VUVeL VÝZKUMNÝ ÚSTAV VETERINÁRNÍHO LÉKAŘSTVÍ, v.v.i.

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

Benchmarking zdraví v chovech dojcnčho skotu

doc. MVDr. Alena Pechová, CSc.
MVDr. Petr Fleischer, Ph.D.
doc. MVDr. Soňa Šlosárková, Ph.D.

148
2023

Original Paper *Czech Journal of Animal Science, 68, 2023 (11): 433–442*

https://doi.org/10.17221/86/2023-CJAS

The most common reproductive disorders of cows in Holstein cattle breeding

Eva Kašná[1], Ludmila Zavadilová[1], Zuzana Krupová[1], Soňa Šlosárková[2], Petr Fleischer[2]*

[1]*Institute of Animal Science, Prague, Czech Republic*
[2]*Veterinary Research Institute, Brno, Czech Republic*
**Corresponding author: kasna.eva@vuzv.cz*

Citation: Kašná E., Zavadilová L., Krupová Z., Šlosárková S., Fleischer P. (2023): The most common reproductive disorders of cows in Holstein cattle breeding. Czech J. Anim. Sci., 68: 433–442.

Abstract: The paper deals with the genomic evaluation of retained placenta (RP), metritis/endometritis (MET), and cystic ovarian disease (CYS) and their involvement in the selection programme of Holstein cattle. A procedure for the estimation of genetic parameters and genomic breeding values was proposed. The dataset included farmers' records of 127 000 lactations from 109 farms for RP, 185 000 lactations from 131 farms for MET and 115 000 lactations from 87 farms for CYS. The lactational incidence was 6.9% (RP), 12.8% (MET) and 9.2% (CYS). The single-trait animal model equation included fixed effects of herd-year-season of calving and parity of the cow, random direct additive genetic effect, random permanent environmental effect and residual effect. The single-step genomic prediction (ssGBLUP) was based on more than 50 000 SNP-genotyped individuals. Heritability for all traits did not exceed 2%. Favourable correlations were found between reproductive disorders resistance, fertility and longevity traits. The correlation between CYS and milk protein yield indicated a genetic predisposition to cystic ovarian disease in high-producing cows. All significant correlations between health traits (clinical mastitis, claw and feet disorders, reproductive disorders) were positive, indicating that the selection for improvement of one health trait would induce a favourable selection response in the others.

Keywords: dairy cattle; retained placenta; uterine inflammation; ovarian cysts; genetic parameters; single-step genomic prediction

Original Paper *Czech Journal of Animal Science, 65, 2020 (12): 463–472*

https://doi.org/10.17221/151/2020-CJAS

Genetic parameters for clinical mastitis in Czech Holstein cattle

Ludmila Zavadilová, Eva Kašná, Zuzana Krupová, Michaela Brzáková

Institute of Animal Science, Prague – Uhříněves, Czech Republic
**Corresponding author: zavadilova.ludmila@vuzv.cz*

Citation: Zavadilová L., Kašná E., Krupová Z., Brzáková M. (2020): Genetic parameters for clinical mastitis in Czech Holstein cattle. Czech J. Anim. Sci., 65: 463–472.

Abstract: Genetic parameters were estimated for clinical mastitis in Czech Holstein cattle. The datasets included 14 329 cows with 28 626 lactations. Clinical mastitis was defined as 0/1 occurrence per lactation. Single- or multi-trait repeatability linear animal models were employed for estimation of (co)variances and prediction of conventional or genomic breeding values. The inclusion of the random herd-year-month effect in the model was analysed. The estimated heritability for clinical mastitis ranged from 2.10% to 2.72%, while permanent environmental variance ratios or random herd-year-month effect ratios were twice higher than heritability. In the multi-trait models, udder type traits, such as fore udder attachment, rear udder attachment, rear udder width, front teat placement and udder depth, were employed. The highest genetic correlations of clinical mastitis occurred with rear udder width (0.41) and the lowest with front teat placement (–0.10). Both the multi-trait model and the genomic model provided breeding value estimates with higher reliability. In contrast, the model with random herd-year-season effects provided breeding values with lower accuracy.

Keywords: dairy cow; udder health; heritability; genomic breeding values; multi-trait model

Clinical mastitis (CM) in dairy cattle has significant negative impacts on animal welfare and the quality of produced milk and fundamentally affects the profitability of dairy cattle farms. The adjustment of environmental conditions can positively influence the prevalence of clinical mastitis in dairy herds. However, resistance to udder diseases in cattle breeds can be increased by selection.

CM traits generally show a lower heritability (up to 10%) (Martin et al. 2018). The positive results of genetic selection were demonstrated previously. Heringstad et al. (2001) affirmed the positive effect of genetic selection on the genetic trend of clinical mastitis in a Norwegian cattle population, where clinical mastitis was a part of the selection goal from 1978.

Currently, health data monitoring is applied for example in the USA, Canada, Austria, Germany, Australia and in the Czech Republic (Kasna et al. 2017).

Although CM is mostly binary, i.e. expressed as 0/1, a linear animal model is regularly used for routine estimates of CM breeding values. Even though a threshold model provides slightly higher estimates of heritability (Carlen et al. 2006), the linear approach is not as computationally demanding compared to the threshold analysis, and the resulting breeding values are not significantly different from those obtained by the threshold model.

As auxiliary traits for CM, in addition to somatic cell scores, udder-type traits are often used. As the best linear type predictor of udder health, udder

Supported by the Ministry of Agriculture of the Czech Republic, (institutional support MZERO0718), and by the National Agency for Agricultural Research (Project No. QK1910320).

VÚZV Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

CERTIFIKOVANÁ METODIKA

ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT NA ZVÝŠENÍ ODOLNOSTI VŮČI NEMOCEM PAZNEHTŮ U HOLŠTÝNSKÉHO SKOTU

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

Oponenti
Ing. Zdenka Majzlíková
Česká plemenářská inspekce, Praha
doc. Ing. Karel Mach, CSc.
emeritní docent
Katedra genetiky a šlechtění
Česká zemědělská univerzita v Praze

Metodika byla vypracována v rámci řešení projektu QK1910320

„Výzkum postupů šlechtění dojeného skotu s cílem zvýšit odolnost k nemocem využitím genomických plemenných hodnot, rozvoje systému sběru zdravotních dat a cílené genotypizace skotu"

Národní agentury pro zemědělský výzkum Ministerstva zemědělství ČR

Předkladatel: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.
se sídlem Přátelství 815, 104 00 Praha Uhříněves
zastoupený doc. Ing. Petrem Homolkou, CSc., Ph.D., ředitelem
Tel.: 267 009 511 (ústředna)
Fax: + 420 267 710 779
www: http://www.vuzv.cz
e-mail: vuzv@vuzv.cz
Zástupcem autorského týmu je Ing. Ludmila Zavadilová, CSc.

Evidence a analýzy zdravotních dat v Deníku nemocí a léčení

MVDr. Soňa Šlosárková, Ph.D.[1], MVDr. Petr Fleischer, Ph.D.[1], doc. MVDr. Alena Pechová, CSc.[2], Ing. Eva Kašná, Ph.D.[2]
[1]*Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.*
[2]*Veterinární univerzita Brno*
[3]*Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.*

Chovatelé dojeného skotu by měli vědět, že od roku 2022 vstupují v platnost nová nařízení EU, kterými jsou nařízení o medikovaných krmivech (EC) 2019/4 s formulovaným úplným zákazem preventivního užívání antimikrobik ve formě medikovaného krmiva a zejména nařízení (EC) 2019/6 o veterinárních léčivých přípravcích (VLP), které výslovně omezuje užívání antimikrobních přípravků následujícím způsobem:

- nepodávají se rutinně (tj. bez konkrétního odůvodnění, což se týká např. zaprahování),
- nejsou používány ke kompenzaci špatné hygieny, nepřiměřených podmínek chovu nebo nedostatečné péče,
- nejsou používány ke kompenzaci špatného řízení hospodářství.

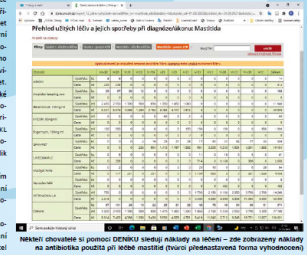
V souvislosti s těmito nařízeními vzniká nově pro ČR povinnost hlásit celkově za republiku spotřebu vybraných léčivých přípravků, zejména antimikrobik do EU, přičemž poprvé bude toto hlášení předáváno v roce 2024, tj. bude vykazována spotřeba antimikrobik za rok 2023. Znamená to tedy, že od 1. 1. 2023 začíná povinnost důsledné spotřebu u skotu evidovat a hlásit národní autoritě, kterou bude Ústav pro státní kontrolu veterinárních biopreparátů a léčiv (ÚSKVBL). Významný posun nastal v tom, kdo a jak bude muset hlášení podávat. Aktuálně platí plán, že spotřeby vybraných veterinárních léčivých přípravků (VLP, (jednodušeně léčiv) budou muset národní autoritě hlásit soukromí veterinární lékaři mající IČ, s údajem, na kterém hospodářství bylo léčivo spotřebováno a u kterého druhu (a které kategorie) hospodářského zvířete se tak stalo. konkrétně tedy budou vet. lékaři průběžně předávat své elektronické dodací listy nakupovaných VLP a v nich doplní, kolik balení vybraných léčiv charakterizovaných příslušným kódem balení, tzv. SUKL kódem, spotřebovali a na kterém číslu hospodářství u skotu (dojeného či masného), kolik u prasat (ve výkrmu), či drůbeže.

Uvedená opatření EU souvisí se zvýšujícím se tlakem na racionální používání a snižování spotřeby antimikrobik vzhledem k riziku celosvětové narůstající antimikrobní rezistence.

Vzhledem k důrazu na uvážlivé a racionální užívání antimikrobik, resp. zpřísňování podmínek jejich užívání, bude každý chovatel do budoucna čím dále více potřebovat přesné a jednoduše zpracovatelné informace o spotřebě jednotlivých léčiv na farmě včetně důvodů jejich užívání. Takovou službu může zajistit pouze elektronická evidence, která navíc poskytne chovateli kontinuální přehled o tom, kde, kolik a kterých skupin léčiv (především antimikrobik/antibiotik) průběžně používal/používá. Tato data poslouží k posouzení, zda se použití rizikových léčiv děje opravdu pouze v nezbytných případech, nebo zda je jejich užití zbytné a lze zakročit i jinak, tj. pro následné zabudování správných cílených postupů vedoucích ke snižování nemocností, a tudíž spotřeby rizikových léčiv. V chovu dojeného skotu v ČR se také plánuje zavedení dobrovolné certifikace chovů dojeného skotu v oblasti zdraví, především zdraví mléčné žlázy, a v oblasti kvantity i kvality spotřeby antimikrobik, na kterou by mohla být navázána dotační politika.

K evidenci zdravotních událostí včetně léčení a následné k zlepšení přehledů reálné spotřeby léčiv/antimikrobik i důvodů jejich užití slouží speciálně vybudovaný software DENÍK NEMOCÍ A LÉČENÍ (dále jen DENÍK). Tento počítačový program, resp. webovou aplikaci (WA) někteří chovatelé dojeného skotu znají a již od roku 2017 používají, protože od toho roku běží v rámci webu ČMSCH, a. s. pro všechny zájemce z řad chovatelů zdarma.

DENÍK slouží k zaznamenávání výskytu zdravotních poruch, jejich léčby a preventivních úkonů u všech věkových kategorií dojeného skotu, přičemž na vyžádání je dostupný i pro masný skot. Kromě usnadnění vlastní evidence dat, díky automatizovaným procesům jejich propisování např. ochranných lhůt, šarží léků, kategorií zvířat apod., poskytuje digitalizace zápisu výhodu dohle-



Někteří chovatelé si pomocí DENÍKU sledují náklady na léčení – zde zobrazený náklady na antibiotika použitá při léčbě mastitid (tvůrci přednastavená forma vyhodnocení)

Dojený skot

Jak dál ve šlechtění na zdravotní znaky dojeného skotu v ČR?

Dobrý zdravotní stav je základní podmínkou vysoké a dlouhodobé užitkovosti dojnic. Je neodmyslitelně spojen s pohodou zvířat a kladně se odrazí v dobré plodnosti a dlouhověkosti. Základními pilíři při hodnocení zdravotního stavu dojnic jsou končetiny a vemeno. Na ně je zaměleno zlepšování podmínek chovu a zároveň i snahy šlechtitelů zvýšit odolnost chovaného skotu proti nemocem jak vemene, tak končetin.

Využívá se množství preventivních opatření, které vznikly na základě prohloubení znalostí fyziologie zvířat a mechanismu vzniku a průběhu onemocnění. Zároveň se značně prohloubily znalosti genetiky, molekulární i populační, se zásadním dopadem do šlechtění jak hospodářských zvířat, tak rostlin. Propojení znalostí genů a matematicko-statistických pravidel populační genetiky dalo vzniknout zcela novému směru nazvaném genomická selekce. Tato metoda výrazně urychlila selekční pokrok u mnoha vlastností hospodářských zvířat i produkčních rostlin.

Masivní použití genomické selekce u holštýnského skotu vedlo v posledních desetiletích k podstatnému zkrácení generačního intervalu, a tudíž i k urychlení genetického pokroku (Georges et al. 2019). U nové dobře sekvenovaných znaků, jako je např. počet somatických buněk v mléce, které slouží jako ukazatele zdraví vemene, byl dosažen genetický pokrok až o 300-400 %, jak se ukázalo při vyhodnocení dopadu sedmi let genomické selekce na dojný skot v USA (Garcia-Ruiz et al. 2016). Při šlechtění na zvýšení odolnosti vůči onemocněním paznehtů či vůči klinické mastitidě, což jsou různé dědivé znaky, se genomická selekce tudíž jeví jako velice vhodný postup.

Základním předpokladem stanovení plemenné hodnoty je znalost fenotypu, projevu vlastnosti. Z toho důvodu mimo jiné vznikaly systémy kontroly užitkovosti populací hospodářských zvířat. V dnešní době se setkáváme se širokou škálou různých druhů sběru dat o zvířatech od pravidelné měsíční kontroly přes nepřetržité sledování a zaznamenávání velkého množství údajů o zvířatech pomocí automatizovaných systémů. Je zřejmé, že tento přístup má dvě slabé stránky. Jednak jde uplatnit pouze v technicky vypělých společnostech vybavených počítači a systémem Čelé, která data zaznamenávají. Nelze již spoléhat na manuální měření a zaznamenávání. Výhodou je, že se ušetří lidská práce, ovšem s tím, že je potřeba investovat do systémů a jejich údržby, kalibrace čidel a měřidel. Další silnou i slabou stránkou systému je vyhodnocování a použití zaznamenaných údajů. Při velkém rozsahu údajových souborů např. při denním sledování je třeba dobře nastavit a zautomatizovat i vyhodnocení. Výsledníci celého procesu zaznamenávání a sběru dat o zvířatech musí být aktuální a pochopitelná, zároveň dobře využitelná zpráva pro koncového uživatele. Na tomto principu v současnosti pracuje mnoho dojírenských programů, které většinou podávají zprávy a hlášení chovateli o jeho stádu. V případě šlechtění je požadovaný výstup z automatizovaných systémů sběru dat fenotyp zvi-