

Eva Kašná

Ludmila Zavadilová

Monika Žáková

# GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO UKAZATELE RESILIENCE HOLŠTÝNSKÝCH DOJNIC







Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

## CERTIFIKOVANÁ METODIKA

### GENOMICKÉ PLEMENNÉ HODNOTY PRO UKAZATELE RESILIENCE HOLŠTÝNSKÝCH DOJNIC

Autoři

**Ing. Eva Kašná, Ph.D.** (50 %)  
**Ing. Ludmila Zavadilová, CSc.** (35 %)  
**Ing. Monika Žáková** (15 %)

OPONENT

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

OPONENT PRAXE

**doc. Ing. Karel Mach, CSc.**

Emeritní docent, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů  
Česká zemědělská univerzita, Praha

**Metodika byla vypracována za podpory Ministerstva zemědělství ČR, v rámci řešení projektu  
NAZV QK22020280.**

**Předkladatel:** Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.  
se sídlem Přátelství 815, 104 00 Praha Uhřetěves  
zastoupený Dr. Ing. Pavlem Čermákem, ředitelem  
Tel.: 267 009 511 (ústředna)  
Fax: + 420 267 710 779  
www: <http://www.vuzv.cz>  
e-mail: [vuzv@vuzv.cz](mailto:vuzv@vuzv.cz)

Zástupcem autorského kolektivu je Ing. Eva Kašná, Ph.D.



# Česká plemenářská inspekce

Slezská 100/7, Praha 2, 120 00

v y d á v á

## OSVĚDČENÍ

9212/2024-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: **Genomické plemenné hodnoty pro ukazatele resilience holštýnských dojnic**

Autor / autoři: Ing. Eva Kašná, Ph.D., Ing. Ludmila Zavadilová, CSc., Ing. Monika Žáková

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

Místo vydání: **Praha**

Rok vydání: **2024**

Metodika byla vypracována v rámci řešení výzkumného projektu *NAZV QK22020280*

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy:  
Funkce zástupce odborného útvaru státní správy:

Ing. Zdenka Majzlíková  
ředitelka

V Praze dne 2. 12. 2024

Ing. Zdenka  
Majzlíková

Podpsal Ing. Zdenka Majzlíková  
DN: cn=Ing. Zdenka Majzlíková,  
o=CZ, ou=Česká plemenářská  
inspekce, ou=MF,  
email=majzlíkovaz@cpinsp.cz  
Datum: 2024.12.02 07:28:40 +01'00'

Podpis/elektronický podpis zástupce  
odborného útvaru státní správy

Souhlas ředitele Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V ..... dne .....

Mgr. Jan  
Radoš

Digitálně podepsal  
Mgr. Jan Radoš  
Datum: 2024.12.12  
12:52:15 +01'00'

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

## Obsah

1. Cíl metodiky .....	4
2. Vlastní popis metodiky .....	4
2.1 Úvod .....	4
2.2 Popis datových souborů .....	4
2.2.1 Soubor fenotypů .....	4
2.2.2 Soubor rodokmenů .....	5
2.2.3 Soubor genotypů .....	6
2.3 Modelová rovnice pro odhad složek rozptylu .....	6
2.3.1 Definice pevných efektů v modelu .....	6
2.3.2 Definice náhodných efektů v modelu .....	7
2.4 Genetické parametry .....	7
2.5 Genomické plemenné hodnoty .....	7
2.6 Zpracování výsledků .....	8
2.6.1 Soubor genomických plemenných hodnot .....	8
2.6.2 Rodokmen .....	9
3. Srovnání novosti postupů .....	9
4. Popis uplatnění certifikované metodiky .....	9
5. Ekonomické aspekty .....	10
6. Seznam použité literatury .....	11
7. Seznam publikací, které předcházely metodice .....	11
7.1 Certifikovaná metodika .....	11
7.2 Vědecké publikace .....	12
7.3 Příspěvky na konferencích .....	12
7.4 Odborné články .....	12
8. Jména oponentů a názvy jejich organizací .....	13
9. Dedikace .....	13
10. Přílohy .....	14
10.1 Genomické plemenné hodnoty .....	14
10.1.1 Materiál a metodika .....	14
10.1.2 Výsledky .....	16
10.2 Soubory parametrů .....	22
10.2.1 Parametrický soubor pro RENUMF90 .....	22
10.2.2 renf90.par .....	22
10.2.3 BLUP90IOD2 .....	23
10.2.4 ACCF90GS .....	23

## 1. Cíl metodiky

Cílem předkládané metodiky je navrhnout postup a metody odhadu genetických parametrů a predikce genomických plemenných hodnot (*GEPH*) pro ukazatele obecné odolnosti neboli resilience holštýnských dojnic. Budou optimalizovány procesy jedнокrokové genomické predikce (*ssGBLUP*), vyčísleny vazby mezi ukazateli odolnosti a přiblíženy vztahy k ostatním vlastnostem v selekčním indexu holštýnského skotu, jejichž znalost je předpokladem pro zahrnutí této vlastnosti do selekčního programu.

## 2. Vlastní popis metodiky

### 2.1 Úvod

V dnešní době narůstá tlak na zlepšování udržitelnosti zemědělských systémů, tj. také živočišné výroby, a snižování jejich dopadu na životní prostředí a klimatickou změnu. Klimatická změna však zpětně výrazně ovlivňuje udržitelnost chovu hospodářských zvířat, včetně chovu dojeného skotu. Jejím vlivem rostou průměrné denní teploty a prodlužují se období sucha, které přímo ovlivňují kvalitu krmiva, vznik teplotního stresu, výskyt patogenů či horší dostupnost vody (*Gauly et al. 2013*). Vlivem změn klimatu dochází u dojnic častěji k metabolickým problémům, snížení užitkovosti, výskytu mastitid, onemocnění končetin či reprodukčním problémům. Závažnost těchto dopadů úzce souvisí s odolností dojnic vůči krátkodobě působícím, nepředvídatelným rušivým vlivům, takzvanou resiliencí (*Colditz a Hine, 2016; Berghof et al. 2019; Llonch et al. 2020*). Resilience je definována jako schopnost jedince odolat či být jen minimálně zasažen rušivými vlivy, nebo se po ukončení jejich působení co nejrychleji vrátit do původního stavu (*Berghof et al. 2019*).

Z hlediska udržitelnosti je třeba brát v potaz nejen její environmentální ale také ekonomickou stránku. Je tudíž žádoucí selektovat jedince jež mají genetické predispozice pro vyšší odolnost. Odolnější dojnice budou lépe schopné čelit negativním vlivům prostředí, dojde ke snížení nákladů na ošetřování a veterinární péči, sníží se brakace ze zdravotních důvodů,lepší se plodnost a dlouhověkost, a díky tomu se zvýší ekonomická soběstačnost farem (*Berghof et al. 2019*).

Odolnost jako taková není obecně měřitelná. Jsou proto navrhovány různé ukazatele, které by ji umožnily vyčíslit a porovnat její úroveň mezi zvířaty. U dojeného skotu je nejčastěji využívaným ukazatelem odolnosti kolísání denní dojivosti (*Elgersma et al. 2018; Berghof et al. 2019; Poppe et al. 2020; Wang et al. 2022; Chen et al. 2023; Kessler et al. 2024*). Údaje o denním nádoji jsou snadno dostupné, a při pravidelném záznamu lze získat dostatečný objem dat pro genetickou analýzu. Pokud jsou data zaznamenávána nepřetržitě, je také možné sledovat celý proces působení stresoru, kdy srovnáváme údaje o produkci mléka před působením stresoru, během jeho působení a po jeho odeznění (*Elgersma et al. 2018*).

Na základě vyhodnocení dat ze spolupracujících chovů byl navržen postup pro odvození měřitelných ukazatelů resilience z kolísání denních nádojů. Byla využita jejich variance, a dále variance, autokorelace a šikmost jejich odchylek od predikovaného denního nádoje, přičemž predikovaný nádoj pro každou dojnici byl stanoven metodou vícenásobné regrese s Legendrovými polynomy 4. stupně (*Kašná et al. 2023*).

### 2.2 Popis datových souborů

#### 2.2.1 Soubor fenotypů

Podkladem pro stanovení indikátorů resilience jsou záznamy denních nádojů získaných mezi 1.–305. dnem laktace z konvenčních i automatických systémů dojení (AMS). Pro další zpracování je nezbytné uvádět způsob dojení. Ve srovnání s konvenčním dojením v pravidelných rozestupech generují dále AMS dodatečnou variabilitu podmíněnou nepravidelnými intervaly mezi dojeními u krav navštěvujících roboty. Pro odhad

24hodinového korigovaného nádoje v podmínkách AMS bylo doporučeno několik metod (Seymour et al. 2022; ICAR 2023).

Na základě denních nádojů jsou predikovány laktační křivky a dopočteny rezidua, tj. rozdíly mezi skutečnou a predikovanou užitkovostí. Celý postup je náplní předcházející metodiky Kašná et al. (2023) Měření obecné resilience u dojnic. Z denních nádojů a jejich reziduí jsou definovány vlastní ukazatele resilience, uvedené v přehledu v Tab. 1, které v genetické analýze představují fenotypy zvířat.

Tab. 1. Charakteristika ukazatelů resilience

Ukazatel	Výpočet	Charakteristika
<i>Var</i>	$= \log\left(\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n - 1}\right)$	<b>Variance denního nádoje</b> v rámci individuálních laktací, resp. její přirozený logaritmus: očekáváme, že nízká variance se pojí s vyšší odolností, protože kolísání nádoje je u odolnějších krav menší než u krav méně odolných.
<i>LnVar</i>	$= \log(\text{var}(x_i - \hat{x}_i))$	<b>Variance odchylek</b> , resp. její přirozený logaritmus: očekáváme, že nízká variance se pojí s vyšší odolností, protože rozsah odchylek od predikované laktační křivky je u odolnějších krav menší než u krav méně odolných.
<i>r-auto*</i>	$= \frac{\sum_{i=1}^{n-k} (y_i - \bar{y})(y_{i+k} - \bar{y})}{n - k - 1} \div \text{var}(y)$	<b>Autokorelace odchylek</b> , tj. vazba mezi odchylkami v rámci jedné laktace posunutými o $k=1$ den (lag-1): očekáváme, že nízké hodnoty autokorelace se pojí s lepší odolností, protože u odolnějších dojnic zaznamenáme méně úseků a kratší úseky s negativními odchylkami od predikované užitkovosti.
<i>Skm</i>	$= \frac{E[X - E(X)]^3}{(\text{var } X)^{3/2}}$	<b>Šikmost odchylek</b> : očekáváme, že šikmost odchylek blízka nule bude znamenat dobrou odolnost, protože odolné krávy mají stejný podíl kladných jako záporných odchylek, zatímco méně odolné krávy mají více záporných než kladných odchylek od predikované užitkovosti.

\*vzhledem k tomu, že na lepší odolnost ukazují hodnoty blízké 0, doporučujeme pro odhad plemenných hodnot využít absolutní hodnoty autokorelace.

Vstupní data pro výpočet genetických parametrů tvoří:

Chov; zvíře; datum otelení; pořadí laktace; počet DIM; *Var*; *LnVAR*; *r<sub>auto</sub>*; *Skm*

VÚŽV Uhříněves; CZ000098728911; 28.02.2024; 4; 300; 0.08; 2.23; 0.34; -1

VÚŽV Uhříněves; CZ000098728911; 28.02.2024; 2; 290; -0.15; 2.70; -0.09; 0.25

VÚŽV Uhříněves; CZ000098728911; 28.02.2024; 1; 88; 1.00; 1.95; 0.10; -1.5

VÚŽV Uhříněves; CZ000098728911; 28.02.2024; 1; 175; 1.55; 3.61; 0.50; 3

VÚŽV Uhříněves; CZ000098728911; 28.02.2024; 1; 90; 2.00; 2.94; 0.48; 1

### 2.2.2 Soubor rodokmenů

Rodokmen jedince je vytvořen na základě databáze původů *kdb001* a zahrnuje předky do 3. generace. Pomocí programu RENUMF90 (Misztal et al. 2018; viz část 10.2.1 Parametrický soubor pro RENUMF90) je rodokmen přečíslován a propojen se souborem fenotypů.

Ukázka rodokmenu vytvořeného z databáze *kdb001*:

jedinec ID	otec ID	matka ID
276000000462277	276000004100887	276000001462277
528000011000241	826000000287737	528000000022136
276000000434867	0 0*	
528000000187083	528000000057638	528000000510337
528000001934431	276004100060768	528000000214066

\*0 – neznámý předek.

### 2.2.3 Soubor genotypů

Soubor *kgen001* obsahuje 2 pole – 1. číslo zvířete a 2. jeho SNP genotyp. SNP genotyp je ve formátu 0 (homozygot), 1 (heterozygot), 2 (alternativní homozygot) a 5 (chybějící hodnota). Soubor genotypů je propojen se souborem rodokmenů a souborem fenotypů pomocí programu RENUMF90 (*Misztal et al. 2018*; viz část 10.2.1 Parametrický soubor pro RENUMF90).

Ukázka souboru *kgen001*:

jedinec	SNP
002099	210125212000202020020220221210211011005200151222020222201212112220012210
CZ000492795953	20110112211010200022521122011022200201211011222202020222020212012211100

Vzhledem k neustále rostoucímu počtu genotypovaných zvířat a s ohledem na to, že záznamy jsou k dispozici od roku 2022, jsou do genomické predikce zařazeni pouze jedinci, kteří mají vlastní fenotyp, nebo jsou předky jedinců s fenotypem.

## 2.3 Modelová rovnice pro odhad složek rozptylu

Pro odhad genetických parametrů a predikci plemenných hodnot je využit jednoznakový lineární model jedince vyjádřený v základní verzi jako:

$$RES_{ijklm} = \mu + SRO_i + DNY_j + PL_k + a_l + pe_m + e_{ijklm},$$

kde

$RES_{ijkl}$  – je sledovaný ukazatel resilience, tj. *Var*, *LnVar*, *r-auto* nebo *Skm*;

$\mu$  – populační průměr;

$SRO_i$  – pevný vliv *i-tého* stáda x roku x období;

$DNY_j$  – pevný vliv *j-té* třídy počtu sledovaných dnů v rámci laktace;

$PL_k$  – pevný vliv *k-tého* pořadí laktace;

$a_l$  – náhodný přímý genetický vliv *l-tého* jedince;

$pe_m$  – náhodný vliv trvalého prostředí *m-té* krávy;

$e_{ijklm}$  – náhodný reziduální vliv.

### 2.3.1 Definice pevných efektů v modelu

**Stádo** se definuje podle chovatele a stáje, ve které se pravidelně zaznamenává denní nádoj;

**Rok otelení** se definuje jako kalendářní rok otelení dojnice;

**Období otelení** je stanoveno se zohledněním proměnlivosti nádoje a jeho odchylek v populaci, a to jako 1. leden–březen, 2. duben–červen, 3. červenec–září a 4. říjen–prosinec.

**Dny otelení** představují délku sledovaného období v rámci každé laktace a poukazují na různou proměnlivost denních nádojů v různých úsecích laktace. Základní rozdělení počítá se třemi intervaly (do 150. dne, 150.–250. den, nad 250 dnů), záleží však na tom, jak dlouhé laktace budou v rutinním odhadu hodnoceny. Prověření metodického postupu bylo provedeno na úseku od 50. do 150. DIM, a tento efekt proto nebyl ve výpočtu zohledněn (viz 10. Přílohy: 10.1.1 Materiál a metodika).

**Pořadí laktace** se uvažuje v pěti třídách, přičemž 5. a další laktace se vzhledem k velmi nízkým počtům záznamů sdružují do jedné třídy. Pořadí laktace lze kombinovat s věkem při otelení, který se vyjádří pomocí tří tříd, kde extrémní hladiny jsou vztaženy ke kvantilům 10 a 90 % a ostatní tvoří třídu průměrnou (viz 10. Přílohy: 10.1.1 Materiál a metodika).

### 2.3.2 Definice náhodných efektů v modelu

**Vliv trvalého prostředí** krávy je složkou fenotypové proměnlivosti, která zůstává konstantní při opakovaných měřeních na stejném jedinci. Počet úrovní je dán počtem krav se záznamy denního nádoje v dílčích laktacích.

**Přímý aditivní genetický vliv jedince** představuje plemennou hodnotu jedince a počet úrovní je dán počtem všech jedinců v rodokmenu, kteří jsou zahrnuti do výpočtu. Zvířata jsou navzájem propojena pomocí smíšené matice příbuznosti **H**, která kombinuje matici rodokmenové příbuznosti **A** s maticí genomické příbuznosti **G**:

$$\mathbf{H}^{-1} = \begin{bmatrix} \mathbf{A}^{11} & \\ \mathbf{A}^{21} & \mathbf{A}^{22} + \mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

(Legarra et al. 2009).

## 2.4 Genetické parametry

Složky rozptylu pro ukazatele odolnosti jsou odhadnuty na základě výše uvedeného modelu při zohlednění jedinců v rodokmenu do 3. generace. Pro odhad genetických parametrů je soubor vstupních hodnot editován tak, že zahrnuje SRO, ve kterých je alespoň 5 vrstevnic. Každý býk má v hodnocení alespoň 5 dcer. Pro vlastní výpočet je použit program AIREMLF90 (Misztal et al. 2018). Parametrický soubor *renf90.par* je uveden v části 10. Přílohy (10.2.2 renf90.par).

Přímá heritabilita  $h^2$  pro ukazatele odolnosti je spočtena jako podíl aditivní genetické proměnlivosti  $\sigma_A^2$  z celkové fenotypové proměnlivosti  $\sigma_P^2$  dané součtem všech složek jako:

$$\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_{PE}^2 + \sigma_E^2$$

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_{PE}^2 + \sigma_E^2}$$

Opakovatelnost  $\rho$  je podílem součtu přímého genetického vlivu  $\sigma_A^2$  a trvalého vlivu prostředí krávy  $\sigma_{pe}^2$  z celkové fenotypové proměnlivosti  $\sigma_P^2$ :

$$\rho = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_{PE}^2}{\sigma_A^2 + \sigma_{PE}^2 + \sigma_E^2}$$

## 2.5 Genomické plemenné hodnoty

Genomické plemenné hodnoty jsou odhadnuty metodou jednokrokové genomické předpovědi ssGBLUP s využitím složek rozptylu, jak je uvádí Tab. 6. Vlastnímu odhadu plemenných hodnot předchází

kontrola kvality genotypů programem PreGSf90 (používá parametrický soubor 10.2.2 renf90.par). Výstupem je soubor očištěných genotypů (**snp\_clean**) a seznam přečíslovaných genotypovaných zvířat (**snp\_clean\_XrefID**).

Upravený soubor snp\_clean\_XrefID má tvar:

```
Animal clean_snp
143732 2221011111210020222002111121122110001121201
143733 2111012222000101012201200002121222101111222
143734 1210112022000111011112022022112121100011221
143735 0111012222000101012201200002121222101111111
143736 1211101222200010101220120000212122211211122
```

Pro následný odhad *GEPH* slouží program BLUP90IOD2 (*Misztal et al. 2018*); základní OPTIONS v příloze 10.2.3 BLUP90IOD2). Genomická matice příbuznosti je vytvořena na základě VanRadenovy metody 1 (*VanRaden, 2008*). Spolehlivosti *GEPH* jsou aproximovány programem ACCF90GS (*Masuda, 2019*); základní OPTIONS v příloze 10.2.4 ACCF90GS).

## 2.6 Zpracování výsledků

### 2.6.1 Soubor genomických plemenných hodnot

Výstupem programu ACCF90GS je soubor **sol\_and\_acc**, který odpovídá struktuře popsané v manuálu programového balíku BLUPF90 (*Masuda, 2019*). První sloupec trait označuje znak odolnosti podle jeho zadaného pořadí v parametrickém souboru, druhý sloupec (effect) označuje efekt podle jeho pořadí v parametrickém souboru 10.2.2 renf90.par (4 – přímý aditivní vliv jedince), třetí sloupec (level) je hladina hodnoceného efektu, v případě plemenných hodnot je to číslo jedince přečíslované v programu RENUMF90, čtvrtý sloupec (solution) je vlastní *GEPH* a pátý sloupec (acc) je spolehlivost jejího odhadu, tj. druhá mocnina korelace mezi predikovanou a skutečnou plemennou hodnotou ( $R^2$ ).

Struktura souboru výsledků **sol\_and\_acc**

trait/effect	level	solution	acc
1 4	1	-0.02470795	0.2279
1 4	2	-0.01375447	0.2320
1 4	3	0.02155715	0.2331
1 4	4	-0.01145644	0.0960
1 4	5	-0.00787966	0.10664
1 4	6	0.02236203	0.2043
1 4	7	-0.00501560	0.1376
1 4	8	0.00307153	0.0794
1 4	9	0.01555098	0.0745

V návaznosti na vyjádření jednotlivých ukazatelů odolnosti jsou vyšší *GEPH* spojeny s vyšší fluktuací nádojů a tím i s nižší odolností, naopak nižší *GEPH* ukazují na vyšší odolnost. Vzhledem k tomu, že v plemenářské práci zpravidla předpokládáme, že vyšší hodnoty *GEPH* jsou příznivé a žádoucí, jsou výsledky dále upraveny. *GEPH* jsou vyjádřeny jako relativní plemenné hodnoty (*RPH*) s průměrem 100, směrodatnou odchylkou  $SD = 12$  a vztažené ke genetické bázi (průměr býků narozených v roce 2010). Dále jsou převedeny tak, aby vyšší *RPH* představovaly vyšší odolnost (*RPH\_op*). Popsané úpravy zapisuje rovnice

$$RPH_{op} = 100 - ((GEPH - \text{průměr genetické báze} / SD) * 12)$$

## 2.6.2 Rodokmen

Genomické plemenné hodnoty jsou pomocí souboru rodokmenů **renadd04** připojeny k původním (registračním) číslům jedinců. Struktura rodokmenového souboru zahrnuje 10 sloupců:

```
185357 0 0 1000 0 0 0 1 203000484588961
4 57899 95671 2000 0 2 3 0 2 203000224857972
16 57247 97006 2004 0 2 2 0 0 203000255009972
56975 58446 16609 2011 0 2 3 0 0 203000660988961
102041 58406 141634 2012 0 2 0 0 1 203000253859972
112564 58286 147062 2016 0 2 0 0 1 203000399294921
92569 59533 85807 2115 0 12 0 0 0 203000947376961,
```

které shrnují zdroje informací o každém jedinci a představují:

1. Číslo jedince přiřazené programem RENUMF90; propojuje rodokmen se souborem užitekostí a genomickou maticí;
2. Číslo otce
3. Číslo matky
4. Kód inbreedingu/skupiny předků: 1000 je kód jedinců s neznámými rodiči, 1333 kód pro jedince s jedním neznámým rodičem, 2000 kód pro jedince se známými rodiči.
5. Známý nebo odhadnutý rok narození (0 pokud není zadán)
6. Počet známých rodičů (pokud má jedinec genotyp, pak je zde 10+počet známých rodičů)
7. Počet záznamů o vlastním fenotypu
8. Počet potomků jako rodič 1
9. Počet potomků jako rodič 2
10. Původní registrační číslo jedince.

## 3. Srovnání novosti postupů

Stávající index zdraví se zaměřuje na odolnost vůči několika definovaným nemocem, kterými jsou klinická mastitida a tři skupiny nemocí paznehtů. Zavedení nové vlastnosti – resilience – tento koncept zlepšování odolnosti přirozeně rozšiřuje směrem k odolnosti obecné. Předkládaná metodika zohledňuje aktuální poznatky uváděné ve světové literatuře (viz. kap. 6. Seznam použité literatury), především však těží z vlastních výsledků dosahovaných průběžně při práci s daty ze stájových technologií a automatických systémů dojení (viz kap. 7. Seznam publikací, které předcházely metodice). Na základě kolísání denních nádojů jsou vyčísleny ukazatele nově definované vlastnosti – resilience dojnic – tj. jejich odolnosti vůči náhodným, krátkodobě působícím nepříznivým jevům. Ty jsou dále využity jako podklady pro odhad genomických plemenných hodnot pro tuto vlastnost.

## 4. Popis uplatnění certifikované metodiky

Svaz chovatelů holštýnského skotu ČR, z.s. 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 poskytuje popis činností potřebných ke genomickému vyhodnocení nové vlastnosti, resilience dojnic. Definuje měřitelné ukazatele resilience, poskytuje jejich genetické parametry a bude celostátně uplatněna pro odhad genomických plemenných hodnot holštýnského plemene v ČR. Výpočet bude prováděn prostřednictvím Plemdat s.r.o. dle

potřeb Svazu chovatelů holštýnského skotu, z.s. Výsledky výpočtu zpracuje, zužitkuje a zveřejní Plemdat s.r.o. a Svaz chovatelů holštýnského skotu, z.s.

## 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 ke zvýšení kvality plemenářské práce u chovatelů holštýnského skotu a zlepšují se tak základní předpoklady pro ekonomické přínosy pro jednotlivé chovatele. Z dlouhodobého hlediska lze očekávat postupné zlepšování genetického založení pro odolnost dojníc, což má ve spojení s Indexem zdraví potenciál zlepšit současný neuspokojivý stav, kdy je cca 28 % krav vyřazováno z ostatních zdravotních důvodů, 13 % kvůli onemocnění vemene a 9 % pro nemoci končetin. Zvýšení odolnosti je spojeno se stabilní užitkovostí, s nižší spotřebou léčiv a léčivých prostředků a s nižšími ztrátami spojenými s vyřazováním mléka léčených dojníc z dodávky. Umožňuje snižování vícenákladů na úhradu práce spojené s ošetřováním a péčí o méně odolné dojnice. Lepší odolnost je také spojována s lepší plodností, nižším inseminačním indexem a kratší servis periodou/mezidobím, a je doprovázena nižšími náklady na inseminační dávky. Vyšší odolnost také příznivě ovlivní dlouhověkost, umožní plné využití potenciálu dojníc, a promítne se do nižších nákladů souvisejících s odchovem mladých zvířat potřebných pro obnovu stáda.

## 6. Seznam použité literatury

- Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, et al. *Hot topic*: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J Dairy Sci.* 2010, 93(2):743–752.
- Berghof TVL, Poppe M, Mulder HA. Opportunities to improve resilience in animal breeding programs. *Front. Genet.* 2019, 9:692.
- Colditz IG & Hine BC. Resilience in farm animals: biology, management, breeding and implications for animal welfare. *Anim Prod Sci.* 2016, 56:1961–1983.
- Elgersma GG, de Jong G, van der Linde R, et al. Fluctuations in milk yield are heritable and can be used as a resilience indicator to breed healthy cows. *J Dairy Sci.* 2018, 101:1240–1250.
- Gauly M, Bollwein H, Breves H, et al. Future consequences and challenges for dairy cow production systems arising from climate change in central Europe – a review. *Animal.* 2013, 7(5):843–859.
- Chen SY, Boerman JP, Gloria LS, et al. Genomic-based genetic parameters for resilience in North American Holstein cattle based on variability in daily milk yield records. *J Dairy Sci.* 2023,106:4133–4146.
- ICAR (2023): Procedure 1 of Section 2 of ICAR Guidelines – Computing 24-hour Yields. Dostupné na: <https://www.icar.org/Guidelines/02-Procedure-1-Computing-24-Hour-Yield.pdf>
- Jacobsen JH, Madsen P, Pedersen J. Multivariate covariance functions for test day production in Danish dairy breeds. *Interbull Bulletin.* 2002, 29:95–97.
- Kessler F, Wellman R, Chagunda MGG, et al. Resilience indicator traits in 3 dairy breeds in Baden-Württemberg. *J Dairy Sci.* 2024, 107(6):3780–3793.
- Legarra A., Aguilar I., Misztal I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J Dairy Sci.* 2009, 92:4656-4663.
- Llonch P, Hoffmann G, Bodas R, et al. Opinion paper> Measuring livestock robustness and resilience> are we on the right track? *Animal.* 2020, 14(4):667–669.
- Masuda Y. Introduction to BLUPF90 suite programs Standard Edition. 2019. University Of Georgia. Dostupné na: <https://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation>
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D.A.L., et al. Manual for BLUPF90 family programs. 2018. University of Georgia. Dostupné na: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation>
- Oliveira HR, Brito LF, Lourenco DAL, et al. *Invited review*: Advances and applications of random regression models: From quantitative genetics to genomics. *J Dairy Sci.* 2019, 102(9):7664–7683.
- Poppe M, Veerkamp RF, van Pelt ML, et al. Exploration of variance, autocorrelation, and skewness of deviations from lactation curves as resilience indicators for breeding. *J Dairy Sci.* 2020, 103:1667–1684.
- Seymour DJ, Cant JP, Osborne VR, et al. A novel method of estimating milking interval-adjusted 24-h milk yields in dairy cattle milked in automated milking systems. *Animal – open space.* 2022, 100011.
- VanRaden P. Efficient methods to compute genomic predictions. *J Dairy Sci.* 2008, 91(11):4414-4423.
- Wang A, Brito LF, Zhang H, et al. Exploring milk loss and variability during environmental perturbations across lactation stages as resilience indicators in Holstein cattle. *Front. Genet.* 2022, 13:1031557.

## 7. Seznam publikací, které předcházely metodice

### 7.1 Certifikovaná metodika

- KAŠNÁ, Eva, ZAVADILOVÁ, Ludmila a VAŘEKA, Jan. Měření obecné resilience u dojnic. VÝZKUMNÝ ÚSTAV ŽIVOČIŠNÉ VÝROBY, v.v.i. V UHŘÍNĚVSI. Česká republika. Certifikovaná metodika 978-80-7403-308-7. 2023-12-06.
- KRUPOVÁ, Zuzana, ZAVADILOVÁ, Ludmila, KRUPA, Emil a KAŠNÁ, Eva. Index zdraví hořtýnského skotu. VÝZKUMNÝ ÚSTAV ŽIVOČIŠNÉ VÝROBY, v.v.i. V UHŘÍNĚVSI. Česká republika. Certifikovaná metodika 978-80-7403-291-2. 2023-02-27.

## 7.2 Vědecké publikace

Kašná, Zavadilová, Vařeka, Kyselová: General resilience in dairy cows: A review. *Czech Journal of Animal Science*. 2022; 67(12):475-482.

Vařeka J., Zavadilová L., Kašná E. Obecná odolnost dojnic. *Náš chov*. 2023, 83(10):18-21.

## 7.3 Příspěvky na konferencích

Kašná, E. Aktuální směry ve šlechtění dojeného skotu. Přednáška na semináři „Příspěvek J. G. Mendela ke šlechtění hospodářských zvířat“, 23. 3. 2022, Praha, Uhřetěves.

Kašná E., Zavadilová L., Vařeka J. 2023. Daily milk yield variance as an indicator trait in Holstein cattle. In *Book of Abstracts of the 31st International Symposium Animal Science Days*. Univ. Ljubljana, Slovenia: University of Ljubljana, Biotechnical Faculty, s. 73.

Kašná E., Zavadilová L., Vařeka J. 2023. Variability of daily milk yield during the first 100 days of lactation in Holstein cows. In *Book of abstracts of the 74th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science*. Wageningen, The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, s. 801.

Kašná E., Zavadilová L., Vařeka J. 2023. Variability of daily milk yield in Holstein cows. In *Book of Abstracts of the 1st Regional Meeting of the European Federation of Animal Science*, Nitra, Slovakia, Slovak University of Agriculture in Nitra, Slovakia, s. 95.

Vařeka J., Zavadilová L., Kašná E. 2023. Lactation curves in monitoring cows' resilience. In *Book of Abstracts of the 1st Regional Meeting of the European Federation of Animal Science*, Nitra, Slovakia, Slovak University of Agriculture in Nitra, Slovakia, s.39.

Zavadilová L., Kašná E., Vařeka J., Krupová Z. 2023. Daily milk yield, variance and skewness of milk deviations in cows' resilience. In *Book of Abstracts of the 74th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science*. Wageningen, The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, s. 414.

## 7.4 Odborné články

Kašná E., Zavadilová L., Vařeka J. Nové znaky ve šlechtění dojnic: odolnost vůči tepelnému stresu. *Chovatelské listy*, 2023, roč. 2023(2), s. 24-28.

Kašná, E., Zavadilová, L., Vařeka, J. Šlechtění dojnic v období klimatických změn. *Chovatelské listy*, 2022, (2):31-34.

Zavadilová L, Kašná E., Krupová Z., Kučera J., Fleischer P. a Šlosárková S. Šlechtění na zvýšení odolnosti vůči nemocem u holštýnského skotu v roce 2023. *Chovatelské listy*, 2023, roč. 2023(1), s. 21-25.

## 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 Ministerstva zemědělství ČR, v rámci řešení projektu NAZV QK22020280.

## 10. Přílohy

### 10.1 Genomické plemenné hodnoty

#### 10.1.1 Materiál a metodika

Navrhovaný metodický postup byl prověřen odhadem *GEPH* pro varianci denních nádojů (*Var*), přirozený logaritmus variance (*LnVar*), autokorelaci (*r-auto*) a šikmost (*Skm*) odchylek v souboru, který tvořily údaje o denním nádoji pořízené mezi 50.-150. dnem laktace u holštýnských krav (podíl holštýnského genotypu  $\geq 75\%$ ). K dispozici bylo celkem 331 589 denních nádojů. Pro vyhodnocení bylo použito 3 347 laktací od 3 080 krav z deseti farem, z nichž šest bylo vybaveno dojícími roboty. Základní informace o vstupním souboru obsahuje Tab. 2.

Tab. 2: Základní statistické ukazatele vstupních dat

Název	Počet	Minimum	Maximum	Průměr	Rozptyl	Koeficient variance
Denní nádoj	331 589	5,05	80,90	41,04	74,59	21,05
Denní nádoj, dojírny	85 722	5,10	80,90	41,45	63,41	19,21
Denní nádoj, dojící roboty	169 350	5,10	79,25	40,61	91,02	17,02
Denní nádoj, robotická dojírna	76 517	5,05	78,88	41,52	49,91	23,49
Dny laktace	331 589	50	150	100,03	849,6	29,14

\* výpočet denního nádoje u farem využívajících dojící roboty byl proveden s korekcí podle *Seymoura et al.* (2022)

Pro **predikci laktační křivky** byla použita náhodná regresní funkce s Legendrovým polynomem čtvrtého stupně (*Jacobsen et al. 2002; Oliveira et al. 2019*). Tuto funkci obecně popisuje vztah:

$$Y_t = \sum_{i=0}^n k_i \Phi_i(x),$$

kde  $x$  je standardizovaný laktační den  $t$  podle vzorce  $x = 2(t - t_{\min}) / (t_{\max} - t_{\min}) - 1$ , kde  $t_{\min}$  a  $t_{\max}$  jsou minimální a maximální hodnoty dnů laktace použité ve vyhodnocení,  $k_i$  jsou odhadnuté koeficienty laktační křivky. Parametr  $\Phi_i(x)$  je normalizovaný polynom, který je vypočten podle vzorce

$$\Phi_i(x) = \sqrt{\frac{2n+1}{2}} P_n(x),$$

kde  $P_n(x)$  je polynom stupně  $n$ .

Tab. 3: Reziduální součet čtverců (RMSE) jako ukazatel přesnosti předpovědi laktační křivky náhodnou regresí procedurou Proc Reg (SAS/STAT software, ®9.4) při použití Legendrova polynomu 4. stupně

	Počet	Minimum	Maximum	Průměr	Rozptyl
Celý soubor	3 347	0,58	12,76	2,79	1,36
Dojírny konvenční	890	0,93	9,81	3,16	1,12
Dojící roboty	771	0,98	9,03	2,52	0,87
Robotická dojírna	1 686	0,58	12,76	2,72	1,61

Vlastní **predikce očekávané individuální užítkovosti** pomocí náhodné regrese s Legendrovým polynomem 4. stupně byla provedena procedurou Proc Reg (SAS/STAT software, ®9.4). Přesnost predikce

uvádí Tab. 3. Pro každou dojnici byly dopočteny rozdíly mezi predikovanou a skutečnou hodnotou denních nádojů. Z těchto odchylek byly dopočteny tři z navržených ukazatelů odolnosti, tj. *LnVar*, *r-auto* a *Sk<sub>m</sub>*.

Predikci plemenných hodnot předcházela analýza ukazatelů odolnosti s cílem stanovit efekty, které mají statisticky významný vliv na jejich proměnlivost v souboru. Na základě této analýzy bylo stanoveno složení rovnice lineárního modelu. Pro testování byla použita metoda zobecněného lineárního modelu Proc Glm (SAS/STAT software, ©9.4). Při definování efektu pořadí laktace v kombinaci s věkem při otelení byl věk při otelení rozdělen do tří hladin, kdy dvě extrémní hladiny byly vztaženy ke kvantilům 10 a 90 % a zbytek tvořil průměrnou hladinu. Zároveň páté a vyšší pořadí laktace byly sloučeny do jedné hladiny. Období otelení bylo vytvořeno sloučením po sobě jdoucích měsíců do tří hladin. Významnost posuzovaných efektů uvádí Tab. 4.

Tab. 4: Statistická významnost pevných efektů

Efekt	Počet tříd	<i>Var</i>	<i>LnVar</i>	<i>r-auto</i>	<i>Sk<sub>m</sub></i>
Podnik	10	**	**	**	**
Pořadí laktace	9	**	**	-	*
Rok otelení	2	**	**	**	**
Měsíc otelení	12	**	**	**	**
Období otelení	3	**	**	**	**
Podnik * rok otelení * období otelení	37	**	**	**	**
Pořadí laktace * věk při otelení	15	**	**	**	-

*Var* – variance denních nádojů; *LnVar* – variance odchylek, *r-auto* – autokorelace odchylek, *Sk<sub>m</sub>* – šikmost odchylek; - neprůkazný rozdíl; \* - p<0.05; \*\* - p<0.01; \*\*\* - p<0.001

Na základě uvedené analýzy bylo složení lineární rovnice smíšeného modelu následující:

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

kde

$y_{ijko}$  – závislá proměnná, tj. hodnocený znak *Var*, *LnVar*, *r-auto*, *Sk<sub>m</sub>*

$\mu$  - průměr populace pro daný znak;

*PLvek<sub>i</sub>* – pevný vliv pořadí laktace kombinované s věkem při otelení (15 hladin);

*HYS<sub>j</sub>* – pevný vliv stáda (38 hladin, 10 stád, roky otelení 2022-2023, 3 období);

*pe<sub>k</sub>* – náhodný vliv trvalého prostředí jedince (3 080 krav), zohledňuje opakované laktace krávy *k*;

*a<sub>o</sub>* – náhodný aditivní genetický vliv jedince spojený s rodokmenem zahrnujícím 31 799 jedinců;

*e<sub>ijko</sub>* – náhodný reziduální efekt.

Pro **předpověď GEPH** byla použita výše uvedená rovnice smíšeného lineárního jednoznakového modelu jedince. Rodokmen zahrnoval 31 799 zvířat. Celkem 1 764 krav s fenotypem pro ukazatele obecné odolnosti z pěti stád bylo genotypováno na Illumina BovineSNP50 BeadChipu, podle rodokmenu a hodnocených chovů byl z genomické matice pro rutinní odhad *GEPH* (Plemdat s.r.o.) doplněn celkový počet 10 228 genotypovaných jedinců. Po kontrole kvality genomických dat (call rate, MAF, monomorfní lokusy, konflikt v původu) programem PreGSF90 (Aguilar et al. 2010) vstupovalo do odhadu *GEPH* 5 216 genomických krav, z toho 1 123 s fenotypem, a 4 629 genomických býků, tedy celkem 9 845 zvířat. Využita byla metoda jednokrokové genomické předpovědi ssGBLUP.

Pro přiblížení genetických vazeb s rutinně hodnocenými vlastnostmi holštýnského skotu byly spočteny Pearsonovy korelace mezi plemennými hodnotami býků.

### 10.1.2 Výsledky

Statistický popis navržených ukazatelů odolnosti v hodnoceném souboru uvádí Tab. 5. Hodnoty autokorelací byly použity bez ohledu na znaménko (absolutní hodnoty), což lépe vystihuje fakt, že lepší odolnost je spojena s nízkými hodnotami, tj. blízkými nule.

Tab. 5 Základní statistické ukazatele ukazatelů obecné odolnosti

Ukazatel	Počet laktací	Minimum	Maximum	Průměr	Rozptyl	Koeficient variance
<i>Var</i>	3 347	-0,46	5,69	2,41	0,67	34,01
<i>LnVar</i>	3 347	-1,12	5,06	1,88	0,55	39,62
<i>r-auto</i>	3 347	0,00	0,90	0,32	0,04	62,83
<i>Skm</i>	3 347	-5,73	5,63	-0,81	1,16	-132,91

*Var* – variance denních nádojů; *LnVar* – variance odchylek, *r-auto* – autokorelace odchylek, *Skm* – šikmost odchylek.

Odhadované složky rozptylu ukazatelů odolnosti v české populaci holštýnského skotu uvádí Tab. 6. Tyto variance jsou dále využity při výpočtu základního genetického parametru, kterým je koeficient dědivosti daného znaku (Tab. 7), a dále pro předpověď plemenných hodnot.

Tab. 6. Složky rozptylu ukazatelů odolnosti podmíněné náhodnými efekty

Složky rozptylu	<i>Var</i>	<i>LnVar</i>	<i>r-auto</i>	<i>Skm</i>
$\sigma_A^2$	0,057	0,051	0,003	0,024
$\sigma_{PE}^2$	0,019	0,036	0,004	0,024
$\sigma_E^2$	0,404	0,317	0,027	1,005
$\sigma_P^2$	0,480	0,404	0,034	1,053

*Var* – variance denních nádojů; *LnVar* – variance odchylek, *r-auto* – autokorelace odchylek, *Skm* – šikmost odchylek,  $\sigma_{PE}^2$  – variance podmíněná trvalým prostředím krávy,  $\sigma_A^2$  – variance podmíněná aditivním genetickým vlivem jedince,  $\sigma_E^2$  – reziduální variance,  $\sigma_P^2$  – celková variance.

Pro posouzení **vztahů mezi ukazateli odolnosti** byl proveden odhad genetických parametrů víceznakovým modelem, viz Tab. 7. Zde se ukázala silná genetická vazba mezi variancemi nádojů a variancemi jejich odchylek od očekávané užitkovosti. Střední negativní genetická korelace byla zjištěna mezi autokorelací a šikmostí odchylek. Ostatní vazby byly nízké a vypovídají o relativní genetické nezávislosti mezi oběma variancemi a zbývajícími ukazateli.

Tab. 7. Odhadované koeficienty dědivosti (na diagonále), genetické korelace (% nad diagonálou) a fenotypové korelace (% pod diagonálou) ukazatelů odolnosti

	<i>Var</i>	<i>LnVar</i>	<i>r-auto</i>	<i>Skm</i>
<i>Var</i>	12	87	56	-43
<i>LnVar</i>	92	13	26	-20
<i>r-auto</i>	17	13	7	-73
<i>Skm</i>	9	11	-58	2

*Var* – variance denních nádojů; *LnVar* – variance odchylek, *r-auto* – autokorelace odchylek, *Skm* – šikmost odchylek.

Odhadnuté genetické parametry byly využity při odhadu *GEPH*. Charakteristiky *GEPH* pro jednotlivé kategorie zvířat uvádí v přehledu Tab. 8.–11.

Tab. 8: Genomické plemenné hodnoty pro varianci denního nádoje *Var*.

	Počet	Minimum	Maximum	Průměr	SD
Celý soubor					
Plemenná hodnota	31 799	-0,36	0,46	0,02	0,07
Relativní plemenná hodnota	31 799	19,45	169,26	99,83	12,42
Spolehlivost	22 152	0,02	0,79	0,19	0,12
Býci					
Plemenná hodnota	6 460	-0,36	0,46	0,02	0,06
Relativní plemenná hodnota	6 460	19,45	169,26	99,83	11,88
Spolehlivost	5 478	0,02	0,79	0,21	0,10
Krávy					
Plemenná hodnota	25 339	-0,32	0,44	0,02	0,07
Relativní plemenná hodnota	25 339	23,61	162,69	99,84	12,55
Spolehlivost	16 674	0,02	0,49	0,18	0,12
Krávy s užitkovostí					
Plemenná hodnota	3 080	-0,32	0,44	0,04	0,11
Relativní plemenná hodnota	3 080	23,61	162,69	96,59	20,63
Spolehlivost	3 080	0,13	0,49	0,29	0,09
Genomičtí býci					
Plemenná hodnota	4 629	-0,36	0,38	0,02	0,07
Relativní plemenná hodnota	4 629	34,05	169,26	99,37	12,74
Spolehlivost	4 612	0,02	0,79	0,23	0,09
Genomické krávy					
Plemenná hodnota	5 216	-0,33	0,42	0,02	0,07
Relativní plemenná hodnota	5 216	38,22	152,30	99,39	10,71
Spolehlivost	5 216	0,02	0,79	0,24	0,09

Tab. 9: Genomické plemenné hodnoty pro varianci denního nádoje *LnVar*.

	Počet	Minimum	Maximum	Průměr	SD
Celý soubor					
Plemenná hodnota	31 799	-0,35	0,46	0,02	0,07
Relativní plemenná hodnota	31 799	31,92	154,63	99,48	10,22
Spolehlivost	21 321	0,02	0,79	0,19	0,12
Býci					
Plemenná hodnota	6 460	-0,33	0,46	0,01	0,07
Relativní plemenná hodnota	6 460	31,92	152,30	99,77	10,00
Spolehlivost	5 489	0,02	0,79	0,21	0,10
Krávy					
Plemenná hodnota	25 339	-0,35	0,45	0,02	0,07
Relativní plemenná hodnota	25 339	33,27	154,63	99,41	10,27
Spolehlivost	16 742	0,02	0,49	0,19	0,12
Krávy s užitkovostí					
Plemenná hodnota	3 080	-0,35	0,45	0,03	0,11
Relativní plemenná hodnota	3 080	33,27	154,63	96,80	16,64
Spolehlivost	3 080	0,14	0,49	0,30	0,09

Genomičtí býci					
Plemenná hodnota	4 629	-0,33	0,42	0,02	0,07
Relativní plemenná hodnota	4 629	38,22	152,30	99,39	10,71
Spolehlivost	4 613	0,02	0,79	0,24	0,09
Genomické krávy					
Plemenná hodnota	5 216	-0,24	0,45	0,06	0,09
Relativní plemenná hodnota	5 216	33,72	137,72	93,49	13,99
Spolehlivost	5 216	0,10	0,49	0,33	0,06

Tab. 10: Genomické plemenné hodnoty pro autokorelaci odchylek denního nádoje *r-auto*.

	Počet	Minimum	Maximum	Průměr	SD
Celý soubor					
Plemenná hodnota	31 799	-0,06	0,09	0,00	0,01
Relativní plemenná hodnota	31 799	10,67	164,42	100,46	13,26
Spolehlivost	23 443	0,02	0,76	0,15	0,10
Býci					
Plemenná hodnota	6 460	-0,06	0,09	0,00	0,01
Relativní plemenná hodnota	6 460	10,67	164,42	101,19	13,47
Spolehlivost	5 562	0,02	0,76	0,17	0,09
Krávy					
Plemenná hodnota	25 339	-0,06	0,09	0,00	0,01
Relativní plemenná hodnota	25 339	11,94	159,07	100,27	13,20
Spolehlivost	17 881	0,02	0,40	0,15	0,10
Krávy s užitkovostí					
Plemenná hodnota	3 080	-0,06	0,09	0,00	0,02
Relativní plemenná hodnota	3 080	11,94	159,07	98,33	20,35
Spolehlivost	3 080	0,08	0,40	0,23	0,08
Genomičtí býci					
Plemenná hodnota	4 629	-0,06	0,06	0,00	0,01
Relativní plemenná hodnota	4 629	37,50	164,42	101,30	14,45
Spolehlivost	4 586	0,02	0,76	0,19	0,08
Genomické krávy					
Plemenná hodnota	5 216	-0,06	0,09	0,01	0,02
Relativní plemenná hodnota	5 216	11,94	159,07	94,34	17,46
Spolehlivost	5 216	0,05	0,40	0,27	0,05

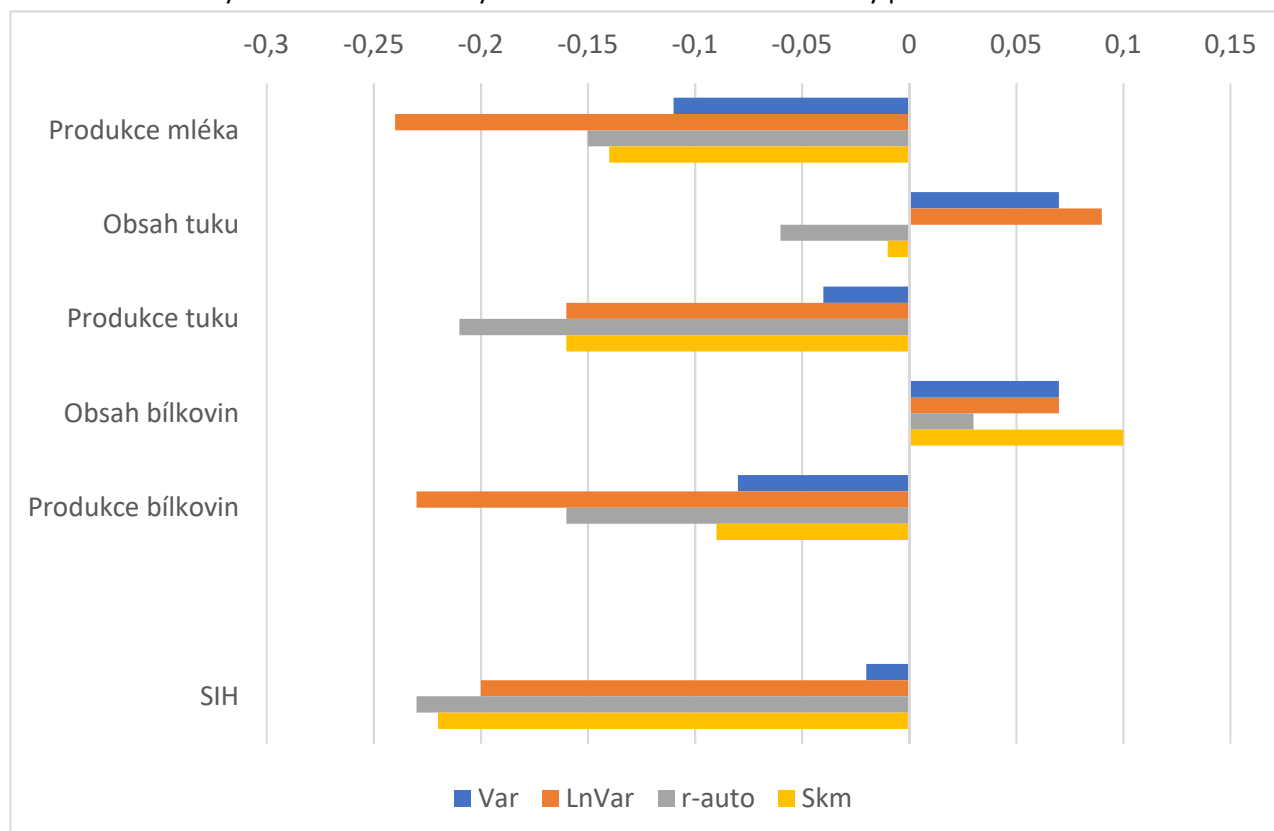
Tab. 11: Genomické plemenné hodnoty pro šikmost odchylek denního nádoje *Sk<sub>m</sub>*.

	Počet	Minimum	Maximum	Průměr	SD
Celý soubor					
Plemenná hodnota	31 799	-0,24	0,16	0,00	0,03
Relativní plemenná hodnota	31 799	12,46	156,80	99,88	10,72
Spolehlivost	22 231	0,02	0,80	0,12	0,07
Býci					
Plemenná hodnota	6 460	-0,24	0,16	0,00	0,03
Relativní plemenná hodnota	6 460	12,46	156,80	99,18	11,48
Spolehlivost	5 200	0,02	0,80	0,12	0,08
Krávy					

Plemenná hodnota	25 339	-0,21	0,15	0,00	0,03
Relativní plemenná hodnota	25 339	23,40	154,58	100,06	10,52
Spolehlivost	17 144	0,02	0,32	0,12	0,07
Krávy s užitkovostí					
Plemenná hodnota	3 080	-0,21	0,15	0,00	0,04
Relativní plemenná hodnota	3 080	23,40	154,58	99,49	15,79
Spolehlivost	3 080	0,03	0,31	0,14	0,07
Genomičtí býci					
Plemenná hodnota	4 629	-0,14	0,16	0,00	0,03
Relativní plemenná hodnota	4 629	47,95	156,80	99,37	12,42
Spolehlivost	4 309	0,02	0,80	0,13	0,08
Genomické krávy					
Plemenná hodnota	5 216	-0,21	0,12	-0,01	0,04
Relativní plemenná hodnota	5 216	23,40	144,21	97,56	15,58
Spolehlivost	5 210	0,02	0,32	0,20	0,05

Vzhledem ke tvaru vstupních dat vyšší plemenné hodnoty pro *Var*, *LnVar*, *r-auto* odpovídají vyšší fluktuaci denního nádoje a tím naznačují genetické založení pro nižší odolnost. V systému genetického hodnocení je však obvyklé považovat vyšší plemenné hodnoty za žádoucí. *GEPH* byly proto přepočteny na relativní plemenné hodnoty *RPH* a transformovány tak, aby vyšší hodnoty odpovídaly lepší odolnosti. Tyto *RPH* byly následně korelovány s *RPH* rutinně hodnocených znaků produkce, reprodukce, zdraví a exteriéru holštýnského skotu.

Graf 1: Pearsonovy korelační koeficienty mezi ukazateli resilience a znaky produkce.

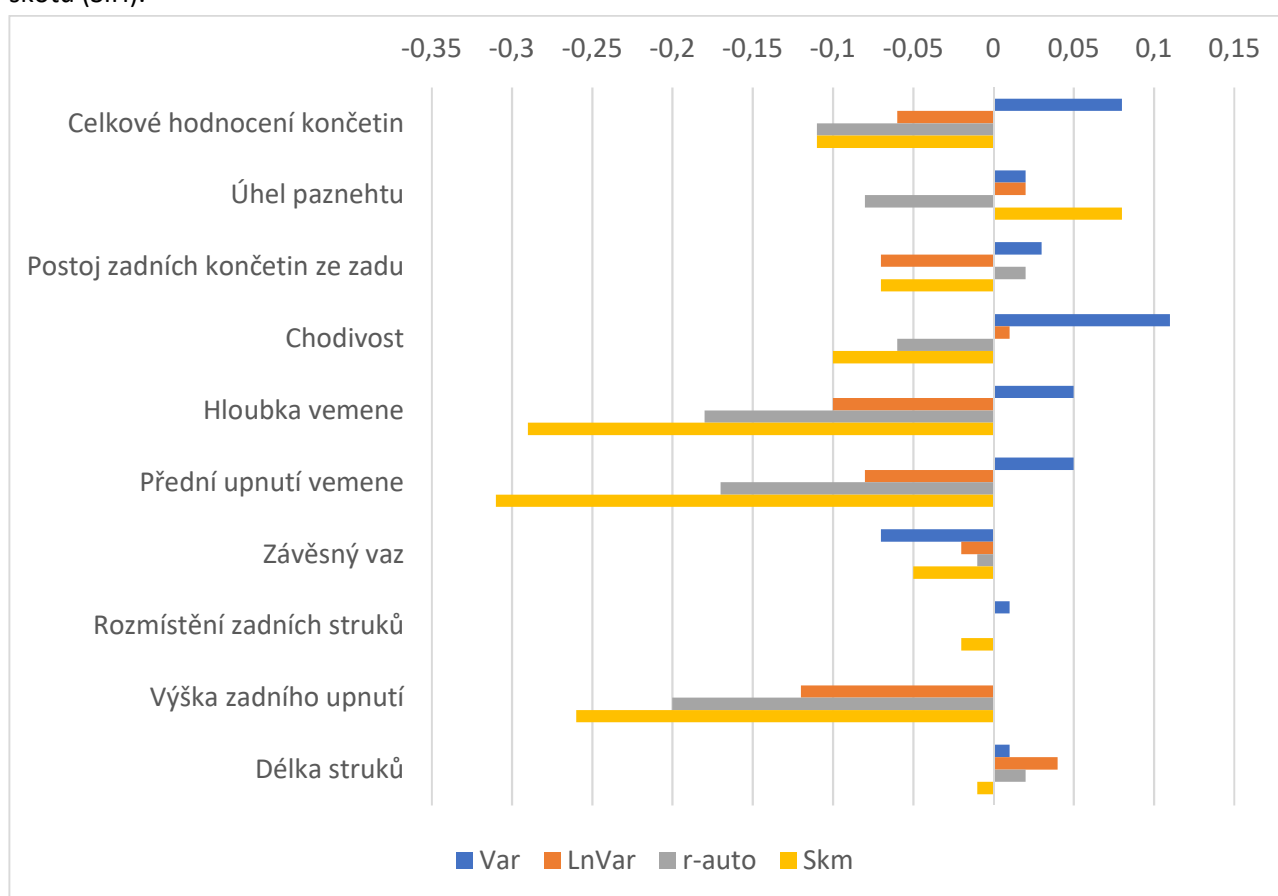


Záporné korelace naznačují, že genetické založení pro lepší odolnost je spojeno s genetickým založením pro nižší produkci mléka, tuku a bílkovin, avšak převážně s vyšším obsahem obou složek (Graf 1).

Vyšší odolnost byla také nepříznivě spojena se selekčním indexem holštýnského skotu *SIH*, který v současné podobě kombinuje 49 % produkci (28 % kg bílkovin; 13,5 % kg tuku; 5,5 % obsah bílkovin; 2 % obsah tuku), 24 % exteriér (13 % vemeno, 11 % končetiny) a 27 % funkční znaky (15 % plodnost, 7 % somatické buňky, 5 % dlouhověkost).

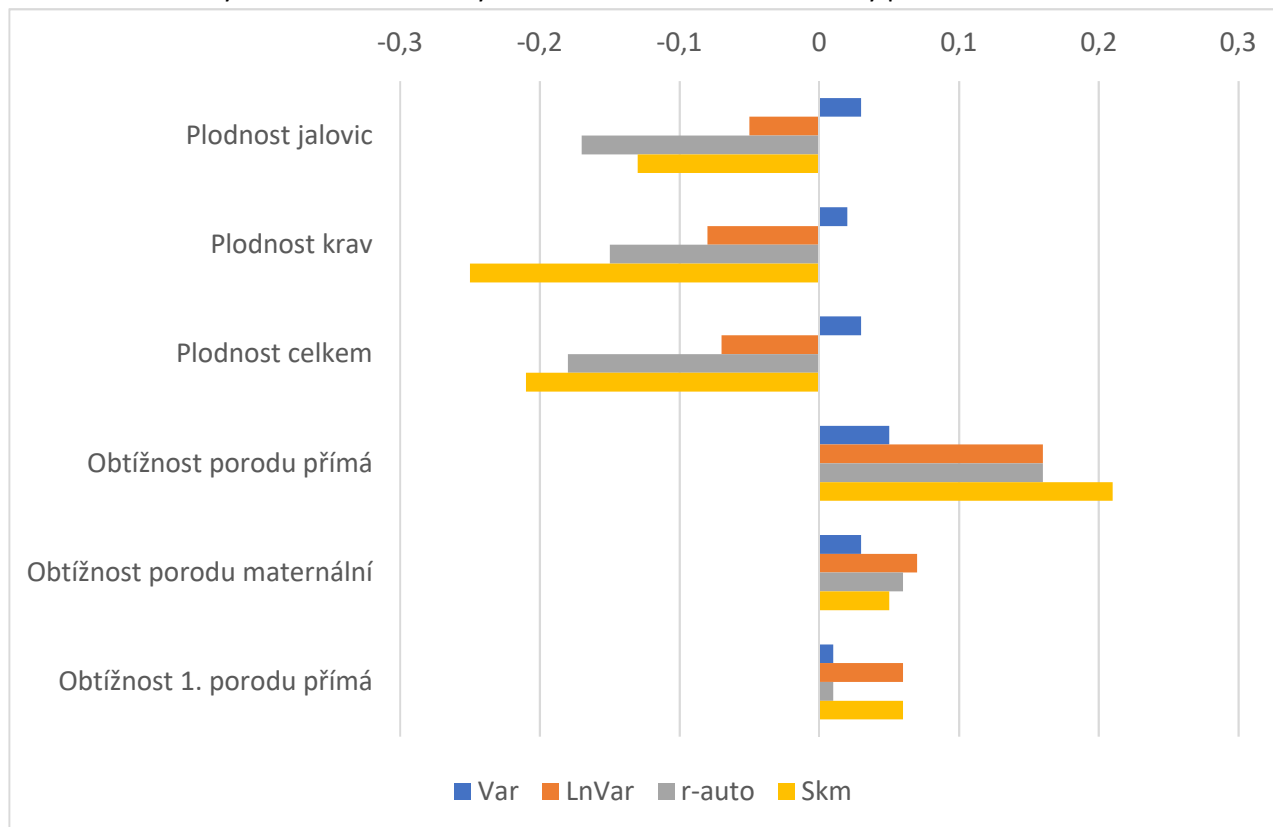
Pearsonovy korelační koeficienty s vybranými znaky exteriéru, které určují funkční typ dojnice a vstupují do výpočtu *SIH*, zobrazuje *Graf 2*. Nejsilnější korelace (>25 %) byly zjištěny mezi *Skm* a znaky vemene (hloubka vemene, přední upnutí vemene a výška zadního upnutí). Tyto tři znaky byly také v nejsilnější (>15 %) negativní vazbě s *r-auto*. To by naznačovalo, že vyšší odolnost geneticky souvisí s vepředu pevně upnutým vemennem s plochým přechodem na břišní stěnu, základnou vemene > 21 cm nad úroveň hlezen a vyšším zadním upnutím. Korelace se znaky končetin byly slabé, vesměs nepřekračovaly 10 %.

*Graf 2*: Pearsonovy korelační koeficienty se znaky exteriéru zahrnutými v selekčním indexu holštýnského skotu (*SIH*).



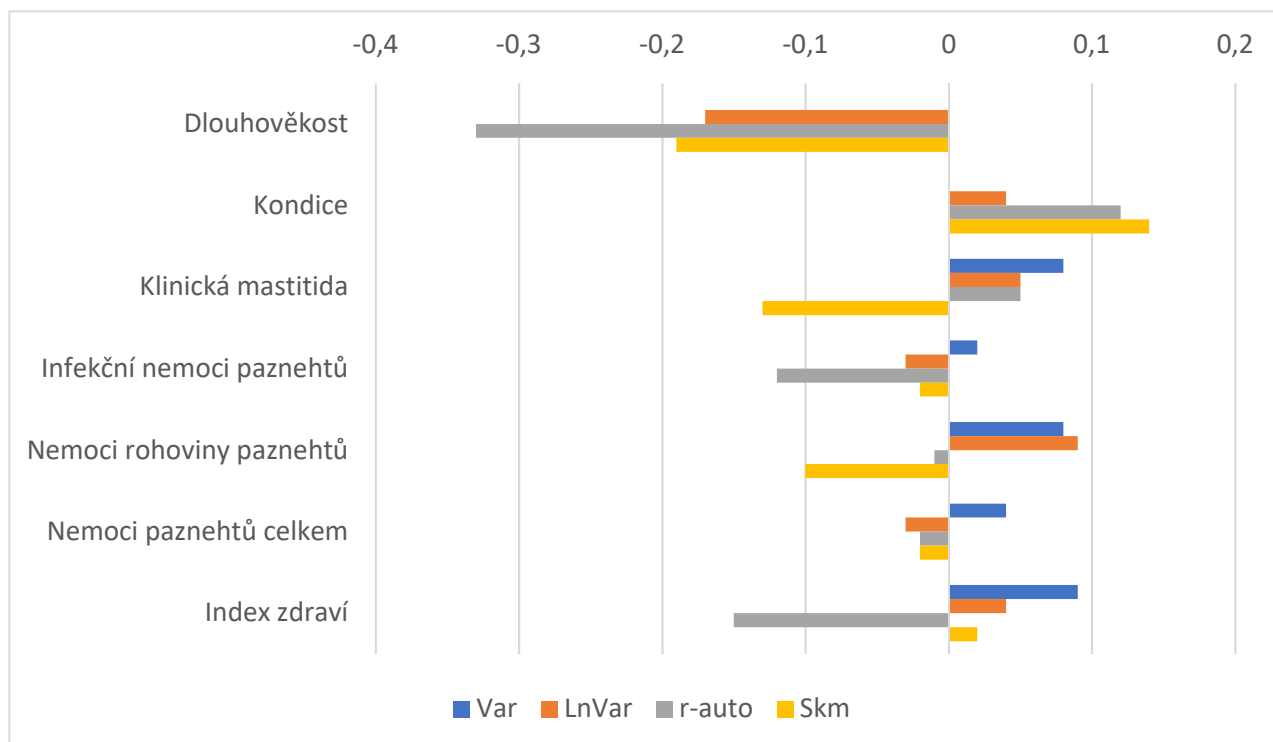
*Graf 3* přibližuje genetické vazby mezi ukazateli resilience a znaky reprodukce, kterými je jednak plodnost dcer (jalovic, krav a obou skupin společně) a jednak obtížnost porodu přímá a maternální. Tyto korelace opět byly nízké a nepřekračovaly 25 %, přičemž nejvyšší korelace byly spojeny se šikmostí odchylek. Oproti výsledkům známým z literatury, kde byly uváděny genetické vazby mezi vyšší variabilitou/šikmostí nádoje a delšími intervaly reprodukce (*Elgersma et al. 2018; Poppe et al. 2020*) byly vazby mezi plodností a ukazateli odolnosti nepříznivé. Tento vztah může být výsledkem relativně krátkého hodnoceného období (50.–150. den laktace), kdy nejčastěji dochází k zapouštění krav po otelení a výrazné říje mohou být doprovázené kolísáním produkce.

Graf 3: Pearsonovy korelační koeficienty mezi ukazateli resilience a znaky plodnosti.



Na *Grafu 4* uvádíme Pearsonovy korelační koeficienty vypočtené mezi ukazateli resilience a funkčními znaky včetně znaků zdraví.

Graf 4: Pearsonovy korelační koeficienty mezi ukazateli resilience a funkčními znaky



Nejvyšší Pearsonovy korelační koeficienty byly zaznamenány mezi dlouhověkostí, *r-auto*, *Skm* a *LnVar*. Oproti očekávání negativní vazba mezi *LnVar* a dlouhověkostí je pravděpodobně důsledkem toho,

že dlouhověkost je definována v podmínkách ČR pomocí indexu. Ten kromě přímé dlouhověkosti zahrnuje i hloubku vemene, hloubku těla, celkové hodnocení končetin, obsah somatických buněk a zabřezávání krav, které jsou s *LnVar* převážně v negativní vazbě a případnou kladnou vazbu s dlouhověkostí převažují. Korelace s odolností vůči nemocem vemene a končetin jsou vesměs nízké, v případě klinické mastitidy převážně kladné. Lepší resilience implikovaná nižšími variancemi individuálních nádojů byla ve vazbě s lepší odolností vůči nemocem rohoviny paznehtů. Index zdraví, který kombinuje uvedené nemoci vemene a končetin, je pak v příznivé korelaci s většinou ukazatelů resilience s výjimkou *r-auto*, kde je korelace nejvyšší (15 %) a zároveň negativní.

## 10.2 Soubory parametrů

### 10.2.1 Parametrický soubor pro RENUMF90

```
# precislovani souboru resilience LnVar s PE
DATAFILE
Invar_dat.dt
TRAITS
5
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1          # animal
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
0.21593
EFFECT
2 cross alpha    #hys
EFFECT
3 cross alpha    #poradi_laktace 1-3
EFFECT
4 cross alpha    #pocet_dnu 1-3
EFFECT
1 cross alpha    #animal
RANDOM
animal
OPTIONAL
pe
FILE
rod_rod0.rk
SNP_FILE
snp
(CO)VARIANCES
0.060296
(CO)VARIANCES_PE
0.014884
OPTION missing -999
```

### 10.2.2 renf90.par

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

1  
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS\_IN\_DATAFILE NUMBER\_OF\_LEVELS TYPE\_OF\_EFFECT[EFFECT NESTED]

2 54 cross  
3 3 cross  
4 3 cross  
5 12527 cross  
5 12527 cross

RANDOM\_RESIDUAL VALUES

0.21593

RANDOM\_GROUP

4

RANDOM\_TYPE

add\_an\_upginb

FILE

renadd04.ped

(CO)VARIANCES

0.60296E-01

RANDOM\_GROUP

5

RANDOM\_TYPE

diagonal

FILE

(CO)VARIANCES

0.14884E-01

OPTION missing -999

### 10.2.3 BLUP90IOD2

OPTION missing -999

OPTION SNP\_file snp\_clean

OPTION saveDiagG

OPTION no\_quality\_control

### 10.2.4 ACCF90GS

OPTION missing -999

OPTION SNP\_file snp\_clean

OPTION DiagG\_file DiagG

OPTION cg 1

OPTION anim 4

OPTION pe 5

OPTION model animal

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

Název: Genomické plemenné hodnoty pro ukazatele resilience u holštýnských dojnic

Autoři: Ing. Eva Kašná, Ph.D. (60 %)  
Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. (35 %)  
Ing. Monika Žáková (15 %)

Oponenti: Ing. Zdeňka Majzlíková  
Česká plemenářská inspekce, Praha  
  
doc. Ing. Karel Mach, CSc.  
Emeritní docent, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů  
Česká zemědělská univerzita, Praha

Dedikace: Metodika byla vypracována s podporou Ministerstva zemědělství ČR, v rámci řešení projektu NAZV QK22020280.

ISBN 978-80-7403-325-4

Vydáno bez jazykové úpravy.



Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.

Přátelství 815

104 00 Praha Uhřetěves

[www.vuzv.cz](http://www.vuzv.cz)