



Ludmila Zavadilová  
a kol.

## Struktura, sestavení a udržování databáze onemocnění dojeného skotu v rámci kontroly užitkovosti



ISBN 978-80-7403-158-8



Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

## CERTIFIKOVANÁ METODIKA

# Struktura, sestavení a udržování databáze onemocnění dojeného skotu v rámci kontroly užitkovosti

---

### Autoři

Ing. Ludmila Zavadilová<sup>1</sup>, CSc.  
Ing. Jiří Bauer<sup>1</sup>, Ph.D.  
MVDr. Petr Fleischer<sup>2</sup>, Ph.D.  
Ing. Lenka Krpálková<sup>1</sup>, Ph.D.  
Ing. Eva Kašná<sup>1</sup>, Ph.D.  
Ing. Stanislav Staněk<sup>1</sup>, Ph.D.  
MVDr. Soňa Šlosárková<sup>2</sup>, Ph.D.

<sup>1</sup>Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i. Praha

<sup>2</sup>Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i. Brno

### Oponenti

**Ing. Zdenka Majzlíková**

Česká plemenářská inspekce, Praha

**doc. Ing. Juraj Candrák, CSc.**

Katedra genetiky a plemenářské biologie (FAPZ)  
Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre

Metodika byla vypracována v rámci řešení výzkumného projektu **NAZV QJ1510217** (100%)

# Obsah

|              |  |           |
|--------------|--|-----------|
| <b>I.</b>    | <b>CÍL METODIKY</b>                                      | <b>5</b>  |
| <b>II.</b>   | <b>VLASTNÍ POPIS METODIKY</b>                            | <b>5</b>  |
| 1.           | Úvod   | 5         |
| 1.1.         | Stav v zahraničí   | 5         |
| 2.           | <b>Databáze onemocnění dojeného skotu</b>                | <b>5</b>  |
| 2.1.         | Popis  | 5         |
| 2.2.         | Struktura  | 6         |
| 3.           | <b>Postup tvorby databáze onemocnění</b>                 | <b>6</b>  |
| 3.1.         | Výchozí soubory  | 6         |
| 3.1.1.       | Deník onemocnění   | 6         |
| 3.1.2.       | Výstup z dojírenských software jednotlivých chovatelů    | 7         |
| 3.1.3.       | Databáze kontroly užítkovosti                            | 7         |
| 3.1.4.       | Databáze celoživotní užítkovosti                         | 7         |
| 3.2.         | Vytvoření a udržování databází onemocnění dojeného skotu | 8         |
| 3.2.1.       | Vytvoření výchozí databáze onemocnění dojeného skotu     | 8         |
| 3.2.2.       | Pravidelné aktualizace databáze                          | 8         |
| 3.3.         | Použití databáze onemocnění dojeného skotu               | 8         |
| 3.3.1.       | Odhad plemenné hodnoty pro odolnost vůči onemocnění      | 8         |
| 3.3.2.       | Základní informace o výskytu onemocnění                  | 8         |
| <b>III.</b>  | <b>SROVNÁNÍ NOVOSTI POSTUPŮ A ZDŮVODNĚNÍ</b>             | <b>9</b>  |
| <b>IV.</b>   | <b>POPIS UPLATNĚNÍ CERTIFIKOVANÉ METODIKY</b>            | <b>9</b>  |
| <b>V.</b>    | <b>EKONOMICKÉ ASPEKTY</b>                                | <b>9</b>  |
| <b>VI.</b>   | <b>SEZNAM POUŽITÉ SOUVISEJÍCÍ LITERATURY</b>             | <b>9</b>  |
| <b>VII.</b>  | <b>SEZNAM PUBLIKACÍ, KTERÉ PŘEDCHÁZELY METODICE</b>      | <b>10</b> |
| <b>VIII.</b> | <b>PŘÍLOHY</b>   | <b>11</b> |

## I. CÍL METODIKY

Cílem této metodiky je návrh struktury, sestavení a udržování databáze onemocnění dojeného skotu v rámci kontroly užitkovosti v ČR. Tato databáze má sloužit k evidenci a uchování údajů o onemocnění všech věkových kategorií skotu, k vyhodnocení výskytu onemocnění v rámci chovů i celých plemen chovaných v ČR, poskytovat údaje pro šlechtění, tj. odhady plemenných hodnot pro znaky onemocnění dojeného skotu případně poskytovat informace pro odhad plemenných hodnot pro jiné znaky, které jsou s onemocněním ve vztahu po fenotypové i genetické stránce.

## II. VLASTNÍ POPIS METODIKY

### 1. Úvod

Základním předpokladem šlechtění obecně je sběr fenotypových údajů o populacích organismů, které mají být šlechtitelským procesům podrobeny. U hospodářských zvířat je sběr údajů o znacích, které se ovlivňují šlechtěním zajišťován kontrolou užitkovosti. Tento proces je na úrovni států ošetřen legislativně. Koordinaci mezi státy a šlechtitelskými subjekty na mezinárodní úrovni zabezpečuje International Committee for Animal Recording (ICAR).

U dojeného a kombinovaného typu skotu bylo v minulém století hlavním cílem šlechtění navýšení mléčné užitkovosti. Tento cíl se sice podařilo naplnit, avšak došlo k negativnímu ovlivnění zvířat, co se týká zdraví a dalších funkčních znaků jako je např. dlouhověkost, plodnost a **odolnost vůči onemocnění**. Vznikla tak nutnost zahrnout tyto znaky do procesu šlechtění. Podmínkou ovšem je, aby tyto znaky byly také součástí kontroly užitkovosti.

V České republice nastala potřeba vytvořit **system sběru dat souvisejících s onemocněními skotu** (v rámci kontroly užitkovosti), dojených plemen, který by byl využitelný jak pro šlechtění, tak pro evidenci výskytu chorob, používaných léčiv a z nich tvořených výstupů pro efektivnější řízení stád. Tato metodika je součástí těchto snah s přednostním zaměřením na odhad plemenných hodnot, a tím umožnění šlechtění na udržení resp. zvýšení odolnosti vůči onemocněním.

**Navrhovaná databáze bude shromažďovat údaje o onemocněních krav s tím, že se počítá i zahrnutí ostatních věkových kategorií skotu. Současná metodika je věnována výhradně kravám.** Údaje budou dlouhodobě uchovávány. Databáze bude poskytovat výstupy pro odhad plemenných hodnot i nejrůznější analýzy včetně informací pro chovatele o výskytu chorob, jejich léčbě apod.

Pro účely uchování a dalšího zpracování sesbíraných dat, budou tyto nahrány do relačního databázového systému užívaného na pracovišti ČSMCH. Samotný proces prvotního zpracování dat bude probíhat v zmíněném relačním databázovém systému, kde budou data podrobeny pomocí kontrole za pomoci před-připravených sql příkazů.

#### 1.1. Stav v zahraničí

V rámci odhadu mezinárodních plemenných hodnot Interbullem zjišťujeme, že co se zdraví vemene týká, většina zemí odhaduje plemenné hodnoty pro počet somatických buněk. Tento znak je úzce spojen s výskytem zánětu vemene u krav, a proto je využíván jako nepřímý selekční ukazatel pro mastitidu. Přímou selekci na výskyt klinických mastitid provádí pouze Norsko, Dánsko, Finsko, Švédsko, Francie, Kanada, Nizozemí, Belgie. V těchto státech se provádí sledování výskytu klinických mastitid ve stádech dojeného skotu a tento znak se používá pro přímou selekci na zvýšení odolnosti vůči onemocnění. V Norsku se provádí navíc sledování výskytu ketózy, mléčné horečky a zadržetí lůžka, případně poruch plodnosti jako je tichá říje, cysty na vaječnicích a metritidy.

V Rakousku se intenzivně pracuje na systém sběru dat o onemocněních a postup odhadu plemenných hodnot pro onemocnění u plemene Fleckvieh, zahrnující populace chované v Německu a Rakousku (Egger-Danner et al. 2012).

### 2. Databáze onemocnění dojeného skotu

#### 2.1. Popis

Databáze onemocnění dojeného skotu se skládá ze tří významových bloků:

**První blok** je **identifikace krávy**, ušní číslo, plemenná příslušnost, původ, identifikace otce a matky, datum narození a případné datum vyřazení.

**Druhý blok** jsou **znaky spojené s laktací**, datum otelení, jmenovka chovu, délka laktace, dosažená užitkovost, znaky reprodukce.

**Třetí blok** jsou **informace spojené s onemocněním**, datum počátku onemocnění a konce léčby a další informace o nemoci a léčivech.

Databáze sleduje veškeré krávy (zvířata) ve stádu: zdravé i nemocné. Ohledně onemocnění má informace o tom, že krávy neonemocněla, stejnou významovou hodnotu jako informace o onemocnění. Je důležité mít podchycené všechny dojnice (zvířata) ve stádu, protože informace o výskytu nemoci je vždy daná podílem nemocných vůči zdravým zvířatům.

## 2.2. Struktura

Každý řádek **odpovídá záznamům jedné laktace u jedné krávy**, všechna onemocnění krávy za danou laktaci jsou v jednom řádku.

### První blok

- Jmenovka chovu, 10 míst
- Ušní číslo dojnice, 14 míst
- Plemeno
- Linie a registr otce, ICAR číslo otce
- Číslo matky, 14 míst
- Datum narození
- Datum vyřazení

### Druhý blok

- Datum otelení v dané laktaci
- Pořadí otelení v dané laktaci
- Datum kontroly užitkovosti (kontrolní den) 1x až 10x
- Užitkovost v kontrolních dnech
- Užitkovost za normovanou laktaci
- Užitkovost za skutečnou laktaci
- Datum inseminace, při které dojnice zabřezla
- Datum ukončení laktace - tj. zaprahnutí

### Třetí blok

- *Opakuje se 0 až Xkrát*
- Kód onemocnění podle jednotného klíče onemocnění
- Datum zjištění onemocnění tj. stanovení diagnózy
- Datum ukončení léčby
- Sledované podrobnosti o daném onemocnění
- Léčiva

## 3. Postup tvorby databáze onemocnění

### 3.1. Výchozí soubory

- Deník onemocnění
- Výstup z dojírenských software
- Databáze kontroly užitkovosti
- Databáze celoživotní užitkovosti

#### 3.1.1. Deník onemocnění

##### Popis:

Deník onemocnění má za účel shromažďovat údaje o druhu onemocnění (tj. diagnóze), počátku, době trvání léčby a zvláštěnostech onemocnění u dojeného skotu.

##### Zdroje:

Tato databáze se získává

- webovou aplikací v rámci modulu **Deník nemocí a léčení (v rámci Internetu pro chovatele: Přístup k datům, [www.cmsch.cz](http://www.cmsch.cz))**,
- výstupem z dojírenských software jednotlivých chovatelů.

**Základní struktura:**

- jmenovka chovu, 10 míst,
- číslo dojnice, 14 míst,
- datum otelení odpovídající onemocnění tj. diagnóze,
- pořadí otelení odpovídající onemocnění tj. diagnóze,
- kód onemocnění tj. diagnózy podle jednotného klíče diagnóz,
- datum zjištění onemocnění tj. stanovení diagnózy,
- datum ukončení léčby (zastupující ukončení onemocnění),
- sledované podrobnosti o daném onemocnění,
- léčiva.

**3.1.2. Výstup z dojírenských software jednotlivých chovatelů**

Výstup z dojírenských software jednotlivých chovatelů neposkytuje výstup přímo ve formě požadované struktury. Jednotlivé dojírenské software se mezi sebou liší v zadávání základních dat i ve výstupech. Každý takový výstup bude potřeba individuálně upravit pro vstup do databáze na základní strukturu deníku onemocnění.

**Základní struktura:**

- jmenovka chovu, 10 míst,
- číslo dojnice, 14 míst,
- datum otelení odpovídající onemocnění tj. diagnóze,
- pořadí otelení odpovídající onemocnění tj. diagnóze,
- kód onemocnění tj. diagnózy podle jednotného klíče diagnóz,
- datum zjištění onemocnění tj. stanovení diagnózy,
- datum ukončení léčby (zastupující ukončení onemocnění),
- sledované podrobnosti o daném onemocnění,
- léčiva

**3.1.3. Databáze kontroly užítkovosti****Popis:**

Databáze kontroly užítkovosti je soubor údajů o chovech, který je pravidelně generovaný ČMSCH pro chovatele. Obsahuje informace o kravách ve stádě, datu a užítkovosti v kontrolních dnech, datech zapuštění apod. Tato databáze popisuje aktuální stav stáda, mění se cca 1 měsíčně.

**Zdroje:**

Databázi poskytuje Plemdat (ČMSCH).

**Základní struktura: (data potřebné pro tvorbu databáze onemocnění)**

- Číslo krávy, 14místné
- Plemeno
- Linie a registr otce
- Číslo matky, 14místné
- Datum zapuštění
- Datum posledního otelení
- Datum vyřazení, pokud k němu došlo
- Datum kontroly užítkovosti 1x až 10x
- Zjištěné hodnoty (kg) mléka, (%) tuku, (%) bílkovin, (%) laktózy, počty somatických buněk, opakování 1x až 10x

**3.1.4. Databáze celoživotní užítkovosti****Popis:**

Databáze uchovává celoživotní užítkovost krávy. Jeden řádek obsahuje údaje o celoživotní užítkovosti krávy podle jednotlivých laktací. Základními údaji jsou datum narození, datum vyřazení a data jednotlivých otelení. Obsahují identifikaci otce a matky krávy, plemennou příslušnost a čísla stáji narození a chovu krávy. U jednotlivých laktací je zaznamenána užítkovost za normovanou laktaci a celková užítkovost za danou laktaci. Zaznamenány jsou hodnoty reprodukce: inseminační interval, service perioda nebo-li mezibřezost, mezidobí.

## **Zdroje:**

Databázi poskytuje Plemdat (ČMSCH).

**Základní struktura:** (uvedena pouze data potřebná pro tvorbu databáze onemocnění)

- Číslo dojnice, 14místné
- Linie a registr otce
- Číslo matky, 14místné
- Datum narození
- Plemeno
- Rok a měsíc vyřazení
- Důvod vyřazení
- Věk při prvním otelení, měsíce a dny
- Data otelení, opakování 1x- 20x
- Hodnoty za normovanou laktaci (kg) mléka, (kg) tuku, (kg) bílkovin, počty somatických buněk, opakování 1x až 20x
- Počet dnů laktace, opakování 1x až 20x
- Inseminační interval, opakování 1x až 20x
- Service perioda, opakování 1x až 20x

## **3.2. Vytvoření a udržování databází onemocnění dojeného skotu**

### **3.2.1. Vytvoření výchozí databáze onemocnění dojeného skotu**

Výchozí krok je vytvoření databáze onemocnění dojeného skotu. Databáze obsahující informace o onemocnění *Deník nemocí* a *Výstupy z dojírenských software* se kombinují s databází kontroly užitkovosti a databází celoživotní užitkovosti podle klíče: číslo dojnice, pořadí laktace a datum otelení. Klíčovým prvkem vyhodnocení je jednotka chov. Pro každý chov (dle označení chovu, 10 místné či 9místné číslo, bude upřesněno při odhadu plemenných hodnot či vyhodnocení) je možno identifikovat skupinu krav současně v kontrole užitkovosti. Tak je umožněno vytváření skupin vrstevnic podle kalendářních údajů.

### **3.2.2. Pravidelné aktualizace databáze**

Databáze onemocnění dojeného skotu je pravidelně aktualizována ze všech tří výchozích zdrojů. K aktualizaci dochází jednou měsíčně. Aktualizace se provádí ze všech databází ve stejný čas.

Z deníku nemocí se připojují a aktualizují údaje o výskytu nemocí, databáze kontroly užitkovosti poskytuje údaje o kontrolách a užitkovosti dojnic, případném přeřazení dojnice do jiného stáda, databáze celoživotní užitkovosti podává údaje o laktaci a vyřazení dojnice.

## **3.3. Použití databáze onemocnění dojeného skotu**

### **3.3.1. Odhad plemenné hodnoty pro odolnost vůči onemocnění**

Pro odhad plemenné hodnoty pro odolnost vůči onemocnění navrhujeme použití animal modelu s příbuzenskou maticí, opakovaným měřením výskytu onemocnění v následujících laktacích (permanentní efekt jedince) a pevnými efekty stáda, roku, období otelení, věku při otelení, aj. Konkrétní složení modelu se bude odvíjet od vybrané vlastnosti, onemocnění.

Závislé proměnné budou vytvářeny podle povahy onemocnění **především s ohledem na použití výskytu za celou či část laktace**, případně počet výskytů **za laktaci nebo za délku onemocnění v laktaci**.

Tyto efekty bude možno odvodit z údajů, které budou součástí databáze onemocnění dojnic a umožní tak tvorbu souborů pro vlastní odhad plemenné hodnoty.

### **3.3.2. Základní informace o výskytu onemocnění**

Základní statistické informace o výskytu onemocnění ve sledované populaci skotu bude možno odvodit z podkladů, které bude obsahovat databáze onemocnění dojnic. Jedná se o průměry, rozptyly, maxima a minima počtů a podílových výskytů v populaci, v jednotlivých pořadích laktace, ve stádech a v průběhu kalendářních let.



### III. SROVNÁNÍ NOVOSTI POSTUPŮ A ZDŮVODNĚNÍ

Navrhovaný postup tvorby a udržování databáze onemocnění dojeného skotu vychází ze způsobu, kterým jsou tvořeny a udržovány databáze pro kontrolu užitkovosti, databáze celých laktací a další databáze, které uchovávají informace o užitkovosti a dalších znacích dojeného skotu.

Sběr údajů o nemocech dojeného skotu nebyl doposud v ČR součástí kontroly užitkovosti, a proto národní databáze nemocí dojeného skotu nebyla doposud vytvářena. V tomto směru je námi navrhovaný postup zcela nový.

### IV. POPIS UPLATNĚNÍ CERTIFIKOVANÉ METODIKY

Námi navrhovaná metodika bude použita jako podklad pro rozšíření kontroly užitkovosti o databázi obsahující informace o onemocněních skotu. Bude využívána pro uchování údajů o onemocněních dojeného skotu, které budou získány při sběru dat v rámci kontroly užitkovosti. Dále se budou z této databáze vytvářet soubory pro odhad plemenných hodnot pro vybrané znaky onemocnění. Existence této databáze je nutným předpokladem pro tyto odhady a tudíž pro šlechtění na odolnost vůči onemocněním. Uživatelem této metodiky bude Českomoravská společnost chovatelů, a.s. Hradištka pod Medníkem (ČMSCH).

### V. EKONOMICKÉ ASPEKTY

Podle zákona č. 110/1997 Sb. O potravinách a zákona č. 154/2000 Sb. O šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat ve znění pozdějších předpisů je ČMSCH právnická osoba pověřená ministerstvem k výkonu činností podle jednotlivých bodů § 23c. Jmenovitě podle odstavců 1 a2 a § 7 je povinna poskytovat chovatelům a oprávněným osobám údaje, zpracovávat, zveřejňovat a evidovat výsledky, což se týká všech chovatelsky důležitých vlastností. V souladu s doporučením Rady vlády pro výzkum, uvádíme, že ČMSCH nevytváří těmito činnostmi zisk, ale poskytuje široké chovatelské veřejnosti co nejobjektivnější údaje a vyhodnocením celostátních databází vytváří podklady pro prokázání kvality plemenářské práce chovatelů.

### VI. SEZNAM POUŽITÉ SOUVISEJÍCÍ LITERATURY

- EGGER-DANNER, C., B. FUERST-WALTL, W. OBRITZHAUSER, C. FUERST, H.SCHWARZENBACHER, B. GRASSAUER, M. MAYERHOFER, AND A. KOECK. 2012. Recording of direct health traits in Austria—Experience report with emphasis on aspects of availability for breeding purposes. *J. Dairy Sci.* 95:2765–2777.
- FUERST, C., A. KOECK, C. EGGER-DANNER, FUERST - WALTL, B. 2011. Routine genetic evaluation for direct health traits in Austria and Germany. Interbull Meeting, August, 26-28, Stavanger, Norway.
- HERINGSTAD, B., G. KLEMETSDAL, RUANE, J.. 2000. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: A review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.*, 64: 95–106.
- HERINGSTAD, B., ØSTERÅS, O. 2013. More than 30 years of health recording in Norway. ICAR 2013 Health Data Conference: challenges and benefits of health data recording in the context of food chain quality, management and breeding. 30–31 May, Århus, Denmark.
- VARGA,S., CHERRY, D., D'ANTONI, J. *Introducing Microsoft SQL Server 2016: Mission-Critical Applications, Deeper Insights, Hyperscale Cloud*, ebook, Preview Edition, 65 pages Published January 5th 2016 by Microsoft Press
- WOLF, J., M. WOLFOVÁ, ŠTÍPKOVÁ, M. 2010. A model for the genetic evaluation of number of clinical mastitis cases per lactation in Czech Holstein cows. *J. Dairy Sci.*, 93:1193–1204.

## VII. SEZNAM PUBLIKACÍ, KTERÉ PŘEDCHÁZELY METODICE

- BAUER J., ZAVADILOVÁ, L. 2015. Využívání a spokojenost s programy řízení dojeného stáda – výsledky ankety. *Náš chov* roč. 74, 9: 56-57.
- KRUPOVÁ Z., KRUPA E., MICHALIČKOVÁ M., WOLFOVÁ, M., KASARDA, R. 2016. Economic values for health and feed efficiency traits of dual-purpose cattle in marginal areas. *Journal of Dairy Science*, roč. 99, 1:644-656.
- KRUPOVÁ Z., KRUPA E., MICHALIČKOVÁ M., ZAVADILOVÁ L., KADLEČÍK O. 2015. Economic sustainability of the local dual-purpose cattle. *Poljoprivreda (Agriculture)*, vol. 21, 1 (Supplement): 220-223.
- ZAVADILOVÁ, L., ŠTÍPKOVÁ, M., ŠEBKOVÁ, N. & SVITÁKOVÁ, A. 2015. Genetic analysis of clinical mastitis data for Holstein cattle in the Czech Republic. *Archiv fur Tierzucht-Archives of Animal Breeding*, roč. 58, 199-204.
- ZAVADILOVÁ, L., ŠTÍPKOVÁ, M., BAUER J. 2016. Plemenné hodnoty a genomické plemenné hodnoty pro klinické mastitidy. *Náš chov* roč. 75, 1: 55-59.
- ZAVADILOVÁ, L. 2015. Šlechtění a mastitidy. *Zemědělský týdeník* roč. 30, 12-13.

## VIII. Přílohy:

1. příloha Interbull – popis národního hodnocení v zemích používajících přímou selekci proti výskytu klinické mastitidy

1. příloha Interbull – popis národního hodnocení v zemích používajících přímou selekci proti výskytu klinické mastitidy

Form GE Status as of: 2016-01-08

### DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEMS

|   |   |
|---|---|
| <b>Country (or countries)</b>   | Norway  |
| <b>Main trait group<sup>1</sup></b>   | Health  |
| <b>NOTE!</b> One trait group per form!  |   |
| <b>Breed(s)</b>   | Norwegian Red (NRF)   |
| <b>Trait definition(s) and unit(s) of measurement<sup>2</sup></b><br>Attach an appendix if needed | <p><u>Somatic Cell Score</u>: 305-day lactation geometric mean.</p> <p><u>Other Diseases</u>: Recorded veterinary treatments for ketosis, milk fever or retained placenta between 15 days prepartum and 120 days post partum. In addition treatments for the fertility disorders: Cystic ovaries, metritis and silent heath. 0=no treatments recorded. 1=one or more treatments recorded. Data from 1<sup>st</sup> to 5<sup>th</sup> lactation.</p> <p><u>Clinical Mastitis</u>: Recorded veterinary treatments for acute clinical or chronic clinical mastitis in periods of 1<sup>st</sup>, 2<sup>nd</sup> and 3<sup>rd</sup> lactation. 0=no treatments recorded. 1=one or more treatments recorded.</p> <p>CM1: 1<sup>st</sup> lactation, -15 to 30 days in milk. Treated .0994.<br/>           CM2: 1<sup>st</sup> lactation, 31 to 120 days in milk. Treated .0439.<br/>           CM3: 1<sup>st</sup> lactation, 121 to 305 days in milk. Treated .0627.<br/>           CM4: 2<sup>nd</sup> lactation, -15 to 30 days in milk. Treated .1043.<br/>           CM5: 2<sup>nd</sup> lactation, 31 to 305 days in milk. Treated .1529.<br/>           CM6: 3<sup>rd</sup> lactation, -15 to 30 days in milk. Treated .1318.<br/>           CM7: 3<sup>rd</sup> lactation, 31 to 305 days in milk. Treated .1782.<br/>           CM Index: <math>1/3 \cdot CM1 + 1/3 \cdot CM2 + 1/3 \cdot CM3</math></p> |
| <b>Method of measuring and collecting data</b>  | <p>Monthly recording of milk yield, every second month milk is sampled for contents and somatic cell count.</p> <p>A health card for each cow resides on the farm. Veterinarians record all treatments and diagnostics according to a coding system on the health card together with his identity number. The farmer record treatments that he can carry out (not including drugs), together with an identity number signalling farmers treatment. The farmer or the advisor reports the treatment codes from the health cards as events to the milk recording system.</p>  |
| <b>Time period for data inclusion</b>   | Calving since September 1978.   |
| <b>Age groups (e.g. parities) included</b>  | <p><u>SCS</u>: First, second and third. Repeatability animal model.</p> <p><u>OD</u>: First to fifth. Multilactation sire model calculated separately per disease.</p> <p><u>CM</u>: First, second and third. Seven periods in multitrait sire model.</p>   |

|  |  |
|--|--|
| <b>Other criteria (data edits) for inclusion of records</b>  | <p><u>SCS</u>: Age at first calving 19-37 mo, second calving 31-51 mo, third calving 43-63 mo. Minimum production level 1 kg at recording day.</p> <p>ScC between <math>1 \cdot 10^{-3}</math> and <math>6.4 \cdot 10^{-6}</math></p> <p><u>CM and OD</u>: Age at 1st calving 640-1005 days. Age at 2nd calving 973-1429 days. Age at 3<sup>rd</sup> calving 1308-1855 days.</p> <p>Data from a herd a particular year are discarded if no treatment for any disease was recorded that year (to ensure participation in the recording system).</p> <p>Require code for logical sire. (Set by milk recording system when calving of the dam is reported. Single AI, or same sire if double AI at same heath. Reasonable interval between last AI and calving of dam).</p> <p>Claimed sire must have been in use at time for AI.</p> |
| <b>Criteria for extension of records (if applicable)</b>   | <u>SCS</u> : Minimum two recordings and minimum 45 days of lactation.  |
| <b>Sire categories</b>   | One category, AI bulls of NRF.   |
| <b>Environmental effects<sup>3</sup>, pre-adjustments</b>  | <p><u>SCS</u>: Stage of lactation.</p> <p><u>OD and CM</u>: Data for each trait and parity are standardised within year (Mean=0, SD=1)</p>   |
| <b>Method (model) of genetic evaluation<sup>3</sup></b>  | <p><u>SCS</u>: ST-R-AM</p> <p><u>OD</u>: ML-SM per disease</p> <p><u>CM</u>: MT-SM</p>   |
| <b>Environmental effects<sup>3</sup> in the genetic evaluation model</b>   | <p><u>SCS</u>: (F) Year of calving*Month of Calving*Parity, Age at calving*Parity, Days Open*Parity. (R) Herd*Year of Calving.</p> <p>Year of calving is defined "dynamic". Most recent year =calvings after (today-465 days). Years before that is 365*n days.</p> <p><u>CM and OD</u>: (F) Age in months at calving, Month by year of calving. (R) Herd by year of calving.</p>  |
| <b>Adjustment for heterogeneous variance in evaluation model</b>   | <p><u>SCS</u>: Precorrection for Age at Calving*Parity.</p> <p><u>CM and OD</u>: None.</p>   |
| <b>Use of genetic groups and relationships</b>   | <p><u>SCS</u>: Complete additive relationship included. Missing pedigree grouped by year of birth.</p> <p><u>CM and OD</u>: Relationship among sires, no genetic groups.</p>   |
| <b>Blending of foreign/Interbull information in evaluation</b>   | None   |
| <b>Genetic parameters in the evaluation</b>  | <p>Use Appendix GE for heritability/genetic variance estimates; for multiple-trait genetic evaluations, provide genetic correlation estimates between traits separately.</p> <p>Use <b>also</b> appendices PR, CO, BCO, SM, LO, CA, as applicable, if you participate in the international genetic evaluations of Interbull</p>  |
| <b>System validation</b>   | <p><u>SCS</u>: Extensive checks on data quality, validation methods 1 and 2.</p> <p><u>CM and OD</u>: Correlation to previous estimates of EBV. Check on genetic trend.</p>  |
| <b>Expression of genetic evaluations</b><br>If standardised (e.g. RBV), give standardisation formula in the appendix | <p><u>SCS</u>: RBV. Mean=100, SD=12</p> <p><u>OD</u>: Mean=100, SD=12</p> <p>RBV: Milk fever 45% + Ketosis 15% + Retained placenta 15% + Cystic ovaries 15% + Metritis 5% + Silent heath 5%</p> <p>Also RBV for each disease separately.</p> <p><u>CM</u>: Mean=100, SD=12</p> <p>RBV for all bulls: <math>1/3 \cdot CM1 + 1/3 \cdot CM2 + 1/3 \cdot CM3</math></p>  |

|  |   |
|--|---|
| <b>Definition of genetic reference base</b>                          | Rolling average of progeny tested bulls from the batches in the three previous years.   |
| <b>Next base change</b>  | Changes at every evaluation.  |
| <b>Calculation of reliability</b>                                    | Based on daughter information only.<br>$CM: \sqrt{EDC/(EDC+112.86)}$ , where $(4/h^2)-1=112.86$ ,<br>$h^2=k'Gk / k'Pk = .03513$ and $k=[1/3 \ 1/3 \ 1/3 \ 0 \ 0 \ 0]$ .<br>EDC according to herd by year as random, i.e. each daughter weighted by $(nhy + \gamma)/(nhy - ns + \gamma)$ , where<br>nhy is total no. in contemporary group;<br>ns is no. of daughters the sire have in this particular daughters contemporary group; and<br>$\gamma$ is residual variance / herd by year variance. |
| <b>Criteria for official publication of evaluations</b>              | Minimum 100 daughters for old bulls and imported bullsires.<br>At present progeny testing of young bulls the limit is about 200 daughters.  |
| <b>Number of evaluations / publications per year</b>                 | 3   |
| <b>Use in total merit index<sup>4</sup></b>                          | Clinical Mastitis accounts for 10.8%, Other Diseases accounts for 4%, Somatic Cell Score accounts for 7.2%.   |
| <b>Anticipated changes in the near future</b>                        |   |
| <b>Key reference on methodology applied</b>                          | Svendsen, M. (1999). A retrospective study of selection against clinical mast-itis in the Norwegian dairy cow population. Interbull Bulletin no. 23: 99-106.<br>Svendsen, M. and I.M. A.-Ranberg (2000). Genetic evaluation for functional traits in Norway. Interbull Bulletin no. 25: 135-138.<br>Svendsen, M. and B. Heringstad (2006). New genetic evaluation for clinical mastitis in multiparous Norwegian Red cows. Interbull Bulletin no. 35: 8-11.                                       |
| <b>Key organisation: name, address, phone, fax, e-mail, web site</b> | GENO SA, Storhamargata 44, N-2317 Hamar, Norway.<br>Phone: +47 95020600<br>Fax: +47 62520610<br>E-mail: post@geno.no<br>Web site: www.geno.no   |

1) Either: Production (e.g. milk, fat, protein), Conformation, Health (e.g. mastitis resistance, milk somatic cell, resistance to diseases other than mastitis), Longevity, Calving (e.g. stillbirth, calving ease), Female fertility (e.g. non-return rate, interval between reproductive events, number of AI's, heat strength), Workability (e.g. milking speed, temperament), Beef production, Efficiency (e.g. body weight, energy balance, body conditioning score), or Other traits.

2) Indicate frequencies per category if the trait is categorical and specify transformation of data if practiced.

3) Use abbreviations for most common effects (see document with list of abbreviations at [http://www-interbull.slu.se/service\\_documentation/General/list\\_of\\_abbreviations.rtf](http://www-interbull.slu.se/service_documentation/General/list_of_abbreviations.rtf)) and indicate random (R) or fixed (F).

4) Please give economic weights and indicate how they are expressed (preferably in genetic standard deviation units).

## Parameters used in genetic evaluation

Country (or countries): Norway  
 Main trait group: Health  
 Breed (repeat as necessary): Norwegian Red (NRF).

| Trait              | Definition   | TB <sup>a</sup> | h <sup>2b</sup> | Genetic variance <sup>b</sup> | official proof standardisation formula <sup>c</sup>           |
|--------------------|--|-----------------|-----------------|-------------------------------|---|
| Somatic cell score | 1 <sup>st</sup> , 2 <sup>nd</sup> , 3 <sup>rd</sup> parity<br>Repeatability=0.30 |                 | 0.136           | 0.137116                      | $((eval-a)/b*(-12) + 100)$<br>a,b changes at every evaluation |
| Clinical mastitis  | Index [1 1 1 0 0 0 0 ]   |                 | 0.035           | 0.0009913                     | $((eval-a)/b)*(-12) + 100$<br>a,b changes at every evaluation |
| Clin. mastitis 1   | 1 <sup>st</sup> parity, -15 to 30 d<br>Herd by year ratio= 0.066                 |                 | 0.029           | 0.0033445                     |   |
| Clin. mastitis 2   | 1 <sup>st</sup> parity, 31 to 120 d<br>Herd by year ratio= 0.023                 |                 | 0.008           | 0.0004068                     |   |
| Clin. mastitis 3   | 1 <sup>st</sup> parity, 121 to 305 d<br>Herd by year ratio= 0.035                |                 | 0.015           | 0.0010494                     |   |
| Clin. mastitis 4   | 2 <sup>nd</sup> parity, -15 to 30 d<br>Herd by year ratio= 0.054                 |                 | 0.020           | 0.0022797                     |   |
| Clin. mastitis 5   | 2 <sup>nd</sup> parity, 31 to 305 d<br>Herd by year ratio= 0.059                 |                 | 0.025           | 0.0038368                     |   |
| Clin. mastitis 6   | 3 <sup>rd</sup> parity, -15 to 30 d<br>Herd by year ratio= .0600                 |                 | 0.022           | 0.0028632                     |   |

<sup>a</sup> Indicate, with X, traits that are submitted to Interbull for international genetic evaluations.

<sup>b</sup> If repeated records are treated as separate traits, provide heritability estimates and genetic variances separately for each trait, as well as for all traits pooled, i.e. for the trait submitted to Interbull.

<sup>c</sup> Expressed as follows:

StandEval= $((eval-a)/b)*c+d$  where a=mean of the base adjustment, b=standard deviation of the base, c=standard deviation of expression (include sign if scale is reversed), and d=base of expression.

## Clinical mastitis

### Herd by year variance components

|     |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |
|-----|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|
| CM1 | <b>0.0073770</b> | 0.0014296        | 0.0018597        | 0.0049691        | 0.0034902        | 0.0052145        | 0.0037381        |
| CM2 | 0.0014296        | <b>0.0011490</b> | 0.0011181        | 0.0012396        | 0.0022524        | 0.0014063        | 0.0024205        |
| CM3 | 0.0018597        | 0.0011181        | <b>0.0025573</b> | 0.0017811        | 0.0038024        | 0.0021224        | 0.0040855        |
| CM4 | 0.0049691        | 0.0012396        | 0.0017811        | <b>0.0060508</b> | 0.0043540        | 0.0059230        | 0.0042753        |
| CM5 | 0.0034902        | 0.0022524        | 0.0038024        | 0.0043540        | <b>0.0088272</b> | 0.0045107        | 0.0084982        |
| CM6 | 0.0052145        | 0.0014063        | 0.0021224        | 0.0059230        | 0.0045107        | <b>0.0079534</b> | 0.0052815        |
| CM7 | 0.0037381        | 0.0024205        | 0.0040855        | 0.0042753        | 0.0084982        | 0.0052815        | <b>0.0100013</b> |

### Genetic variance components (4\*sire)

|     |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |
|-----|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|
| CM1 | <b>0.0033445</b> | 0.0006519        | 0.0008212        | 0.0022339        | 0.0015760        | 0.0022579        | 0.0017084        |
| CM2 | 0.0006519        | <b>0.0004068</b> | 0.0005884        | 0.0005768        | 0.0010871        | 0.0005845        | 0.0009618        |
| CM3 | 0.0008212        | 0.0005884        | <b>0.0010494</b> | 0.0008608        | 0.0018359        | 0.0008018        | 0.0016168        |
| CM4 | 0.0022339        | 0.0005768        | 0.0008608        | <b>0.0022797</b> | 0.0017107        | 0.0023620        | 0.0015557        |
| CM5 | 0.0015760        | 0.0010871        | 0.0018359        | 0.0017107        | <b>0.0038368</b> | 0.0017749        | 0.0035390        |
| CM6 | 0.0022579        | 0.0005845        | 0.0008018        | 0.0023620        | 0.0017749        | <b>0.0028632</b> | 0.0019046        |
| CM7 | 0.0017084        | 0.0009618        | 0.0016168        | 0.0015557        | 0.0035390        | 0.0019046        | <b>0.0037180</b> |

### Phenotypic variance components (herd by year + sire + residual)

|     |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |
|-----|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|
| CM1 | <b>0.1114854</b> | 0.0040386        | 0.0026339        | 0.0146867        | 0.0076070        | 0.0130712        | 0.0069961        |
| CM2 | 0.0040386        | <b>0.0491444</b> | 0.0044974        | 0.0048684        | 0.0065282        | 0.0046511        | 0.0061676        |
| CM3 | 0.0026339        | 0.0044974        | <b>0.0710473</b> | 0.0069220        | 0.0118449        | 0.0062623        | 0.0102158        |
| CM4 | 0.0146867        | 0.0048684        | 0.0069220        | <b>0.1121616</b> | 0.0090172        | 0.0180653        | 0.0101568        |
| CM5 | 0.0076070        | 0.0065282        | 0.0118449        | 0.0090172        | <b>0.1488031</b> | 0.0163393        | 0.0254337        |
| CM6 | 0.0130712        | 0.0046511        | 0.0062623        | 0.0180653        | 0.0163393        | <b>0.1329068</b> | 0.0096779        |
| CM7 | 0.0069961        | 0.0061676        | 0.0102158        | 0.0101568        | 0.0254337        | 0.0096779        | <b>0.1642008</b> |

## Parameters for national genetic evaluations for udder health traits as provided to Interbull

Country (or countries): Norway  
 Main trait group: Health  
 Breed(s): Norwegian Red (NRF)

| Trait              | $h^{2a}$ | genetic variance <sup>a</sup> | official proof standardisation formula <sup>b</sup>              |
|--------------------|----------|-------------------------------|--|
| Milk Somatic Cell: | .136     | .137116                       | $((eval-a) / b * (-12) + 100$<br>a,b changes at every evaluation |
| Clinical Mastitis: | .136     | .137116                       | $((eval-a) / b * (-12) + 100$<br>a,b changes at every evaluation |

<sup>a</sup> If repeated records are treated as separate traits, provide heritability estimates and genetic variances separately for each trait, as well as for all traits pooled, i.e. for the trait submitted to Interbull.

<sup>b</sup> Expressed as follows:

StandEval= $((eval-a)/b)*c+d$  where a=mean of the base adjustment, b=standard deviation of the base, c=standard deviation of expression (include sign if scale is reversed), and d=base of expression.



## DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEMS

|   |  |
|---|--|
| Country (or countries)  | NLD / BEL  |
| Main trait group <sup>1</sup>   | Joint evaluation of Dutch and Flemish data.<br>Udder health  |
| NOTE! Only one trait group per form!  |  |
| Breed(s)  | All breeds are evaluated in one multi-breed evaluation   |
| Trait definition(s) and unit(s) of measurement <sup>2</sup><br>Attach an appendix if needed | UHI: € per animal per lactation, expected savings on economic damage of infection  |
| Method of measuring and collecting data   | Milk recording data and clinical mastitis registration from farm management program  |
| Time period for data inclusion  | All lactation records of lactation started after 1-5-1990 till present.<br>Pedigree information is traced back as far as possible.   |
| Age groups (e.g. parities) included   | Parities 1, 2 and 3  |
| Other criteria (data edits) for inclusion of records  | the cow must be herdbook registered;<br>official (both supervised and unsupervised) daily productions;<br>DIM between 5 and 335;<br>age at calving is at least 640 days;<br>known sire;<br>calving interval of the current lactation must be at least 215 days;<br>no daily yields in a lactation with status "unreliable";<br>Interval between two consecutive testdays < 84 days |
| Criteria for extension of records (if applicable)   | Data from automatic milking systems are converted to 24-hour yields  |
| Sire categories   | All bulls with progeny information including domestic and foreign AI bulls plus natural service herd sires.  |
| Environmental effects <sup>3</sup> , pre-adjustments  | None   |
| Method (model) of genetic evaluation <sup>3</sup>   | MT-BLUP-AM   |
| Environmental effects <sup>3</sup> in the genetic evaluation model                          | F: Herd*Year, Year*Month, Age at Calving, # Testday in lactation, # Days at Risk, heterosis, recombination   |
| Adjustment for heterogeneous variance in evaluation model                                   | No   |
| Use of genetic groups and relationships   | Unknown parents are grouped together according to country of origin, selection path (6 paths), breed and birth year. All known relationships of cows and sires are considered. Selection paths are: unknown dam for cow, unknown dam for bull, unknown sire for cow, unknown sire for bull, both parents unknown for cow and both parents unknown for bull.                        |
| Blending of foreign/Interbull information in evaluation                                     | Sire breeding values are based on national information only.<br>At proof release day the evaluation is restarted to obtain cow EBVs using sire solutions based on the official (domestic, interbull or converted) EBV.   |
| Genetic parameters in the evaluation  | Overall 8.9%   |

|   |  |
|---|--|
| System validation   | Extensive checks on input data and results. Evaluations are done with an ISO 9001 certified process.<br>Interbull trend validation test I, II<br>Comparison of consecutive evaluations   |
| Expression of genetic evaluations<br>If standardised (e.g. RBV), give standardisation formula in the appendix | $EBV_{cm/scm}$ is calculated as $0.41*EBV_{lact1} + 0.33*EBV_{lact2} + 0.26*EBV_{lact3}$ , resulting in equal weights for all lactations. $EBV_{UHI}$ is calculated as $0.477*EBV_{scm} + 0.641*EBV_{cm}$ , reflecting the 2 – 2.5 time higher economic damage of an infection with CM. $EBV_{UHI}$ is published as RBV ( $\mu = 100, \sigma = 4$ ) with higher values indicating desirable traits (less infection, more economic savings).  |
| Definition of genetic reference base  | <i>2015 Holstein cow base (2015HC):</i><br>All black & white herdbook cows with at least 87,5% Holstein genes and maximal 12,5% Dutch Friesian genes born in 2005 with at least 1 testday with SCC<br><i>2015 Red&amp;white Holstein cow base (2015RC):</i><br>All red & white herdbook cows with at least 87.5% Holstein genes and maximal 12.5% Dutch Friesian genes born in 2010 with with at least 1 testday with SCC<br><i>2015 Dual Purpose cow base (2015YC):</i><br>All black & white herdbook cows with at least 75% Holstein genes and maximal 25% Holstein Friesian genes born in 2010 with at least 1 testday with SCC   |
| Next base change  | 2020   |
| Calculation of reliability  | Based on Multiple trait effective daughter contribution method (Liu <i>et al.</i> , 2004)  |
| Criteria for official publication of evaluations  | Bulls: 30% Reliability of Index Udder Health   |
| Number of evaluations / publications per year   | Three times a year with the schedule of Interbull.<br>Evaluations are released electronically via <a href="http://www.gesfokwaarden.eu">www.gesfokwaarden.eu</a>   |
| Use in total merit index <sup>4</sup>   | Yes, in NVI<br>Total Merit Index NVI:<br>$NVI = 0.35 \times Inet + 0.09 \times LON + 5.2 \times (UDH-100) + 5.2 \times (FER-100) + 5.2 \times (UDD-100) + 6 \times (F\&L-100) + 2 \times (CAL-100)$<br><br>$UDH = 0.477 * [SCM-100] + 0.641 * (CM -100) +100$<br>$FER = 0.52 \times (IFL-100) + 0.52 \times (CI-100) + 100$<br>$CAL = 0.08 \times (DCE-100) + 0.08 \times (MCE-100) + 0.55 \times (DLV-100) + 0.83 \times (MLV-100) +100$<br><br>Where:<br>Inet = production index<br>LON = EBV longevity<br>UDH = EBV somatic cell count<br>FER = EBV female fertility<br>UDD = EBV overall udder conformation<br>F&L = EBV overall feet and leg conformation<br>CAL = EBV calving traits |
| Anticipated changes in the near future  | No   |

---

|                                      |  |
|--------------------------------------|--|
| Key reference on methodology applied | <p>Haas, Y. de, W. Ouweltjes, J. ten Napel, J. Windig and G. de Jong (2008) Alternative traits for somatic cell counts as mastitis-indicators for genetic selection, <i>J. Dairy Sci.</i> 91:2501-2511.</p> <p>Halasa T., M. Nielen, A. P. W. De Roos, R. Van Hoorne, G. de Jong, T. J. G. M. Lam, T. van Werven, and H. Hogeveen (2008) Production Loss Due to New Sub-clinical Mastitis in Dutch Dairy Cows Estimated With a Test-Day Model, <i>J. Dairy Sci.</i> <i>submitted</i></p> <p>Huijps, K., T.J.G.M. Lam and H. Hogeveen (2008) Costs of mastitis : facts and perception, <i>J. Dairy Sci.</i> 75: 113–120.</p> <p>Ten Napel J., Y. de Haas, G. de Jong, T. Lam, J. Windig, W. Ouweltjes (2007) Characterization of distributions of somatic cell counts, <i>J. Dairy Sci.</i> <i>accepted</i></p> |
|--------------------------------------|--|

---

|   |   |
|---|---|
| Key organization: name, address, phone, fax, e-mail, web site | <p>AEU CRV<br/> P.O. Box 454<br/> NL 6800 AL ARNHEM<br/> Tel: +31-26-38 98 700<br/> Fax: +31-26-38 98 777<br/> E-mail: <a href="mailto:aeu@crv4all.com">aeu@crv4all.com</a><br/> Internet: <a href="http://gesfokwaarden.eu">gesfokwaarden.eu</a></p> |
|---|---|

---

1) Either: Production (e.g. milk, fat, protein), Conformation, Health (e.g. mastitis resistance, milk somatic cell, resistance to diseases other than mastitis), Longevity (e.g. direct longevity, combined longevity), Calving (e.g. stillbirth, calving ease), Female fertility (e.g. non-return rate, interval between reproductive events, number of AI's, heat strength), Workability (e.g. milking speed, temperament), Beef production, Efficiency (e.g. body weight, energy balance, body conditioning score), or Other traits.

2) Indicate frequencies per category if the trait is categorical and specify transformation of data if practiced.

3) Use abbreviations for most common effects (see document with list of abbreviations at [http://www-interbull.slu.se/service\\_documentation/General/list\\_of\\_abbreviations.rtf](http://www-interbull.slu.se/service_documentation/General/list_of_abbreviations.rtf)) and indicate random (R) or fixed (F).

4) Please give economic weights and indicate how they are expressed (preferably in genetic standard deviation units).

## DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEM

June 2012

|  |  |
|--|--|
| <b>Country (or countries)</b>  | France   |
| <b>Main trait group<sup>1</sup></b>                                      | Health   |
| <b>Breed(s)</b>  | Holstein (HOL), Normande, Simmental Française (SIM), Brune (BSW), Pie Rouge des Plaines (RED), Abondance, Tarentaise, Bleue du Nord, Maine Anjou, Flamande, Bretonne Pie Noire, Salers<br>Each breed evaluated separately  |
| <b>Trait definition(s) and unit(s) of measurement<sup>2</sup></b>        | Milk Somatic Cell Count: Monthly SCS: SCS = $\log_2$ (CCS/100000)+3<br>Clinical Mastitis (MACL): the information is 0/1 (0=no clinical mastitis, 1=clinical mastitis) can be recorded during milk recording. It applies to first three lactations and is defined as follows: "At least one event of clinical mastitis recorded during the first 150 days in lactation".  |
| <b>Method of measuring and collecting data</b>                           | Data from Milk Recording. (91% A4, 9% AT). Validations according to National Technical Rules of Milk recording (updated in 2002)   |
| <b>Time period for data inclusion</b>                                    | Lactations started after 01/09/1989  |
| <b>Age groups (e.g. parities) included</b>                               | Parities 1 to 3  |
| <b>Other criteria (data edits) for inclusion of records</b>              | SCS between 5 and 305 days in milk.<br>Additive pre-correction for days in milk and parity in order to take into account for lactations in progress and old lactations with a few counts<br>A selection of lactations per herd*year is done : a herd must declare a minimum of 5% (HOL, NOR, MON) or 3% (minor breeds) lactations with at least one mastitis event (all lactations , with adjustments for herd size)   |
| <b>Sire categories</b>   | All sires  |
| <b>Environmental effects<sup>3</sup>, pre-adjustments</b>                | <ul style="list-style-type: none"> <li>SCS are adjusted for days in milk and parity (additive pre-correction)</li> <li>A weighted average of adjusted SCS is computed as: <math display="block">SCSL = \left[ \frac{\sum R}{\sigma} (SCS_{adj}) \right] / \left[ \frac{\sum R}{\sigma} \right]</math>                     with an individual weight <math>R/\sigma</math> where R is the correlation between the test-day SCS and the average of other SCS and <math>\sigma</math> if the SCS standard deviation for a given number of days in milk.                 </li> <li>SCSL are standardized for parity using a multiplicative factor of 1.15 for 1st parity, 1.08 for 2<sup>nd</sup> parity.</li> </ul> |
| <b>Method (model) of genetic evaluation<sup>3</sup></b>                  | BLUP – ST - RP - AM  |
| <b>Environmental effects<sup>3</sup> in the genetic evaluation model</b> | SSC : PE (R), HY (F) ; Parity*region*year (F), Calving month*parity*region*year (F); Age at calving * parity * region * year (F); Preceding dry period length * parity * region * year (2 <sup>nd</sup> vs 3 <sup>rd</sup> parities) (F)<br>Number of levels : Regions : HOL : 8. Normande : 7;  |

|  |   |
|--|---|
|  | Montbéliarde : 3<br>Age, all breeds : 27; Calving month, all breeds : 12 ; Dry period, all breeds :6<br>Clinical mastitis: Calving month*year, Herd*year, Calving age class*Lactation number*year   |
| <b>Adjustment for heterogeneous variance in evaluation model</b>   | SCS :No<br>Clinical mastitis: - HOL, NOR, MON : Lactation number*year, Area*year<br>- RED, BSW : Lactation number*year  |
| <b>Use of genetic groups and relationships</b>   | Groups of unknown parents defined according to birth year (2 years interval) and region or country origin of the progeny (a total of 8 countries and 260 groups in HOL)   |
| <b>Blending of foreign/Interbull information in evaluation</b>   | No  |
| <b>Genetic parameters in the evaluation</b>  | SCS : $h^2=0.15$ , $t=0.35$<br><br>MACL :<br><ul style="list-style-type: none"> <li>• BSW, RED, HOL : <math>h^2 =0.018</math>, <math>t=0.055</math></li> <li>• NOR : <math>h^2 =0.021</math>, <math>t=0.062</math></li> <li>• MON : <math>h^2 =0.023</math>, <math>t=0.055</math></li> </ul>  |
| <b>System validation</b>   | Correlations between proofs, analysis of variations with addition of new daughters ; Validation of Genetic trend (methods I, II, III)   |
| <b>Expression of genetic evaluations</b><br>If standardised (e.g. RBV), give standardisation formula on PART 2 | SCS : RBV; ( $m= 0$ , $\bar{x}=1$ , positive = less SCC)<br>MACL : RBV; ( $m= 0$ , $\bar{x}=1$ , positive = less MACL)  |
| <b>Definition of genetic reference base</b>  | Yearly rolling base, updated in February: average cows EBV born from (n-8) to (n-6) years.  |
| <b>Next base change</b>  | February 2013 (These bases are updated each year in the 1 <sup>st</sup> evaluation of the year).  |
| <b>Calculation of reliability</b>  | Reliability computed from daughter information only   |
| <b>Criteria for official publication of evaluations</b>  | HOL, MON, Normande, Abondance, Tarentaise: Bulls progeny tested in France, with $REL \geq 0.50$<br>Other breeds: all bulls with $REL \geq 0.50$   |
| <b>Number of evaluations / publications per year</b>   | 3: February, June, October  |
| <b>Use in total merit index<sup>4</sup>(updated at February 2012)</b>  | 1. Use in Udder health Composite<br><br><ul style="list-style-type: none"> <li>• HOL : Udder Health = <math>(0.60 \text{ SCC} + 0.40 \text{ MACL}) / 0.9137</math></li> <li>• Normande: Udder Health = <math>(0.50 \text{ SCC} + 0.50 \text{ MACL}) / 0.9100</math></li> <li>• Montbéliarde: Udder Health = <math>(0.60 \text{ SCC} + 0.40 \text{ MACL}) / 0.9137</math></li> </ul><br>2. Use in ISU= Index de Synthèse UPRA= total merit index<br><br>Defined by each breed:<br>For ISU, Combined fonctionnal proofs are computed by an approximate MT BLUP AM based on precorrected records for |

Functionnal (SCC, Fertility, Longevity), dairy (Milk Yield and Protein content) and type traits (cmb= combined in the following formulae):

- Prim'Holstein (HOL):  $ISU = 19.62 / 0.35 (0.35 SYNT/25.2 + 0.108 SCC + 0.072 MACL + 0.11 \text{ cow fertility} + 0.055 \text{ heifer fertility} + 0.055 \text{ Interval from calving to first service} + 0.05 \text{ longevity} + 0.05 \text{ Milking speed} + 0.15 \text{ Overall conformation}) + 100$   
 With SYNT = 1.079 (Protein Y + 0.1 Fat Y + 0.5 Fat content + Protein Content)  
 (35% Production, 15% Conformation, 22% Female Fertility, 18% Udder Health, 5% Longevity, 5% Milking Speed)
- Normande:  $ISU = 22.11 / 0.40 (0.40 SYNT / 22.45 + 0.0925 SCC + 0.0925 MACL + 0.0775 \text{ cow fertility} + 0.03875 \text{ heifer fertility} + 0.03875 \text{ Interval from calving to first service} + 0.05 \text{ longevity} + 0.03 \text{ Milking speed} + 0.18 \text{ Overall conformation}) + 100$   
 With SYNT = 1.098 (Protein Y + 0.1 Fat Y)  
 (40% Production, 18% Conformation, 15.5% Female Fertility, 18.5% Udder Health, 5% Longevity, 3% Milking Speed)
- Montbéliarde(MON):  $ISU = 23.39 / 0.45 (0.45 SYNT/25.2 + 0.087 SCC + 0.058 MACL + 0.09 \text{ cow fertility} + 0.045 \text{ Heifer fertility} + 0.045 \text{ Interval from calving to first service} + 0.05 \text{ heifer fertility} + 0.05 [TR/Teat-100]/12 + 0.125 [Overall conformation-100]/12) + 100$   
 With SYNT = 1.055 Protein Y + 0.1 Fat Y. + 3 Protein Content + 0.5 Fat content  
 (45% Production, 12.5% Conformation, 18% Female Fertility, 14.5% Udder Health, 5% Longevity, 5% Milking Speed)
- Brune (BSW):  $ISU = 100 + 18.11 * (INEL/20 + 0.50 \text{ cmb SCC} + 0.50 \text{ cmb Fertility} + 0.125 \text{ cmb longevity} + 0.325 \text{ overall type})$   
 (40% Production, 20% SCC, 20% Female Fertility, 15% Conformation, 5% Longevity)
- Pie Rouge (RED) :  $ISU = 100 + 18.09 [SYNT/20 + 0.20 SCC + 0.25 \text{ Cow Fertility} + 0.20 LGFC + 0.25 (Overall Conformation - 100)/12]$   
 with SYNT = 0.99 [ Prot Y + 0.2 \* Fat Y + 2 \* Prot content + Fat content]

For more details: see Ducrocq et al, 2001

|  |  |
|--|--|
| <b>Anticipated changes in the near future</b>                        |  |
| <b>Key reference on methodology applied</b>                          | Boichard D. and Rupp R., 1997: Genetic analysis and genetic evaluation for somatic cell score in French dairy cattle, Gift workshop, June 8-10 1997, Uppsala, Sweden<br>Ducrocq V. , Boichard D. , Barbat A. , and Larroque H, 2001 : Multitrait evaluation and total merit Index. EAAP Meeting, Budapest, 26-28 August 2001 |
| <b>Key organization: name, address, phone, fax, e-mail, web site</b> | Computing:<br>INRA<br>Génétique Animale et Biologie Intégrative (GABI)   |

---

Domaine de Vilvert  
F78352 Jouy en Josas cedex  
Mail: [didier.boichard@dga.jouy.inra.fr](mailto:didier.boichard@dga.jouy.inra.fr)  
Phone : +33 1 34 6 5 22 04, Fax : +33 1 34 65 22 10  
<http://www.jouy.inra.fr/gabi>

Publishing:  
Institut de l'Élevage  
149 Rue de Bercy  
F75595 Paris cedex 12  
Mail: [sophie.mattalia@idele.fr](mailto:sophie.mattalia@idele.fr)  
Web site : [www.idele.fr](http://www.idele.fr)

---

1) Either: Production (e.g. milk, fat, protein), Conformation, Health (e.g. mastitis resistance, milk somatic cell, resistance to diseases other than mastitis), Longevity, Calving (e.g. stillbirth, calving ease), Female fertility (e.g. non-return rate, interval between reproductive events, number of AI's, heat strength), Workability (e.g. milking speed, temperament), Beef production, Efficiency (e.g. body weight, energy balance, body conditioning score), or Other traits.

2) Indicate frequencies per category if the trait is categorical and specify extension or transformation of data if practiced.

3) Use abbreviations for most common effects (see document with list of abbreviations at [http://www-interbull.slu.se/service\\_documentation/General/framesida-general.htm](http://www-interbull.slu.se/service_documentation/General/framesida-general.htm)) and indicate random (R) or fixed (F).

4) Please give economic weights and indicate how they are expressed (preferably in genetic standard deviation units).

## DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEM

**Country (or countries)** France  
**Main trait group** Health  
**Breed (repeat as necessary)** Holstein

| Trait             | Breed         | Definition                     | $h^2^*$ | genetic variance* | official proof standardisation formula**                                 |
|-------------------|---------------|--------------------------------|---------|-------------------|--|
| Milk Somatic Cell | all breeds    | Somatic Cell Score, 3 parities | 0.15    | 1                 | $a = 0, b = -0.5, c = 1$<br>d=rolling base (computed at each release)    |
| Clinical Mastitis | HOL, BSW, RED |                                | 0.018   | 1                 | $a = 0, b = -0.0412, c = 1$<br>d=rolling base (computed at each release) |
|                   | NOR           |                                | 0.021   | 1                 | $a = 0, b = -0.0994, c = 1$<br>d=rolling base (computed at each release) |
|                   | MON           |                                | 0.023   | 1                 | $a = 0, b = -0.0435, c = 1$<br>d=rolling base (computed at each release) |

\*If lactations are treated as separate traits, provide heritability estimates and genetic variances separately for each lactation, as well as for all lactations pooled, i.e. for the trait submitted to Interbull.

\*\*Expressed as follows:

StandEval= $((eval-a)/b)*c+d$  where a=mean of the base adjustment, b=standard deviation of the base, c=standard deviation of expression (include sign if scale is reversed), and d=base of expression.



## DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEMS

| Country (or countries)<br>Main trait group <sup>1</sup>   | (DFS), Denmark, Finland, Sweden   |
|---|---|
| <b>NOTE!</b> Only one trait group per form!   | Udder Health  |
| <b>Breed(s)</b>   | Holstein  |
| <b>Trait definition(s) and unit(s) of measurement<sup>2</sup></b><br>Attach an appendix if needed | <p>TD Somatic Cell Score ln(SCC), mean=4.37 lact 1<br/>         - " - , - " - mean=4.75 lact 2<br/>         - " - , - " - mean=4.94 lact 3</p> <p>Clinical mastitis as 0 or 1, -15 - 50 DIM, mean=.092 lact. 1<br/>         - " - , 51 - 300 DIM, - " -=.091 lact. 1<br/>         - " - , -15 - 150 DIM, - " -=.157 lact. 2<br/>         - " - , -15 - 150 Dim, - " -=.192 lact. 3</p> <p>Fore udder attachment , - " - =5.8 lact. 1<br/>         Udder depth , - " - =6.1 lact. 1</p>  |
| <b>Method of measuring and collecting data</b>  | <p>Traits 1-3: Milk recording<br/>         Traits 4-7: Veterinary reporting and from milk recording scheme<br/>         Traits 8-9: Linear traits done by classifiers</p>   |
| <b>Time period for data inclusion</b>   | <p>Denmark Calvings since 1990<br/>         Finland Calvings since 1988<br/>         Sweden Calvings since 1981</p>   |
| <b>Age groups (e.g. parities) included</b>  | Lactations 1-3  |
| <b>Other criteria (data edits) for inclusion of records</b>                                       | <p>Somatic cellcount: first inclusion after 90 days<br/>         Mastitis records are included 10 days ( 1 for Denmark) after the end of recording period</p>   |
| <b>Criteria for extension of records (if applicable)</b>  | Not applicable  |
| <b>Sire categories</b>  | AI-sires and NS-sires   |
| <b>Environmental effects<sup>3</sup>, pre-adjustments</b>   | <p>Heterogeneous variance due calving year, lactation and country<br/> <math display="block">\text{Corr. } Y_{ijkl} = (y-m)\text{std}(\text{year}_m)/\text{std}(\text{year}_{ij}) + m</math>         l, j and l refers to year, lactation and country, std(year<sub>m</sub>) is the unweighted mean of lactation standard deviations, and m is overall mean</p>   |
| <b>Method (model) of genetic evaluation<sup>3</sup></b>   | Multiple-trait-reduced-rank-random-regression-test-day-animal-model   |
| <b>Environmental effects<sup>3</sup> in the genetic evaluation model</b>                          | <p><b>TDSCS observation: Fixed:</b> Herd*period, calving age*country, Year*month*country of calving, stage of lactation(lin.+quad.+cub. Legendre Polynomials+wilmink term) within production month x four-year production year periods and b(Total Heterosis).</p> <p><b>TDSCS observation: Random:</b> herd x test-day.</p> <p><b>CM and udder type traits: Fixed:</b> Herd*period, calving age*country, Year*month*country of calving, and b(Total Heterosis).</p> <p><b>CM and udder type traits: Random:</b> herd*year of calving</p> |
| <b>Adjustment for heterogeneous variance in evaluation model</b>                                  | No adjustments  |

|  |  |
|--|--|
| <b>Use of genetic groups and relationships</b>   | Phantom parent groups by selection path, year of birth and breed; full Relationships matrix  |
| <b>Blending of foreign/Interbull information in evaluation</b>   | No blending  |
| <b>Genetic parameters in the evaluation</b>  | Use Appendix GE for heritability/genetic variance estimates; for multiple-trait genetic evaluations, provide genetic correlation estimates between traits separately.<br>Use <b>also</b> appendices PR, CO, BCO, SM, LO, CA, as applicable, if you participate in the international genetic evaluations of Interbull |
| <b>System validation</b>   | The genetic evaluation has been validated according to Interbull methods 1 and 3. Additional information on correlations and regressions between breeding values from full and reduced dataset has been used.  |
| <b>Expression of genetic evaluations</b><br>If standardised (e.g. RBV), give standardisation formula in the appendix | RBV, mean 100, SD=10, High values are favourable   |
| <b>Definition of genetic reference base</b>  | Base is sires born 9 to 7 years before evaluation date.  |
| <b>Next base change</b>  | The base changes every evaluation  |
| <b>Calculation of reliability</b>  | Selection index theory based on number of daughters in each breed, genetic correlations and economic weights   |
| <b>Criteria for official publication of evaluations</b>  | All sires having reliabilities > 0.40  |
| <b>Number of evaluations / publications per year</b>   | 4 evaluations per year   |
| <b>Use in total merit index<sup>4</sup></b>  | Yes  |
| <b>Anticipated changes in the near future</b>  | None   |
| <b>Key reference on methodology applied</b>  |  |
| <b>Key organisation: name, address, phone, fax, e-mail, web site</b>   | Nordic Cattle Genetic Evaluation<br>Danish Agricultural Advisory Service<br>Udkaersvej 15, DK8200 Aarhus N, Denmark<br><a href="mailto:gap@landscentret.dk">gap@landscentret.dk</a><br><a href="http://www.nordicebv.info">http://www.nordicebv.info</a>   |

1) Either: Production (e.g. milk, fat, protein), Conformation, Health (e.g. mastitis resistance, milk somatic cell, resistance to diseases other than mastitis), Longevity, Calving (e.g. stillbirth, calving ease), Female fertility (e.g. non-return rate, interval between reproductive events, number of AI's, heat strength), Workability (e.g. milking speed, temperament), Beef production, Efficiency (e.g. body weight, energy balance, body conditioning score), or Other traits.

2) Indicate frequencies per category if the trait is categorical and specify transformation of data if practiced.

3) Use abbreviations for most common effects (see document with list of abbreviations at [http://www-interbull.slu.se/service\\_documentation/General/list\\_of\\_abbreviations.rtf](http://www-interbull.slu.se/service_documentation/General/list_of_abbreviations.rtf)) and indicate random (R) or fixed (F).

4) Please give economic weights and indicate how they are expressed (preferably in genetic standard deviation units).

|                                     |                                  | Parameters used in genetic evaluation |   |
|-------------------------------------|----------------------------------|---------------------------------------|---|
| <b>Country (or countries):</b>      |                                  | (DFS), Denmark, Finland, Sweden       |   |
| <b>Main trait group:</b>            |                                  | Health                                |   |
| <b>Breed (repeat as necessary):</b> |                                  | Holstein                              |   |
| Trait                               | $h^{2b}$                         | Genetic variance <sup>b</sup>         | official proof standardisation formula <sup>c</sup>   |
| 1-3 HOL TDSCS                       | 0.23<br>(combined overall 0.37)  | 12876.4                               | $TDSCS1 = -1 * ((eval-0)/85.2150468) * 10.0 + 100$<br>$TDSCS2 = -1 * ((eval-0)/101.9457717) * 10.0 + 100$<br>$TDSCS3 = -1 * ((eval-0)/105.0692787) * 10.0 + 100$<br>$CombinedTDSCS = TDSCS1 * 0.5 + TDSCS2 * 0.2 + TDSCS3 * 0.3$<br>$CombinedTDSCS = ((eval-0)/92.525) * 10 + 100$  |
| 4-7 HOL Mastitis                    | 0.066<br>(combined overall 0.15) | 0.0064                                | $CM11 = -1 * ((eval-0)/0.0478906) * 10.0 + 100$<br>$CM12 = -1 * ((eval-0)/0.0385743) * 10.0 + 100$<br>$CM2 = -1 * ((eval-0)/0.0662855) * 10.0 + 100$<br>$CM3 = -1 * ((eval-0)/0.0750290) * 10.0 + 100$<br>$Combined CM = CM11 * 0.25 + CM12 * 0.25 + CM2 * 0.3 + CM3 * 0.2$<br>$Combined CM = ((eval-0)/0.0536) * 10 + 1000$<br><br>$I = -1 * ((bv-0)/0.0418876) * 10.0 + 100;$ |

<sup>a</sup> Indicate, with X, traits that are submitted to Interbull for international genetic evaluations.

<sup>b</sup> If repeated records are treated as separate traits, provide heritability estimates and genetic variances separately for each trait, as well as for all traits pooled, i.e. for the trait submitted to Interbull.

<sup>c</sup> Expressed as follows:  
 $StandEval = ((eval-a)/b) * c + d$  where a=mean of the base adjustment, b=standard deviation of the base, c=standard deviation of expression (include sign if scale is reversed), and d=base of expression.

Status as of: 2016-04-04

**DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEM AND  
TREND VALIDATION FOR MILK SOMATIC CELL AND CLINICAL MASTITIS**

|   |   |
|---|---|
| <b>COUNTRY:</b>   | Canada  |
| <b>BREED (repeat as necessary):</b>   | Holstein, Ayrshire, Guernsey, Jersey, Brown Swiss, Canadienne and Milking Shorthorn   |
| <b>Trait definitions and units of measurement</b><br>Attach an appendix if needed | SCS Data: SCC within a 24-hour test period<br>Proofs: Average daily SCS across lactations 1,2 and 3<br>Mastitis: Observed Clinical Mastitis   |
| <b>Criteria for inclusion of records</b>  | SCS: Includes all test day records between 5 and 305 days in milk (DIM) for animals with a known sire registration number. Test day records may be measured as supervised or unsupervised based on all milkings within 24 hours or an AM/PM program with timers.<br>Mastitis: Records from herds that records mastitis  |
| <b>Criteria for extension of records</b>  | No extension of records is required.  |
| <b>Time period for data inclusion</b>   | SCS: Cows which first calved since January 1, 1988 plus historical pedigree information (3 generations).<br>Mastitis: Records since April 2007  |
| <b>Sire categories</b>  | All bulls with progeny information including domestic and foreign AI bulls plus natural service herd sires.   |
| <b>Max. number of lactations per cow included in the evaluation</b>               | SCS: Actual test day records for lactations 1, 2 and 3 with equal weights for lactation, but AM/PM tests receiving a weight of .88.<br>Mastitis: Records from all lactations  |
| <b>Environmental effects*, pre-adjustments</b>                                    | SCS: Heterogeneous herd-test day-parity, adjustment factors are estimated at every run.   |
| <b>Method (model) of genetic evaluation*</b>                                      | SCS: ML (1, 2, 3) - RR – TD -BLUP– AM<br>Mastitis: MT animal model including Mastitis in first lactation as a separate trait from mastitis in later lactations  |
| <b>Environmental effects* in the genetic evaluation model</b>                     | SCS: Fixed: Herd-test day-parity (some are divided into management groups),<br>DIM by trait and Parity, and<br>Legendre curves for Year-Season-Region-Parity–Age of calving<br>combinations (region only for Holstein, Year for HOL, AYS and JER)<br>Random: Animal Legendre curve, Herd-year Legendre curve<br>Legendre curve for permanent environment<br>Legendre curves used are 4 <sup>th</sup> order polynomials (all breeds)<br>Mastitis: Fixed: Herd –parity, Year-season-parity, age-season-parity<br>Random: herd-year-parity |
| <b>Use of genetic groups</b>  | Phantom parent groups are defined separately for Canadian versus foreign ancestry according to birth year   |
| <b>Blending of foreign/Interbull information in evaluation</b>                    | SCS: Blending after iteration<br>Mastitis: No blending  |
| <b>Adjustment for heterogeneous variance in evaluation model</b>                  | SCS: Yes, see pre-adjustments<br>Mastitis: No   |
| <b>Genetic parameters in the evaluation</b>                                       | SCS: heritability: AYR: 0.16, BSW 0.19, GUE 0.18, HOL 0.18, JER 0.18<br>Form GE for production contains additional details<br>Mastitis: Heritability 1 <sup>st</sup> : 0.028, Later 0.047   |
| <b>System validation</b>  |   |

|  |  |
|--|--|
| <b>Expression of genetic evaluations</b><br>If standardised (e.g. RBV), give standardisation formula on PAGE 3 | SCS: Calculated within each lactation, standardized to equal variance then averaged across lactations for each bull's published proof. Lower is desired<br>Mastitis: Proof is expressed as the relative breeding value (RBV) with mean 100 and standard deviation of 5. Higher value is desired.   |
| <b>Genetic (reference) base</b><br><b>Next base change</b>   | SCS: Rolling cow base updated every Year based on cows with test day records included in genetic evaluations associated with a calving date during the calendar year three years previous (ie: calving for lactation 1, 2 or 3 in 1996 for 1999 evaluations).<br>Mastitis: 10 year bull base updated every year  |
| <b>Criteria for official publication of evaluations</b>  | HOL:<br>minimum of 20 daughters with test day records passed 120 DIM in at least 10 herds and minimum reliability of 70% for protein<br>AYS, JER:<br>minimum of 20 daughters with test day records passed 90 DIM in at least 10 herds and minimum reliability of 65% for protein<br>GUE, BSW, Canadienne and Milking Shorthorn:<br>minimum is 10 daughters, 5 herds and 60% reliability<br>Holstein foreign-proven bulls require minimum reliability of 85%.<br>Mastitis: A bull should have a type proof based on a minimum of 20 daughters in at least 10 herds with reliability of at least 45. |
| <b>Number of evaluations / publications per year</b>   | Three evaluations per year   |
| <b>Use in production / total merit index</b>   | Currently SCS is used in the LPI for BSW and GUE, for the other breeds Mastitis is used as part of the LPI. The LPI formula is update every year and the exact formula is available on our website: <a href="http://www.cdn.ca/articles.php">http://www.cdn.ca/articles.php</a>  |
| <b>Anticipated changes in the near future</b>  |  |
| <b>Key reference on methodology applied</b>  | Schaeffer, L. R., J. Jamrozik, G. J. Kistemaker, and B. J. Van Doormaal. 2000. Experience with a test day model. J. Dairy Sci. 83:1135-1144<br>Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and F. Grignola. 1998. Genetic parameters for production traits and somatic cell score of Canadian Holsteins with multiple trait random regression model. 6WCGALP. 23:303-306.<br>Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, Z. Liu, and G. Jansen. 1997. Multiple trait random regression test day model for production traits. Interbull Bulletin No. 16:43.   |
| <b>Key organization: name, address, phone, fax, e-mail, web site</b>   | Canadian Dairy Network, 660 Speedvale Avenue West<br>Suite 102<br>N1K 1E5, Guelph, Ontario, Canada<br>Tel:- 1-519 767 9660<br>Fax:- 1 519 767 6768<br>Web:- <a href="http://www.cdn.ca">www.cdn.ca</a><br>E-mail: <a href="mailto:vandoorm@cdn.ca">vandoorm@cdn.ca</a>   |

\*Use abbreviations for most common effects (see document with list of abbreviations at [http://www-interbull.slu.se/service\\_documentation/General/framesida-general.htm](http://www-interbull.slu.se/service_documentation/General/framesida-general.htm)) and indicate random (R) or fixed (F)

Vydal Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.  
Přátelství 815, 104 00 Praha Uhřetěves

Název Struktura, sestavení a udržování databáze onemocnění dojeného skotu v rámci kontroly  
užitkovosti

Autoři Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. (podíl práce 60 %)  
Ing. Jiří Bauer, Ph.D. (podíl práce 5 %)  
MVDr. Petr Fleischer, Ph.D. (podíl práce 10 %)  
Ing. Lenka Krpálková, Ph.D. (podíl práce 5 %)  
Ing. Eva Kašná, Ph.D. (podíl práce 10 %)  
Ing. Stanislav Staněk, Ph.D. (podíl práce 5 %)  
MVDr. Soňa Šlosárková, Ph.D. (podíl práce 5 %)

Oponenti: Ing. Zdenka Majzlíková  
Česká plemenářská inspekce, Praha  
  
doc. Ing. Juraj Candrák, CSc.  
Katedra genetiky a plemenářskej biológie (FAPZ)  
Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre

ISBN 978-80-7403-149-6

Dedikace: Metodika byla vypracována v rámci řešení výzkumného projektu NAZV QJ1510217

Vydáno bez jazykové úpravy

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

Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.  
Přátelství 815  
104 00 Praha Uhřetěves

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