  #vekottr
EFFECT
7 7  0  cov #vekot1 * věk při prvním otelení
EFFECT
8 8  0  cov #vekot1_2 na druhou * věk při prvním otelení
EFFECT
9 9  0  cov #dnyhod * dny v laktaci při hodnocení
EFFECT
10 10 0 cov #dnyhod na druhou
EFFECT
0 0  2  cross num #PE
RANDOM
diagonal
(CO)VARIANCES
 0.000      0.000 0.000
 0.000      0.000 0.0000
 0.000      0.000 0.01262
EFFECT
1 1 1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
FILE
rod2022_renum.rk
SNP_FILE
kgen001duben_met
#PED_DEPTH
#4
(CO)VARIANCES
0.03642     0.05621     -0.00368
0.05621     0.12650     -0.01036
-0.00368 -0.01036 0.00491
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION saveDiagG
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000 d
```

14.2.3 PARAMETRICKÝ SOUBOR PRO BLUPF9IOD2

14.2.3.1 **INF**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           3
NUMBER_OF_EFFECTS
          10
OBSERVATION(S)
    1    2    3
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 0 0 4       543 cross
 5 5 0      1208 cross
 6 6 0         9 cross
 0 0 7        15 cross
 8 8 0 1 cov
 9 9 0 1 cov
 10 10 0 1 cov
 11 11 0 1 cov
 0 0 12     40859 cross
 13 13 13    102862 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.81390      0.17440     -0.72800E-02
  0.17440       1.3000     -0.12690E-01
 -0.72800E-02 -0.12690E-01  0.97050E-01
 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      0.83300E-02
 RANDOM_GROUP
    10
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd10.ped
(CO)VARIANCES
  0.82530E-01  0.30730E-01  0.57100E-02
  0.30730E-01  0.15990     -0.10410E-01
  0.57100E-02 -0.10410E-01  0.75800E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
OPTION saveDiagG
```

14.2.3.2 **PRP**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           5
NUMBER_OF_EFFECTS
          10
OBSERVATION(S)
    1    2    3    4    5
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 0 0 0 0 6       382 cross
 7 7 7 7 0       809 cross
 8 8 8 8 0         9 cross
 0 0 0 0 9        15 cross
 10 10 10 10 0 1 cov
 11 11 11 11 0 1 cov
 12 12 12 12 0 1 cov
 13 13 13 13 0 1 cov
 0 0 0 0 14     25143 cross
 15 15 15 15 15     72921 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
   9.7820     -0.89760       1.6340       2.6410     -0.66030E-01
 -0.89760       1.0300     -0.26610     -0.97020E-01  0.83140E-02
   1.6340     -0.26610      0.81700      0.26250     -0.75950E-02
   2.6410     -0.97020E-01  0.26250       1.5340     -0.23450E-01
 -0.66030E-01  0.83140E-02 -0.75950E-02 -0.23450E-01  0.66360E-01
 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      0.65650E-02
 RANDOM_GROUP
    10
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd10.ped
(CO)VARIANCES
  0.91570     -0.15410      0.15010      0.28120     -0.21660E-01
 -0.15410      0.14630     -0.73100E-01 -0.31340E-01  0.65970E-02
  0.15010     -0.73100E-01  0.74300E-01  0.24540E-01 -0.72300E-02
  0.28120     -0.31340E-01  0.24540E-01  0.10070     -0.57290E-02
 -0.21660E-01  0.65970E-02 -0.72300E-02 -0.57290E-02  0.64810E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
OPTION saveDiagG
```

14.2.3.3 **NPC**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           3
NUMBER_OF_EFFECTS
          10
OBSERVATION(S)
    1    2    3
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 0 0 4       784 cross
 5 5 0      1622 cross
 6 6 0         9 cross
 0 0 7        15 cross
 8 8 0 1 cov
 9 9 0 1 cov
 10 10 0 1 cov
 11 11 0 1 cov
 0 0 12     57567 cross
 13 13 13    130354 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.39210      0.43100     -0.76100E-02
  0.43100       1.4580     -0.11750E-01
 -0.76100E-02 -0.11750E-01  0.96250E-01
 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      0.12620E-01
 RANDOM_GROUP
    10
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd10.ped
(CO)VARIANCES
  0.36420E-01  0.56210E-01 -0.36800E-02
  0.56210E-01  0.12650     -0.10360E-01
 -0.36800E-02 -0.10360E-01  0.49100E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION sol se
OPTION saveDiagG
OPTION conv_crit 1e-12
OPTION maxrounds 10000
```

14.2.4 PARAMETRICKÝ MODEL PRO ACCF90GS

Výpočet spolehlivosti 2. krok

14.2.4.1 **Znak INF**

```
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           3
NUMBER_OF_EFFECTS
          10
OBSERVATION(S)
    1    2    3
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 0 0 4       543 cross
 5 5 0      1208 cross
 6 6 0         9 cross
 0 0 7        15 cross
 8 8 0 1 cov
 9 9 0 1 cov
 10 10 0 1 cov
 11 11 0 1 cov
 0 0 12     40859 cross
 13 13 13    102862 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.81390      0.17440     -0.72800E-02
  0.17440       1.3000     -0.12690E-01
 -0.72800E-02 -0.12690E-01  0.97050E-01
 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      0.83300E-02
 RANDOM_GROUP
    10
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd10.ped
(CO)VARIANCES
  0.82530E-01  0.30730E-01  0.57100E-02
  0.30730E-01  0.15990     -0.10410E-01
  0.57100E-02 -0.10410E-01  0.75800E-02
OPTION SNP_file snpsnpsnp
OPTION missing -999
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION  cg 2 2  1
OPTION anim 10
OPTION pe 9
OPTION type 1.0
OPTION model animal
OPTION parent_avg yes
OPTION acc_maxrounds 1550
```

14.2.4.2 **Znak PRP**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           5
NUMBER_OF_EFFECTS
          10
OBSERVATION(S)
    1    2    3    4    5
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 0 0 0 0 6       382 cross
 7 7 7 7 0       809 cross
 8 8 8 8 0         9 cross
 0 0 0 0 9        15 cross
 10 10 10 10 0 1 cov
 11 11 11 11 0 1 cov
 12 12 12 12 0 1 cov
 13 13 13 13 0 1 cov
 0 0 0 0 14     25143 cross
 15 15 15 15 15     72921 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
   9.7820     -0.89760       1.6340       2.6410     -0.66030E-01
 -0.89760       1.0300     -0.26610     -0.97020E-01  0.83140E-02
   1.6340     -0.26610      0.81700      0.26250     -0.75950E-02
   2.6410     -0.97020E-01  0.26250       1.5340     -0.23450E-01
 -0.66030E-01  0.83140E-02 -0.75950E-02 -0.23450E-01  0.66360E-01
 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      0.65650E-02
 RANDOM_GROUP
    10
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd10.ped
(CO)VARIANCES
  0.91570     -0.15410      0.15010      0.28120     -0.21660E-01
 -0.15410      0.14630     -0.73100E-01 -0.31340E-01  0.65970E-02
  0.15010     -0.73100E-01  0.74300E-01  0.24540E-01 -0.72300E-02
  0.28120     -0.31340E-01  0.24540E-01  0.10070     -0.57290E-02
 -0.21660E-01  0.65970E-02 -0.72300E-02 -0.57290E-02  0.64810E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION  cg 2  2 2 2 1
OPTION anim 10
OPTION pe 9
OPTION type 1.0
OPTION model animal
OPTION parent_avg yes
OPTION acc_maxrounds 1550
```

14.2.4.3 **Znak NPC**

```
# BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
DATAFILE
 renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
           3
NUMBER_OF_EFFECTS
          10
OBSERVATION(S)
    1    2    3
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
 0 0 4       784 cross
 5 5 0      1622 cross
 6 6 0         9 cross
 0 0 7        15 cross
 8 8 0 1 cov
 9 9 0 1 cov
 10 10 0 1 cov
 11 11 0 1 cov
 0 0 12     57567 cross
 13 13 13    130354 cross
RANDOM_RESIDUAL VALUES
  0.39210      0.43100     -0.76100E-02
  0.43100       1.4580     -0.11750E-01
 -0.76100E-02 -0.11750E-01  0.96250E-01
 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      0.12620E-01
 RANDOM_GROUP
    10
 RANDOM_TYPE
 add_animal
 FILE
renadd10.ped
(CO)VARIANCES
  0.36420E-01  0.56210E-01 -0.36800E-02
  0.56210E-01  0.12650     -0.10360E-01
 -0.36800E-02 -0.10360E-01  0.49100E-02
OPTION SNP_file kgen001duben_met
OPTION missing -999
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION  cg 2  2  1
OPTION anim 10
OPTION pe 9
OPTION type 1.0
OPTION model animal
OPTION parent_avg yes
OPTION acc_maxrounds 1550
```

15 PŘÍLOHA DATABAZOVÉ SOUBORY

15.1 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 otelení ve dnech
8. Věk při otelení ve dnech na druhou
9. Dny laktace při hodnocení ve dnech
10. Dny laktace ve dnech na druhou
11. Třída pro celkovou charakteristiku končetiny
12. Třída pro rámec
13. Třída pro kondici
14. Třída pro hranatost
15. Třída pro postavení končetin zezadu
16. Třída pro postavení konřetin z boku
17. Třída pro úhel paznehtu
18. Třída pro chodivost
19. INF nebo PRP nebo NPC

```
203000100187911 126 2520181 2520182 811 3 803 644809 118 13924 3 7 3 6 3 6 6 4 1
203000100189911 127 2520181 2520181 811 2 770 592900 56 3136 4 7 6 6 4 5 6 4 0
203000100190911 128 2520181 2520182 811 3 847 717409 61 3721 4 6 6 4 7 4 5 4 0
203000100199911 132 2520181 2520182 811 2 770 592900 117 13689 4 7 5 5 5 5 5 4 0
203000100205911 134 2520181 2520182 811 2 761 579121 115 13225 3 7 5 6 6 6 4 4 0
203000100206911 135 2520182 2520183 811 3 843 710649 132 17424 2 6 3 5 4 7 4 3 0
203000100208911 137 2520181 2520182 811 2 762 580644 112 12544 2 6 6 4 3 7 5 -999* 1
203000100209911 138 2520181 2520182 811 2 786 617796 86 7396 3 7 5 6 5 6 5 3 0
```

* -999 označení chybějící hodnoty

15.2 DATOVÝ SOUBOR PRO JEDNOZNAKOVÝ MODEL

1. Registrační číslo zvířete – efekt jedince
2. Pořadové číslo krávy s užitkovostí – efekt trvalého pořadí krávy
3. Stádo
4. Rok x období otelení
5. Pořadí laktace a věku při otelení
6. INF nebo PRP nebo NPC

```
203000452893961 20562 1 32017 4 12 0
203000452895961 20563 1 42017 5 14 0
203000452895961 20563 1 12019 5 14 1
203000452896961 20564 1 42017 5 14 0
203000452897961 20565 1 12018 5 14 0
203000452897961 20565 1 12019 5 14 1
203000452899961 20566 1 42017 5 14 0
203000452904961 20567 1 42017 5 14 0
203000452904961 20567 1 42018 5 14 1
```

15.3 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 2030000055916526 1986
203000099065527 203316058856510 2030000035735527 1985
203000099065541 203316054952609 2030000083301541 1993
203000099065543 203316044912505 2030000041232543 1993
203000099065549 203316018007521 2030000027865549 1988
203000099065587 2030000079529581 2030000049245547 1993
203000099065590 2030000009683790 2030000011501550 1997
203000099065601 2030000008935708 0               1982
203000099065623 2030000035640406 0               0
203000099065624 528000011343901 0               1985
203000099065629 2030000842984503 2030000093515609 1987
203000099065632 2030001085042609 2030000072918632 1990
203000099065643 276001020129540 276001021292410 1995
203000099065647 276000913546529 2030000061217647 1994
203000099065653 124000000327894 0               1984
203000099065654 0               0               1986
203000099065673 203316001042131 2030000088148653 1990
203000099065674 2030000002922357 2030000082798654 1992
203000099065688 276000107246247 2030000023348648 1995
203000099065691 2030000084102689 2030000013635651 1997
203000099065702 2030000810442506 0               0
203000099065726 203316040689203 0               1983
```

15.4 SOUBOR GENOMICKÝCH ÚDAJŮ

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

```
Příklad

372211056181109 221221115125212000202020020220221210211011005200
atd
```

16PŘÍLOHA VÝSTUP PROGRAMU BLUPF90IOD2

```
BLUP90IOD2 3.111
 Timed version for PLEMDAT
Expiration date: 2023/3   today is 2022/6
 name of parameter file?
B
     BLUP90IOD2 ver. 3.112 licensed

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

EFFECTS
 #  type                position (2)         levels   [positions for nested]
    1  cross-classified       0    0    4        784
    2  cross-classified       5    5    0       1622
    3  cross-classified       6    6    0          9
    4  cross-classified       0    0    7         15
    5  covariable             8    8    0          1
    6  covariable             9    9    0          1
    7  covariable            10   10    0          1
    8  covariable            11   11    0          1
    9  cross-classified       0    0   12      57567
   10  cross-classified      13   13   13     130354

 Residual (co)variance Matrix
 0.39210     0.43100    -0.76100E-02
 0.43100      1.4580    -0.11750E-01
-0.76100E-02-0.11750E-01 0.96250E-01

 Random Effect(s)    9
 Type of Random Effect:      diagonal
 trait   effect    (CO)VARIANCES
  1       9     0.000       0.000       0.000
  2       9     0.000       0.000       0.000
  3       9     0.000       0.000      0.1262E-01

 Random Effect(s)   10
 Type of Random Effect:      additive animal
 Pedigree File:              renadd10.ped
 trait   effect    (CO)VARIANCES
  1      10    0.3642E-01  0.5621E-01 -0.3680E-02
  2      10    0.5621E-01  0.1265     -0.1036E-01
  3      10   -0.3680E-02 -0.1036E-01  0.4910E-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: 06-28-2022  13h 47m 42s 589

 Options read from parameter file
 * convergence criterion (default=1e-12):  1.000000000000000E-012
 * maximum number of iterations (default=5000):       10000
```

```
 * missing observation (default=0):        -999

 Options read from parameter file for genomic
 * SNP format: BLUPF90 standard (text)
 * SNP file: kgen001duben_met
 * SNP Xref file: kgen001duben_met_XrefID
 * Save Diagonal elements (binary) of G matrix (default=.false.)

 Data record length =           13
 # equations =      571065
 * blksize =           1
 * initial equation =           0
 G
  0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000     0.12620E-01
 G inverse
  0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      0.0000
  0.0000      0.0000      79.239
 G
 0.36420E-01 0.56210E-01-0.36800E-02
 0.56210E-01 0.12650    -0.10360E-01
-0.36800E-02-0.10360E-01 0.49100E-02
 G inverse
  89.021     -41.214     -20.240
 -41.214      28.637      29.535
 -20.240      29.535      250.81
 datafile : renf90.dat

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

 Create_M
 Read 100903 records from data file
 Opening pedigree file : renadd10.ped
 Read 130354 additive pedigrees

 *-----------------------------------------------------------*
 *                 Genomic Library: Version 1.302            *
 *                                                           *
 *             Optimized OpenMP Version - 56 threads         *
 *                                                           *
 *  Modified relationship matrix (H) created for effect:  10 *
 *-----------------------------------------------------------*

 Read 130354 animals from pedigree file: "renadd10.ped"
 Number of Genotyped Animals: 12959

 Creating A22
    Extracting subset of: 43057 pedigrees from: 130354 elapsed time:     0.2510
    Calculating A22 Matrix by Colleau OpenMP...elapsed time: 1.2868
    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: 12959
    Reading SNP file elapsed time: 26.99

 Statistics of alleles frequencies in the current population
```

```
   N:          54609
   Mean:       0.539
   Min:        0.000
   Max:        1.000
   Var:        0.105

 Quality Control - SNPs with Call Rate < callrate ( 0.90) will removed: 13617

 Quality Control - SNPs with MAF < minfreq ( 0.05) will removed: 12898

 Quality Control - Monomorphic SNPs will be removed: 3859

 Quality Control - Removed Animals with Call rate < callrate ( 0.90): 233

 Quality Control - Check Parent-Progeny Mendelian conflicts

    Total animals: 130354 - Genotyped animals: 12959 - Effective: 12726

    Number of pairs Individual - Sire: 9689
    Number of pairs Individual - Dam: 975
    Number of trios Individual - Sire - Dam: 740

    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: 36520
    Total number of parent-progeny evaluations: 10664
    Number of SNPs with Mendelian conflicts: 392

 Checking Animals for Mendelian conflicts

    Total number of effective SNP for checks on Animals: 36128

    Number of Parent-Progeny Mendelian Conflicts: 60
    Output stored in "Gen_conflicts"

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

 Number of effective SNPs (after QC): 36128

 Number of effective Individuals (after QC): 12672

 Statistics of alleles frequencies in the current population after
 Quality Control (MAF, monomorphic, call rate, HWE, Mendelian conflicts)
   N:          36128
   Mean:       0.527
   Min:        0.050
   Max:        0.950
   Var:        0.065

 Genotypes missings (%): 34.789

 Genotypes missings after cleannig (%):  1.463

 Calculating G Matrix
```

```
   Dgemm MKL #threads=    28   56 Elapsed omp_get_time:    44.2506

 Scale by Sum(2pq). Average:   13129.9495226565

 Detecting samples with similar genotypes
    elapsed time=     1.6

 ****************************************
 *  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)
        1822     506   59389   58073  1.1795  1.1830  1.1829  0.9971
        1510    1504   59077   59071  1.0291  1.0310  1.0318  0.9978
        3460    3305   61027   60872  0.9065  0.9092  0.9097  0.9968
        6284    6283   46713   52776  0.9615  0.9627  0.9630  0.9986
        9142    9140    8067   39833  0.9942  0.9944  0.9942  0.9999
        9409    9408    1610   43355  0.9936  0.9946  0.9941  0.9992
        9540    9539   36678   20671  1.0268  1.0269  1.0268  1.0000
       10109   10108   31263   15259  1.0417  1.0417  1.0419  0.9998
       10572   10571   22907    7091  1.0265  1.0267  1.0265  0.9999
       12453   12452    1819   39860  0.9585  0.9684  0.9650  0.9915
    elapsed time=     0.8

 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:    0.050    All A:    0.050
Difference:   0.977
    Diagonal G:    1.008    Offdiagonal G:    0.002    All G:    0.002
Difference:   1.005
    Diff G Diag - G OffDiag:    1.005    (da-oa)/(dg-og):    0.972
    Diff A OffDiag - G OffDiag:    0.047
    Diff A all - G all:    0.047
    New Alpha:   0.923   New Beta:   0.049
    a + G*b; a:  0.047       b:  0.972
 Method to select individuals: 1
 Number of individual selected: 12959

 Frequency - Diagonal of G
    N:       12672
    Mean:        1.027
    Min:         0.844
    Max:         1.458
    Range:       0.031
    Class:     20

  #Class       Class   Count
       1  0.8439           3
       2  0.8746           7
       3  0.9053          84
       4  0.9360         906
       5  0.9668        3021
       6  0.9975        3745
       7   1.028        2150
       8   1.059        1235
       9   1.090         731
      10   1.120         404
      11   1.151         195
      12   1.182          94
      13   1.213          52
      14   1.243          25
      15   1.274          10
```

```
     16   1.305           3
     17   1.335           2
     18   1.366           2
     19   1.397           2
     20   1.428           1
     21   1.458           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           12959     1.026     1.000     1.270     0.000
    Off-diagonal   167922722     0.050     0.000     0.850     0.001


 ----------------------
  Final Genomic Matrix
 ----------------------

 Statistic of Genomic Matrix
                           N      Mean       Min       Max       Var
    Diagonal           12959     1.026     0.844     1.458     0.003
    Off-diagonal   167922722     0.048    -0.126     1.162     0.001


 Correlation of Genomic Inbreeding and Pedigree Inbreeding
    Correlation:     0.0078

 Diagonal elements
    Estimating Regression Coefficients G = b0 11' + b1 A + e
    Regression coefficients b0 b1 =      1.006     0.020

    Correlation diagonal elements G & A     0.008

 All elements - Diagonal / Off-Diagonal
    Estimating Regression Coefficients G = b0 11' + b1 A + e
    Regression coefficients b0 b1 =      0.014     0.675

    Correlation all elements G & A     0.629

 Off-Diagonal
    Using 141661000 elements from A22 >= .02000

    Estimating Regression Coefficients G = b0 11' + b1 A + e
    Regression coefficients b0 b1 =      0.012     0.693

    Correlation Off-Diagonal elements G & A     0.608

Diagonals of G printed in file (binary) "DiagG"

 Creating A22-inverse
    Inverse LAPACK MKL dpotrf/i  #threads=   28   56 Elapsed omp_get_time:
10.6302

 ---------------------
```

```
 Final A22 Inv Matrix
 ----------------------
 Statistic of Inv. Rel. Matrix A22
                            N      Mean       Min       Max       Var
    Diagonal            12959     1.954     1.000    94.401     6.003
    Off-diagonal    167922722    -0.000    -1.460     4.914     0.000


 Creating G-inverse
    Inverse LAPACK MKL dpotrf/i  #threads=   28   56 Elapsed omp_get_time:
10.1459

 --------------------------
 Final Genomic Inv Matrix
 --------------------------

 Statistic of Inv. Genomic Matrix
                            N      Mean       Min       Max       Var
    Diagonal            12959    10.346     1.000   248.373    73.466
    Off-diagonal    167922722    -0.001   -20.262    14.638     0.008


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

 Number of genotypes with G^ii < A22^ii: 17
 Genotype number, renumber id and Gi-A22i print in file:
"Check_Diagonal_GimA22i"

 ------------------------------
 Final G Inv - A22 Inv Matrix
 ------------------------------

 Statistic of Inv. Genomic - A22 Matrix
                            N      Mean       Min       Max       Var
    Diagonal            12959     8.392   -71.759   183.655    48.584
    Off-diagonal    167922722    -0.001   -19.646    12.612     0.007

*-------------------------------------------------*
* Setup Genomic Done !!!, elapsed time:    168.910 *
*-------------------------------------------------*

 Create M elapsed time = 169.7 sec.

 Invert M
 elapsed time = .0 sec.

 * START iteration: 06-28-2022  13h 50m 32s 752
 Number of threads iod (default): 56
 round =     1  eps =  0.2404E-01  time =    0.58
 round =     2  eps =  0.5529E-04  time =    0.55
 round =     3  eps =  0.4902E-05  time =    0.59
 round =     4  eps =  0.7301E-05  time =    0.60
 round =     5  eps =  0.1113E-04  time =    0.59
 round =     6  eps =  0.1196E-04  time =    0.59
 round =     7  eps =  0.1403E-04  time =    0.60
 round =   154  eps =  0.2716E-11  time =    0.61
 round =   155  eps =  0.1870E-12  time =    0.61

 Average seconds per round =    0.60

 * END iteration: 06-28-2022  13h 52m 05s 607
 solutions stored in file: "solutions"
 * FINISHED: 06-28-2022  13h 52m 06s 960
```

17 PŘÍLOHA VÝPIS Z KLÍČE DIAGNOZ

1.10.	**Nemoci paznehtů (a prstů)**		1
1.10.00.	Vyšetření paznehtů (a prstů) - žádná abnormalita		2
1.10.01.	Dědičné nemoci paznehtů		1
1.10.02.	Malformace paznehtů		1
1.10.03.	Nádory paznehtů		1
1.10.04.	Zranění paznehtu		1
1.10.04.01.	Proniknutí cizího tělesa do rohového pouzdra		1
1.10.05.	**Získané deformace paznehtů**		1
1.10.05.01.	Přerostlé paznehty	prosté přerůstání rohoviny - především špiček = ostré paznehty	1
1.10.05.02.	Zbroušené paznehty	nízká patka a současně abnormálně krátká boční i přední stěna, tj. hrana; větší obrus než růst rohoviny	1
1.10.05.03.	Strmý pazneht	tupý úhel, stejná výška vpředu i na patce	1
1.10.05.04.	Spirálovitý pazneht (SP)	Spirálový/Vývrtkovitý pazneht - jakékoli šroubovité stočení vnějšího nebo vnitřního paznehtu, přední stěna se odklání od přímé linie; ICAR Atlas str. 14	1
1.10.05.05.	Rozbíhavé paznehty	silné rozbíhání / velký rozestup špiček paznehtů při normální zátěži	1
1.10.05.06.	Nůžkovité paznehty (NP)	Zkřížené paznehty - špičky, tj. hroty paznehtů jsou překřížené; ICAR Atlas str. 30	1
1.10.05.07.	Asymetrické paznehty (AP)	Hypertrofický pazneht - výrazný rozdíl v šířce, výšce a/nebo délce mezi vnějším a vnitřním paznehtem, který nemůže být odstraněn úpravou paznehtů; ICAR Atlas str. 12	1
1.10.05.08.	Tenké chodidlo (TCh)	Chodidlová rohovina se při tlaku prstů prohýbá (jako houba); ICAR Atlas str. 40	1
1.10.06.	**Nehnisavé nemoci paznehtů (a prstů)**		1
1.10.06.05.	Praskliny, třepení	laminární uvolňování rohoviny stěny paznehtu od chodidla paralelně s nášlapovým povrchem	1
1.10.06.06.	Laminární oddělování rohoviny stěny paznehtu od pod ní ležící škáry		1
1.10.06.07.	Dvojité chodidlo (DCh)	Dvě či více nespojených vrstev chodidlové rohoviny (s prostorem mezi nimi); ICAR Atlas str. 19	1
1.10.06.09.	**Laminitida - Schvácení paznehtů - Difuzní aseptický zánět škáry (***Pododermatitis nonpurulenta diffusa*)	bolestivost, případně i zvýšená teplota postiženého paznehtu, odlehčování končetiny	1
1.10.06.09.01.	**Akutní laminitida - Akutní aseptický zánět škáry paznehtní**	bolestivost, zvýšená teplota postiženého paznehtu, odlehčování končetiny	1
1.10.06.09.02.	**Chronická laminitida - Chronický aseptický zánět škáry paznehtní**	bolestivost postiženého paznehtu, deformace, nepravidelný růst paznehtu, měkčí rohovina, strnulá chůze	1
1.10.06.09.02.01.	Prohnutá hrana (PH)	Prohnutý / Sáňkovitý pazneht - prohnutá (přední = dorzální) hrana paznehtu; ICAR Atlas str. 13	1
1.10.06.10.	**Tylom (T)**	Mezipaznehtní mozol, Interdigitální hyperplazie / fibrom - růst fibrotické tkáně mezi prsty; ICAR Atlas str. 26	1
1.10.06.11.	Aseptický zánět šlachové pochvy ohybačů (*Tendovaginitis flexorum digitalis nonpurulenta)*		1
1.10.06.12.	Vykloubení paznehtního nebo korunkového kloubu		1
1.10.06.13.	Fraktura kosti paznehtní nebo korunkové		1
1.10.06.15.	Trhlina rohoviny (Tr)	Trhlina/štěrbina ve stěně paznehtu	1
1.10.06.15.01.	Svislá trhlina (rozštěp) stěny paznehtu	Rozštěp stěny - svislá (podélná = souběžná s hranou) trhlina stěny paznehtu	1
1.10.06.15.01.01.	Svislá trhlina rohoviny (TrS)	Rozštěp stěny - svislá (podélná = souběžná s hranou) trhlina vnější nebo přední, tj. dorzální stěny paznehtu; ICAR Atlas str. 25	1

1.10.06.15.01.02.	Osová trhlina rohoviny (TrO)	Rozštěp vnitřní stěny - svislá (podélná = souběžná s hranou) trhlina vnitřní stěny paznehtu; ICAR Atlas str. 23	1
1.10.06.15.02.	Vodorovná trhlina rohoviny (TrV) (doupě stěny paznehtu)	Horizontální rýha, Doupě stěny - vodorovná (= souběžná s korunkovým okrajem) trhlina stěny paznehtu; ICAR Atlas str. 24	1
1.10.06.16.	Krvácenina v chodidle (K)	Podlitina chodidla - difúzní a/nebo ohraničené červené či žluté zabarvení chodidla a/nebo bílé čáry	1
1.10.06.16.01.	Krvácenina v chodidle - difúzní forma (K-D)	Difúzní (neostře ohraničené) světle červené až nažloutlé zabarvení rohoviny chodidla; ICAR Atlas str. 31	1
1.10.06.16.02.	Krvácenina v chodidle - ohraničená forma (K-O)	Jasný přechod mezi zabarvenou a normálně zbarvenou rohovinou chodidla; ICAR Atlas str. 32	1
1.10.06.16.02.01.	Krvácenina v chodidle - ohraničená forma - v typickém místě	Krvácenina v místě typickém pro Rusterholzův vřed (přechod mezi patkou a chodidlem blíže vnitřní stěně; hl. na "zadních", tj. pánevních končetinách), ohraničená = jasný přechod mezi zabarvenou a normálně zbarvenou rohovinou chodidla; ICAR Atlas str. 32	1
1.10.06.16.02.02.	Krvácenina v chodidle - ohraničená forma - mimo typické místo	Krvácenina mimo místo typické pro Rusterholzův vřed (přechod mezi patkou a chodidlem blíže vnitřní stěně; hl. na "zadních", tj. pánevních končetinách), ohraničená = jasný přechod mezi zabarvenou a normálně zbarvenou rohovinou chodidla	1
1.10.07.	**Hnisavé nemoci paznehtů (a prstů)**		1
1.10.07.02.	Difúzní hnisavý zánět škáry paznehtní (*Pododermatitis diffusa purulenta*)		1
1.10.07.03.	**Vřed paznehtu (V)**	Ohraničený defekt rohoviny s obnaženou zanícenou nebo nekrotickou (odumřelou) škárou (Vřed) v oblasti chodidla; názvy podle lokalizace (zóny) jako patkový vřed, chodidlový (Rusterholzův) vřed, vřed "špičky" tj. hrotu, nekróza hrotu paznehtu; ohraničený hnisavý zánět škáry paznehtní *(Pododermatitis circumscripta purulenta et necroticans)*	1
1.10.07.03.01.	**Vřed/nekróza špičky paznehtu (VŠ/NŠ)**	Vřed lokalizovaný na hrotu, tj. na „špičce“ paznehtu nebo Nekróza hrotu, tj.„špičky“ paznehtu/prstu s postižením paznehtní kosti	1
1.10.07.03.01.51.	Vřed špičky paznehtu (VŠ)	Vřed lokalizovaný na hrotu, tj. na „špičce“ paznehtu; ICAR Atlas str. 37	1
1.10.07.03.01.52.	Nekróza špičky paznehtu (NŠ)	Nekróza hrotu tj. „špičky“ paznehtu/prstu s postižením paznehtní kosti; ICAR Atlas str. 38	1
1.10.07.03.02.	**Chodidlový - Rusterholzův vřed (RV)**	ohraničený hnisavý zánět škáry v místě přechodu chodidla na rohovou patku blíže meziprstí; ICAR Atlas str. 35	1
1.10.07.03.03.	**Chodidlový vřed - Atypická lokalizace**	ohraničený hnisavý zánět škáry na chodidle (mimo RV)	1
1.10.07.03.04.	**Patkový vřed (PV)**	Vřed patky - Vřed lokalizovaný na patce; ICAR Atlas str. 36	1
1.10.07.07.	**Nekrobacilóza meziprstí (N)**	Interdigitální flegmóna / Nekrobacilóza - symetrický bolestivý otok "nohy", tj. obou prstů spojený většinou se zápachem a rychlým nástupem kulhání; hluboký hnisavě nekrotický zánět kůže a podkoží meziprstí/prstu; ICAR Atlas str. 28	1
1.10.07.08.	**Otok korunky a/nebo patky (O)**	Panaricium, Flegmóna - jednostranný nebo oboustranný zánětlivý otok tkání nad rohovým pouzdrem, který může mít různé příčiny; ICAR Atlas str. 33	1
1.10.07.08.01.	Otok korunky	Jednostranný nebo oboustranný zánětlivý otok tkání nad rohovým pouzdrem, tj, korunky, který může mít různé příčiny	1
1.10.07.08.02.	Otok patky	Zánětlivý otok tkání nad rohovým pouzdrem v oblasti patky, který může mít různé příčiny	1
1.10.07.09.	Hniloba rohoviny patek (HP)	Hniloba patek - eroze patkové rohoviny, v těžkých případech typicky ve tvaru V, možný přechod na škáru; ICAR Atlas str. 21	1

1.10.07.10.	**Digitální dermatitida (DD)**	*Dermatitis digitalis*, Jahodová/Malinová nemoc, Mortellaro - infekce kůže prstu nebo meziprstního prostoru s erozí, většinou s bolestivými ulceracemi nebo hyperkeratózní proliferací; - tj. povrchový nakažlivý zánět kůže prstu v akutním stádiu s lézemi vzhledu jahody; ICAR Atlas str. 15-17	1
1.10.07.10.00.	bez příznaků Digitální dermatitidy	vyšetření: žádná léze (klinicky zdravá)	2
1.10.07.10.01.	Digitální dermatitida M-1 stádium = počínající DD (M1)	začínající podoby DD až do aktivní léze, ale menší než 2 cm (kruhové)	1
1.10.07.10.02.	Digitální dermatitida M-2 stádium = typická DD (M2)	typická podoba DD = akutní aktivní forma ulcerativní ("vředové") léze/eroze větší jak 2 cm, může být značně bolestivá; ICAR Atlas str. 15	1
1.10.07.10.03.	Digitální dermatitida M-3 stádium = hojící se DD (M3)	hojící se (pokrývá se epitelem)	1
1.10.07.10.04.	Digitální dermatitida M-4 stádium = chronická DD (M4)	chronické formy/podoby DD	1
1.10.07.10.04.01.	Digitální dermatitida M-4 stádium - s hyperkeratózou (DD M4H)	chronická forma DD - nadměrné ztluštěním kůže v místě léze	1
1.10.07.10.04.02.	Digitální dermatitida M-4 stádium - papilomatózní forma (DD M4P)	proliferativní chronická forma DD - vytvořeny vlasovité či třásnité nebo bradavičnaté výrůstky	1
1.10.07.10.04.03.	Digitální dermatitida M-4 stádium s M-1 stádiem (DD M4.1)	chronická DD s malou aktivní lézí/erozí	1
1.10.07.11.	**Interdigitální / povrchová dermatitida (ID)**	*Dermatitis interdigitalis*, Mezipaznehtní dermatitida - každá forma mírné povrchové dermatitidy v okolí paznehtů, která není klasifikována jako digitální dermatitida	1
1.10.07.12.	Nekróza kosti paznehtní		1
1.10.07.13.	Nekróza šlachy hlubokého ohybače (distální části)		1
1.10.07.14.	Hnisavý zánět šlachové pochvy ohybačů		1
1.10.07.15.	Hnisavý zánět kloubu paznehtního		1
1.10.07.16.	Hnisavý zánět kloubu korunkového		1
1.10.08.	Amputace paznehtu		2
1.10.09.	Resekce šlachy hlubokého ohybače (distální části)		2
1.10.10.	Resekce paznehtního kloubu		2
1.10.11.	Nemožnost fixace v paznehtářské kleci ze zdravotních důvodů		1
1.10.12.	Nemoc bílé čáry (BČ)	Nemoc bílé zóny - rozpojení rohoviny stěny a chodidla v bílé čáře s nebo bez hnisavého výpotku	1
1.10.12.01.	Trhlina bílé čáry (BČT)	Prasklina bílé čáry - rozpojení rohoviny stěny a chodidla v bílé čáře, které zůstane po snesení rohoviny obou chodidel (po 2. kroku tzv. funkční úpravy paznehtů); ICAR Atlas str. 41	1
1.10.12.02.	**Hnisavě dutá stěna (BČA) (stěnový vřed)**	Stěnový vřed, absces bílé čáry / stěny - rozpojení rohoviny stěny a chodidla v bílé čáře s hnisavě - nekrotickým ložiskovým zánětem stěnové škáry (s abscesem); ICAR Atlas str. 42	1
1.10.13.	Podkování paznehtu - chemické		2
1.10.14.	Nasazení botičky	nasazení krytu paznehtu	2

Vydal: Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i., Praha Uhříněves
Název: Odhad genomických plemenných hodnot na zvýšení odolnosti vůči nemocem paznehtů u holštýnského skotu

Autoři: Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. (70 %)
Ing. Eva Kašná, Ph.D. (20 %)
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 978-80-7403-273-8

Vydáno bez jazykové úpravy.

© Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i., Praha Uhříněves

Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.

Přátelství 815

104 00 Praha Uhříněves

www.vuzv.cz