

# *Kengetallen*

## **E-27**

### **Fokwaarde Uiergezondheid**

#### ▪ **Inleiding**

Klinische mastitis is een van de belangrijkste dierziekten bij melkvee. Er zijn management-strategieën ontwikkeld die kunnen helpen bij het reduceren van klinische mastitis op bedrijven. Genetische selectie is een andere strategie om het voorkomen van mastitis te verminderen. Alhoewel genetische selectie een langzaam proces is, resulteert het wel in een permanente verandering van de genetische weerstand van de veestapel tegen mastitisinfecties.

Klinische mastitis is de direct zichtbare vorm van mastitis. Daarnaast is er nog subklinische mastitis, die alleen tot uiting komt in een verhoging van het celgetal in de melk. Wanneer we tegen mastitis willen fokken dan betekent dit direct dat we de gezondheid van het uier willen verbeteren. Vandaar dat er een index voor uiergezondheid is ontwikkeld, de uiergezondheidsindex (afgekort *UGH*), waarmee zowel de incidentie van klinische mastitis als van subklinische mastitis kan worden teruggedrongen.

Erfelijke vooruitgang hangt van vier dingen af: betrouwbaarheid van fokwaarden, erfelijkheidsgraad, spreiding en selectie-intensiteit. Door zoveel mogelijk goede informatie te benutten worden de aanwezige genetische verschillen meer expliciet gemaakt, en worden ze zo betrouwbaar mogelijk geschat. Dit resulteert in stabielere schattingen van genetisch aanleg (fokwaarden). Voor verbetering van de aanleg in de veestapel is het aanwezig zijn van voldoende genetische variatie een belangrijke voorwaarde. Voor mastitis is het bestaan van genetische variatie aangetoond, wat betekent dat selectie mogelijk is.

Helaas bemoeilijkt de lage erfelijkheidsgraad van mastitis het om fokwaarden voor mastitis te schatten met een hoge betrouwbaarheid. Maar een mastitis infectie heeft grote invloed op het melkcelgetal. Of een koe een infectie heeft opgelopen kan dus afgelezen worden aan het verloop van het celgetal in de melk gedurende de lactatie. Het grote voordeel hiervan is dat melkcelgetal routinematig in de melkcontrole wordt bepaald, zodat er een constante stroom betrouwbare data beschikbaar is om fokwaarden mee te schatten.

Bij de huidige fokwaardeschatting voor *UGH* wordt gebruik gemaakt van zowel celgetalgegevens als van klinische mastitisgegevens. De klinische mastitisgegevens worden sinds 2016 in de fokwaardeschatting gebruikt en zijn gebaseerd op registraties van melkveehouders. Subklinische mastitis wordt afgeleid uit de celgetal gegevens. Daarnaast worden aan de hand van celgetalgegevens een aantal verschillende celgetal kenmerken gedefinieerd. Deze extra kenmerken hebben een dermate hoge correlatie met klinische en subklinische mastitis dat er betrouwbare fokwaarden voor klinische en subklinische mastitis geschat kunnen worden.

Met behulp van de gebruikte methodiek is het mogelijk om voor stieren met een dochtergroep uit de proefperiode een uiergezondheidsindex te berekenen met een betrouwbaarheid tussen de 80 en 85%. Dat betekent dat de fokwaarden van stieren een spreiding laten zien die ongeveer gelijk is aan 90% van de totale genetische spreiding.

Dit document geeft een beschrijving van de gebruikte gegevens, kenmerken en model om te komen tot een index voor uiergezondheid.

#### ▪ **Definitie van uiergezondheid**

Wat is een gezonde uier? Op die vraag zijn vele antwoorden mogelijk, die reiken van het exterieur van de uier tot de mate waarin een uier infectievrij is.

Uierinfecties zijn een grote kostenpost voor melkveehouders. Daarom is voor de fokwaarden Uiergezondheid gekozen om te concentreren op het voorkómen van infecties. Dat wil zeggen, de fokwaarden moeten helpen een koe te fokken die minder gevoelig is voor mastitis infecties.

Mastitis wordt veroorzaakt door een aantal verschillende bacteriesoorten. *Staphylococcus aureus* is misschien wel het beruchtst, vanwege de hardnekkige infecties en de grote schade die het veroorzaakt. Men kan ervoor kiezen om zich bij het fokken te concentreren op een enkele veroorzaker, zoals *Staphylococcus aureus*. Maar zo ontstaat er een wildgroei aan fokwaarden. Daarnaast gaat het ons om de koe en niet om de bacterie: We willen een koe fokken die over de hele linie weerbaarder is tegen uierinfecties.

Een gezonde uier is dus een uier die niet gevoelig is voor klinische, dan wel subklinische mastitis, onafhankelijk van de veroorzaker van de infectie.

## ▪ Kenmerken en Fokdoel

In publicaties worden fokwaarden voor twee mastitiskenmerken en de index gebruikt: De fokwaarden voor subklinische mastitis, klinische mastitis en een uiergezondheidsindex waarin klinische en subklinische mastitis zijn ingewogen naar de economische schade die ze veroorzaken. In totaal zijn er zeven kenmerken gedefinieerd die gebruikt worden in de fokwaardeschatting. Naast de twee gepubliceerde fokwaarden, zijn er vijf kenmerken die worden gebruikt om resistentie tegen mastitisinfecties te voorspellen: de zogenaamde indicatorkenmerken.

### Indicatorkenmerken

Uit onderzoek is gebleken dat celgetallen uit proefmelkingen patronen laten zien, waaruit eventuele besmettingen en infecties afgeleid kunnen worden. Die patronen en ander afgeleide kenmerken laten derhalve een correlatie zien met mastitisinfecties (klinisch of subklinisch) en geven dus informatie over de gevoeligheid voor infecties van een dier, nog voor dat dit dier een infectie krijgt.

De vijf indicatorkenmerken zijn:

1. *SCS150*: De <sup>2</sup>log van het gemiddelde celgetal tussen dag 5 en 150 van de lactatie;
2. *SCS400*: De <sup>2</sup>log van het gemiddelde celgetal tussen dag 151 en dag 400 van de lactatie;
3. *Infectie*: Een indicatie (0/1) of er minimaal één celgetal boven de 150.000 cellen/ml is geregistreerd tijdens een lactatie tussen dag 5 en 400 van de lactatie; Dit kenmerk registreert of er sprake is geweest van een infectie.
4. *Ernst*: De fractie van het totaal aantal testdagen tot dag 400 van de lactatie, waarop het celgetal boven de 150.000 cellen/ml lag (0, ..., 1); Dit kenmerk registreert hoe ernstig de infectie is geweest.
5. *Piek*: Het aantal identificeerbare pieken in het celgetal gedurende een lactatie tot dag 400, zonder te specificeren welk piekpatroon dat dan is. Een piek is gebaseerd op drie opeenvolgende celgetalbepalingen, waarbij waarden tot 200.000 cellen/ml als 'laag' gekenmerkt worden en waarden boven de 500.000 cellen/ml als 'hoog'. Er zijn twee soorten pieken gedefinieerd: laag-hoog-laag en laag-hoog-hoog (aangeduid als +- en ++).

**Tabel 1.** Voorbeeld testdaglijst voor een koe in tweede lactatie. Zie de tekst voor uitleg over de afleiding van de waarnemingen uit de celgetal data.

testdag	Dagen aan melk	celgetal de (x 1.000 cellen/ml)	Infectie Ernst (> 150.000 cellen/ml)	Piek
---------	----------------------	------------------------------------------	-----------------------------------------------	------

1	5	32		-
2	19	44		-
3	33	54		-
4	47	49		-
5	61	69		-
6	75	87		-
7	89	67		-
8	103	54	<b>gem.</b>	-
9	117	62	<b>celgetal</b>	-
10	131	49	<b>dag 5 – 150:</b>	-
11	145	38	55	-
12	159	45		-
13	173	120		-
14	187	630	ja	+
15	201	558	ja	+
16	215	361	ja	0
17	229	213	ja	0
18	243	177	ja	-
19	257	150		-
20	271	185	ja	-
21	285	174	ja	-
22	299	162	<b>gem.</b>	-
23	313	237	<b>celgetal</b>	0
24	327	111	<b>dag 150 – 400:</b>	-
25	341	114	231	-

In Tabel 1 staat een voorbeeld uitgewerkt voor een tweedekalfs koe. In de tabel worden de celgetallen weergegeven voor opeenvolgende testdagen (tweewekelijkse melkcontrole).

Het gemiddelde celgetal voor het eerste deel van de lactatie (alle testdagen tussen dag 5 en dag 150 van de lactatie) was 55.000 cellen/ml (zie Tabel 1). Voor het tweede deel van de lactatie (dag 151 tot en met uiterlijk dag 400 van de lactatie) was het gemiddelde celgetal 231.000 cellen/ml. Voor de kenmerken *SCS150* en *SCS400* krijgt deze koe in deze lactatie dus een score van respectievelijk:

$$SCS150: {}^2\log ( 55.000) = 15,7$$

$$SCS400: {}^2\log (231.000) = 17,8$$

Zowel kenmerk *Infectie* en *Ernst* worden afgeleid uit het aanwezig zijn van testdagen met een verhoogd celgetal (celgetal > 150.000 cellen/ml). In de tabel staan die dagen aangegeven met een 'ja'. *Infectie* is een 'alles of niets' kenmerk, dat aangeeft of er dagen in de lactatie waren met een celgetal groter dan 150.000 cellen/ml.

In ons voorbeeld krijgt de koe voor *Infectie* een 1 (er waren dagen met een celgetal > 150.000 cellen/ml). *Ernst* neemt het aantal testdagen dat het celgetal hoger dan 150.000 cellen/ml was en deelt dat door het totaal aantal testdagen. Voor *Ernst* krijgt de koe  $9/25 = 36\%$ .

*Piek* telt het aantal identificeerbare pieken in het celgetal. Voor *Piek* moet er een duidelijk zichtbaar patroon van celgetallen zichtbaar zijn op drie opeenvolgende testdagen, te weten laag-hoog-hoog (- + +) of laag-hoog-laag (- + -). Daarbij staat hoog (+) voor een celgetal hoger dan 500.000 cellen/ml en laag (-) voor een celgetal van minder dan 200.000 cellen/ml. Testdagen waarin het celgetal tussen die twee grenswaarden in liggen worden met een (0) aangemerkt. In de tabel zien we één (- + +) patroon rondom dag 187 van de lactatie. Voor deze lactatie krijgt de koe dus *Piek* = 1 toegekend. Maar het is mogelijk dat een koe meerder pieken in een lactatie laat zien.

In Tabel 2 staan de erfelijkheidsgraden en de genetische spreidingen voor deze indicatorkenmerken vermeld.

**Tabel 2** Erfelijkheidsgraden ( $h^2$ ) en genetische spreiding ( $\sigma_g$ ) voor de kenmerken die als basis dienen voor de uiergezondheids-index.

	Pariteit 1		Pariteit 2		Pariteit 3	
	$h^2$	$\sigma_g$	$h^2$	$\sigma_g$	$h^2$	$\sigma_g$
<i>SCS150</i>	0,088	40,706	0,098	48,135	0,087	48,301
<i>SCS400</i>	0,105	40,509	0,101	39,090	0,111	41,677
<i>Infectie</i>	0,061	0,120	0,060	0,115	0,066	0,113
<i>Ernst</i>	0,094	8,602	0,094	9,434	0,096	10,198
<i>Piek</i>	0,050	0,102	0,055	0,124	0,054	0,136
<i>SCM</i>	0,022	0,066	0,026	0,071	0,041	0,094
<i>CM</i>	0,025	0,039	0,024	0,042	0,032	0,050

## Mastitis kenmerken

### *Subklinische mastitis*

Voor subklinische mastitis (*SCM*) is de UGCN-definitie (UGCN-project “Beest 5”: Verbeteren van weerstand tegen mastitis via fokkerij, 2007) aangehouden van laag-laag-hoog ('- - +') voor het celgetal op drie opeenvolgende testdagen. Voor vaarzen geldt een grenswaarde van 150.000 cellen/ml, voor koeien is een celgetal van 250.000 cellen/ml de drempel. Subklinische mastitis wordt als een 0/1-kenmerk geanalyseerd: Als een koe of vaars tijdens de lactatie het '- - +' patroon laat zien op drie opeenvolgende celgetalmetingen dan is de waarneming  $SCM = 1$ , in alle andere gevallen  $SCM = 0$ . Er wordt geen onderscheid gemaakt tussen koeien met maar één infectie en koeien met meerdere infecties gedurende de lactatie. Dat is omdat we tegen het voorkomen van subklinische mastitis willen selecteren, en niet zozeer voor koeien met minder gevallen van subklinische mastitis.

In principe wordt *SCM* berekend over dezelfde periode als de indicatorkenmerken hierboven: dag 5 t/m dag 400 van de lactatie. In het begin van de lactatie ligt het patroon echter over lactaties heen: Als een koe op haar eerste testdag van de lactatie een celgetal laat zien boven de grenswaarde, dan worden de laatste twee testdagen van de vorige lactatie gebruikt om vast te stellen of het celgetalpatroon voor subklinische mastitis '- - +' zich voordoet. Op de tweede testdag van de lactatie wordt voor de beoordeling de laatste testdag van de vorige lactatie meegenomen. Dit geldt ook als de laatste testdagen van de vorige lactatie later dan op dag 400 van de vorige lactatie plaats vindt. Zodoende zijn de patronen '- - droog +' en '- droog - +' equivalent aan '- - +'

Voor vaarzen worden op de eerste en tweede testdag van de lactatie de voorgaande dagen uiteraard op onbekend gezet ('0'). Maar voor de patroon herkenning wordt bij vaarzen op de eerste en de tweede testdag van de lactatie aangenomen dat '0' hetzelfde is als '-', zodat de patronen '0 0 +' (op de allereerste testdag) en '0 - +' (op de tweede testdag) ook gelden als een subklinische besmetting.

### *Klinische mastitis*

Sinds april 2016 worden klinische(zichtbare) mastitis registraties van melkveehouders gebruikt in de fokwaardeschatting Daarnaast heeft onderzoek voor het UGCN-project Beest 5 aangegeven dat de genetische aanleg voor weerstand tegen klinische mastitis infecties goed is te voorspellen uit de indicator kenmerken en de aanleg voor resistentie tegen subklinische mastitis (zie Tabel 8 voor de genetische correlaties tussen de kenmerken).

In Tabel 2 staan de erfelijkheidsgraden en de genetische spreidingen voor klinische en subklinische mastitis per pariteit vermeld.

### *Index Uiergezondheid*

Uit de fokwaarden *CM* en *SCM* wordt een index samengesteld waarin de economische schade van een klinisch geval van mastitis en een subklinisch geval van mastitis zijn verwerkt. Naast de fokwaarden *CM* en *SCM* wordt deze index gepubliceerd om een totaalbeeld van uiergezondheid te geven. Voor details over de samenstelling van de index zie onder ('Uiergezondheid-index').

## ▪ Gegevens

### Observaties

Gegevens over klinische mastitis zijn niet beschikbaar. Voor de fokwaardeschatting wordt gebruik gemaakt van het celgetal gemeten op de proefmelkdag. De data wordt op testdagniveau aangeleverd, maar op lactatieniveau geanalyseerd. Dat wil zeggen dat de kenmerken gelden voor de hele lactatie, maar worden afgeleid uit de data van alle beschikbare testdagen in die lactatie.

De dagproducties moeten aan de volgende eisen voldoen:

- Een koe moet stamboek geregistreerd zijn (S) en de vader van de koe moet bekend zijn;
- Alleen officiële (gefiatteerde) dagproducties worden meegenomen, dit kunnen ook dagproducties zijn die door veehouders in eigen beheer zijn verzameld;
- Alleen de dagproducties van lactatie 1 t/m 3 van een koe worden meegenomen;
- Alleen dagproducties vanaf dag 5 tot en met einde lactatie worden meegenomen;
- Een koe moet een bekende verblijfplaats hebben op de testdag;
- De leeftijd bij afkalven moet minimaal 640 dagen zijn;
- Er moet minimaal 1 geldige testdag met celgetalmeting bekend zijn.
- Voor de patroonkenmerken (*Piek* en *SCM*) geldt een aanvullende eis dat binnen een lactatie tussen opeenvolgende proefmelkingen met een celgetalmeting niet meer dan 84 dagen mogen zitten. Is dit wel het geval dan wordt het record voor deze lactatie op 'missend' gezet voor de kenmerken *Piek* en *SCM*.

### Afstamming

Familierelaties tussen dieren worden meegenomen bij de berekening van de fokwaarden. Aan elkaar gerelateerde dieren delen een zekere hoeveelheid DNA. Zodoende vormt de familie van een dier een extra informatiebron over de genetische aanleg van dit dier. Dit betreft als eerste ouders en nakomelingen van een dier. Maar ook (half-) broers en zussen, verre voorouders (via ouders en grootouders) en kleinkinderen (via directe nakomelingen). Een dergelijk netwerk van relaties beslaat meerdere generaties en is een waardevolle aanvulling op informatie van ouders en uit de eigen waarneming.

Iedere afstamming eindigt uiteindelijk met ouders die onbekend zijn. Deze onbekende ouders worden gegroepeerd (*phantom groep*), waarbij de gemiddelde genetische aanleg van deze groep als voorspeller wordt gebruikt voor de nakomelingen.

Doordat bij fokkerij niet alleen dieren worden geselecteerd binnen het eigen ras maar ook gebruik wordt gemaakt van dieren van andere rassen zijn er veel genetische (familie)relaties ontstaan tussen rassen. Te denken valt aan het gebruik van Holstein Friesians in het Fries Hollandse ras en in de MRIJ-populatie. De vele genetische relaties tussen rassen maken het mogelijk om voor de verschillende rassen gelijktijdig fokwaarden te berekenen. **Phantom groepen**

Wanneer een ouder niet bekend is, wordt deze ouder vervangen door een schijnouder of "phantom parent". Phantom parents kunnen worden samengevoegd tot phantom groepen of genetische groepen. Een phantom groep geeft een soort vervangende genetische waarde van een onbekende ouder. De genetische waarde van een phantom groep wordt bepaald door alle dieren die hieraan

verbonden worden. Het is van belang om dieren in een groep bij elkaar te brengen die hoogstwaarschijnlijk hetzelfde genetisch potentieel hebben. De factoren die in de fokwaardeschatting een verschil in genetisch potentieel kunnen veroorzaken, en daardoor voor het definiëren van phantomgroepen van belang zijn, zijn:

### 1. Ras

Voor ieder ras wordt een aparte groep gevormd. In de praktijk betekent dit ca. 30 verschillende rasgroepen. In geval van een kruislingdier, wordt het dier ingedeeld bij het ras met het hoogste bloedaandeel. Indien de bloedaandelen gelijk zijn, zijn er twee situaties:

- voor 50%/50% FH/HF-kruisingen en 50%/50% MRIJ/HF-kruisingen zijn twee aparte "ras"-groepen; ze worden niet aan één van de ouderrassen gekoppeld;
- voor de overige 50%/50%-kruisingen geldt dat het dier wordt ingedeeld bij één van de ouderrassen op basis van de fokrichting van de kruisling. Hierbij worden drie richtingen onderscheiden: melk, dubbeldoel en vlees. De fokrichting bepaalt welk van de ouderrassen leidend wordt, waarbij het ras behorend tot de fokrichting vlees leidend is, vervolgens het ras behorend tot de dubbeldoel fokrichting en tenslotte het ras behorend tot de fokrichting melk. In het geval dat beide rassen een gelijke fokrichting hebben, wordt het eerste ras in de rasbalk leidend.

### 2. Geboortejaar

Ieder geboortejaar vormt een groep. Runderen die voor 1950 zijn geboren, worden aan het geboortejaar 1950 gekoppeld.

Het minimum aantal dieren (ouders) per phantomgroep is 100. Indien het aantal van 100 niet wordt bereikt, worden phantomgroepen samengevoegd. Er wordt samengevoegd per geboortejaar tot het aantal van 100 is bereikt of tot maximaal 10 geboortejaren zijn samengevoegd. Als een ras zó klein is dat het minder dan 20 dieren bevat wordt de phantomgroep toegevoegd aan de restgroep. Deze restgroep wordt gevormd door allerlei phantomgroepen die te weinig dieren hebben om zelf een betrouwbare schatting te kunnen realiseren.

De invloed van de phantomgroep-schatting op de koe- of stierindex neemt af naarmate de phantomgroep meer generaties verwijderd is van het betreffende dier, en/of naarmate het rund zelf meer informatie krijgt door nakomelingen en/of eigen lactatie(s).

## ▪ Statistisch model

De fokwaarden voor de mastitis resistentie kenmerken worden geschat met een diemodel, volgens de BLUP-techniek (Best Linear Unbiased Prediction). Omdat een dier een hogere aanleg voor het oplopen van een infectie kan hebben zonder daadwerkelijk een infectie op te lopen, wordt de informatie over subklinische en klinische infecties aangevuld met informatie uit de fokwaarden voor de onderliggende kenmerken. Daarvoor wordt gebruik gemaakt van correlaties tussen alle kenmerken (zie Tabel 9). De fokwaardeschatting is hiermee een 'multiple trait' fokwaardeschatting.

Alle kenmerken worden geanalyseerd met hetzelfde statistische model:

$$Y_{ijklmnopq} = BJ_j + JM_k + lftd_l + n\_td_m + ARD_n + het_o + rec_p + dier_q + rest_{ijklmnopq}$$

## De effecten in het model

De effecten in het model zijn:

$Y_i$	= Observatie voor kenmerk $i$ (CM, SCM of indicatorkenmerk)
$BJ_j$	= Bedrijf*jaar-klasse van observatie
$JM_k$	= Jaar*maand klasse van observatie
$lftd_l$	= Leeftijd bij afkalven (10 daagse klassen)
$n\_td_m$	= Aantal geregistreerde testdagen in de lactatie
$ARD_n$	= Aantal risicodagen in de lactatie (aantal dagen tussen 1 <sup>ste</sup> en laatste testdag)
$het_o$	= Heterosis effect
$rec_p$	= Recombinatie effect
$dier_q$	= additief genetisch effect (fokwaarde) van het dier
$rest_{ijklmnopq}$	= restterm van $Y_i$ , dat deel wat met het model niet kan worden verklaard.

### *Bedrijf\*jaar klasse*

Het niveau van de observaties verschilt natuurlijk per bedrijf. Binnen een bedrijf kan de situatie met betrekking tot de kenmerken ook veranderen. Het bedrijfseffect wordt daarom voor ieder jaar opnieuw geschat in de bedrijf\*jaar klasse. Een jaar loopt van 1 januari tot 31 december. De toekenning van een waarneming aan een bedrijf is afhankelijk van het soort kenmerk (zie Tabel 3). In het grootste deel van de gevallen is dit hetzelfde bedrijf voor alle kenmerken. Maar de juiste toekenning van een waarneming aan een bedrijf is een punt van aandacht bij dieren die tijdens de lactatie verhuizen.

### *Jaar\*maand klasse*

De infectiedruk verschilt per seizoen en van jaar tot jaar (Figuur 1). Om hier rekening mee te houden wordt aan iedere lactatie een klasse toegekend op basis van het jaar en de maand van afkalven (de start van de lactatie in kwestie). Om verstrengeling met bedrijf\*jaar te voorkomen, begint ieder maand-klasse op de 15<sup>de</sup> van de maand in kwestie.

### *Leeftijd bij afkalven*

Het is gebleken dat er een zekere afhankelijkheid van de mastitiskenmerken is met de leeftijd waarop een dier afkalft. Dieren worden ingedeeld in leeftijdsklassen die onderling 10 dagen verschillen, waarbij de klassen gaan van 640 tot 2040 dagen (1,8 tot 5,6 jaar) in leeftijd.

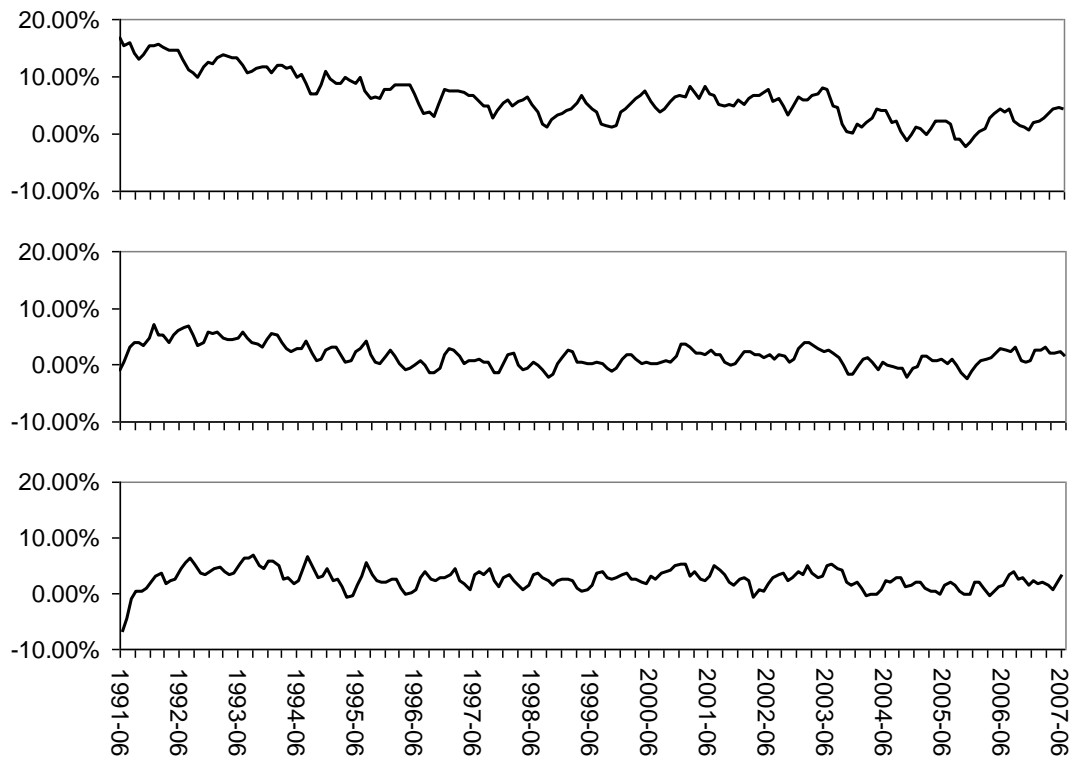
### *Aantal geregistreerde testdagen en Aantal risicodagen*

De kans om een infectie waar te nemen aan het verloop van het celgetal neemt af met een toenemend interval tussen testdagen. Of andersom, de kans om een infectie te missen is bij een zeswekelijkse melkcontrole groter dan bij een driewekelijkse melkcontrole.

Daar staat tegenover dat, onafhankelijk van de aanleg van een koe, de kans op minstens één infectie gedurende de lactatie toeneemt met de lengte van de lactatie. Anders gezegd: De kans op een infectie tussen dag 5 en dag 120 van de lactatie is kleiner dan de kans op een infectie tussen dag 5 en dag 305.

Beide effecten zijn een resultaat van verstreken tijd (tussen testdagen en gedurende de lactatie) en zeggen niks over de genetische aanleg van een koe. Vandaar dat in het model de twee effecten opgenomen zijn: 1) het aantal proefmelkingen in de lactatie en 2) het aantal risicodagen tussen eerste en laatste proefmelking.

**Figuur 1.** Jaar\*maand effecten van juni 1991 tot juni 2007 voor subklinische mastitis in de eerste lactatie (boven), tweede lactatie (midden) en derde lactatie (onder).



Het aantal proefmelkingen zegt iets over 1) de lengte van de lactatie tot dan toe, of 2) het interval tussen proefmelkingen. Welke van de twee het is, is van minder belang, omdat beide hetzelfde effect hebben: Een hoger aantal proefmelkingen verhoogt ook de kans dat er iets gevonden wordt. Voor de telling van het aantal proefmelkingen worden alleen proefmelkingen meegenomen met een geldige celgetalwaarneming.

Correctie voor het aantal risicodagen moet ervoor zorgen dat het laatste beetje verschil tussen de verschillende proefmelkingschema's weggevangen wordt.

#### *Heterosis- en recombinatie-effect*

Heterosis- en recombinatie-effecten spelen een rol bij het kruisen van rassen. Dit zijn genetische effecten die niet worden doorgegeven aan de nakomeling. Uit onderzoek is gebleken dat voor deze effecten gecorrigeerd dient te worden.



**Tabel 3.** Toekenning van kenmerken aan bedrijven, wanneer een koe tijdens een lactatie verhuist.

Kenmerk	Toekenning (bedrijf) <sup>*)</sup>	Datum	Periode (dagen lactatie)
<i>SCS150</i>	Bedrijf waar het langste deel van de periode is doorgebracht.	Eerste testdag van periode	5 – 150
<i>SCS400</i>	Bedrijf waar het langste deel van de periode is doorgebracht.	Eerste testdag van periode	151 – 400
<i>Infectie</i>	Bedrijf waar de piek (eerste verhoging) is geconstateerd.	Eerste testdag van SCC verhoging	5 – 400
<i>Ernst</i>	Bedrijf waar de piek (eerste verhoging) is geconstateerd.	Eerste testdag van SCC verhoging	5 – 400
<i>Piek</i>	Bedrijf waar de piek (eerste verhoging) is geconstateerd.	Eerste testdag van SCC verhoging	5 – 400
<i>SCM</i>	Bedrijf waar de infectie is geconstateerd.	Eerste testdag van SCC verhoging	5 – 400
<i>CM</i>	Bedrijf waar de infectie is geconstateerd.	Datum registratie infectie	-15 – 400

<sup>\*)</sup> Als de observatie negatief is (geldig record maar geen waarneming), dan wordt de observatie toegekend aan het bedrijf waar het langste deel van de periode is doorgebracht.

De grootte van de heterosis wordt gedefinieerd als het verschil in niveau van het kenmerk in de kruising met het gemiddelde van de ouderrassen. Recombinatie is het verlies van het meestal positieve effect van heterosis en treedt op wanneer het eerder verkregen kruisingproduct wordt teruggekruist met één van de ouderrassen.

Het heterosis effect (HET) van twee rassen is te berekenen via de formule:

$$\text{HET} = [p_s(1-p_d) + p_d(1-p_s)]$$

waarbij:

$p_s$  = rasbloeddeel bij stier

$p_d$  = rasbloeddeel bij koe

De formule voor recombinatie (REC) is als volgt:

$$\text{REC} = [p_s(1-p_s) + p_d(1-p_d)]$$

Wanneer een dier uit drie verschillende rassen bestaat, neemt ook het aantal effecten van heterosis en recombinatie toe.

Bij mastitis kenmerken speelt heterosis een bescheiden rol. Voor het kenmerk subklinische mastitis is het heterosis-effect in de eerste pariteit 1,0% minder gevallen van infectie. Voor pariteiten twee en drie is dit respectievelijk 0,7% en 0,8% minder infecties.

### Dier

Dit is het additief genetische effect of fokwaarde, het effect waar het uiteindelijk om gaat. De variabele *dier* bevat de (genetische) bijdrage van een dier aan de observatie en bepaalt de fokwaarde van een dier. Daarnaast wordt bij het bepalen van de fokwaarde ook alle informatie van voorouders en nakomelingen gebruikt.

### ▪ Uiergezondheidsindex

De voor publicatie bedoelde fokwaarden zijn respectievelijk: *SCM*, *CM* en *UGH*, waarbij *UGH* de uiergezondheidsindex is bestaande uit *SCM* en *CM*. Hoewel fokwaarden voor alle kenmerken (dus ook de indicatorkenmerken) apart geschat worden voor de eerste drie lactaties, wordt per kenmerk maar één fokwaarde weergegeven voor het overall kenmerk. Die fokwaarde is een index waarin de lactatie-fokwaarden gewichten per pariteit toegekend krijgen zoals vastgesteld in het Testdag Model voor productiekenmerken:

$$FW_i = 0,41 FW_{i1} + 0,33 FW_{i2} + 0,26 FW_{i3}$$

In Tabel 4 staan de erfelijkheidsgraden en spreidingen vermeld van de overall kenmerken.

**Tabel 4** Erfelijkheidsgraden ( $h^2$ ) en spreidingen ( $\sigma_g$ ) van de (absolute) fokwaarden voor de overall kenmerken. De drie lactatie fokwaarden voor ieder kenmerk zijn ingewogen in een enkele index voor dat kenmerk. Erfelijkheidsgraad en spreiding van de uiergezondheidsindex zijn ook gegeven.

Kenmerk	$h^2$	$\sigma_g$
<i>SCS150</i>	0,165	43,255
<i>SCS400</i>	0,173	38,794
<i>Infectie</i>	0,120	0,110
<i>Ernst</i>	0,158	8,864
<i>Piek</i>	0,112	0,113
<i>SCM</i>	0,056	0,068
<i>CM</i>	0,060	0,039
<b><i>UGH</i></b>	<b>0,089</b>	<b>0,051</b>

Daarnaast is er een uiergezondheidsindex waarin de economische schade van klinische en subklinische mastitis zijn verwerkt. De gemiddelde schade van een geval van klinische mastitis wordt geschat op € 196,- (Huijps et al., 2008). Daarin zijn verwerkt de kosten van productieverlies, veterinaire kosten, extra arbeid en afvoer van zwaar geïnfecteerde dieren (15% van geïnfecteerde dieren). Voor subklinische mastitis geldt een gemiddelde schade van € 83,- per geval (Halasa et al., 2008). Deze schade is gebaseerd op een gemiddeld productieverlies per geval.

Op de absolute schaal worden zowel *CM* als *SCM* uitgedrukt in het interval [0,1]. M.a.w. een fokwaarde van +0.01 komt overeen met gemiddeld een 1% hogere incidentie van mastitis in de groep nakomelingen. Op absolute schaal zou de index er als volgt uit komen te zien:

$$I_{abs} = (-83) * FW_{SCM, abs} + (-196) * FW_{CM, abs}$$

Echter, zowel *CM* en *SCM* als de index *UGH* worden gepubliceerd als relatieve fokwaarde met een gemiddelde van 100 en een spreiding van 4. Daarom moeten de gewichten voor *SCM* en *CM* ook worden vertaald naar de relatieve schaal.

Gegeven de economische schade van een geval van *SCM* of *CM* (Tabel 5) en de varianties van en covariantie tussen *CM* en *SCM* is de genetische spreiding van de index €11,82. De genetische spreiding ( $sdG$ ) van de economische schade van *SCM* en *CM* zijn respectievelijk € 83,- \* 0,0682 =

€ 5,66 en €196 \* 0,0385 = € 7,55. Omdat de index op dezelfde relatieve schaal wordt uitgedrukt als *SCM* en *CM* zijn de relatieve gewichten van beiden eenvoudig te berekenen:

$$W_{rel,SCM} = \frac{sdG\text{€}(SCM)}{sdG\text{€}(Index)} = \frac{€ 5,66}{€ 11,82} = 0,477$$

$$W_{rel,CM} = \frac{sdG\text{€}(CM)}{sdG\text{€}(Index)} = \frac{€ 7,55}{€ 11,82} = 0,641$$

De uiergezondheidsindex wordt dus berekend uit de relatieve fokwaarden *CM* en *SCM* volgens de formule:

$$FW_{UGH,rel} = 100 + 0,477 * [FW_{SCM,rel} - 100] + 0,641 * [FW_{CM,rel} - 100]$$

Deze relatieve fokwaarde of index heeft, net als de fokwaarden *CM* en *SCM* een gemiddelde van 100 en een spreiding van 4.

**Tabel 5** Berekening van de gewichten voor *SCM* en *CM* voor een index uiergezondheid op relatieve schaal (gemiddelde 100, afwijking 4). *W\_Econ* is de economische schade van een infectie. De variantie/covariantie matrix op de absolute schaal voor *CM* en *SCM* is gegeven onder (co-)var, evenals de voorspelde variantie van *UGH*; *sdG* is de genetische spreiding van *CM* en *SCM* op absolute schaal. De standaardafwijking van de economische schade, uitgedrukt in euro's staat gegeven onder *sdG€*. De daaruit volgende weging voor *SCM* en *CM* op de relatieve schaal staat gegeven onder *W\_Rel*.

	(co-)var		<i>W_Econ</i>	<i>sdG</i>	<i>sdG€</i>	<i>W_Rel</i>
	<i>SCM</i>	<i>CM</i>				
<i>SCM</i>	0,00465	0,00155	€ 83,-	0,0682	€ 5,66	0,477
<i>CM</i>	0,00155	0,00148	€ 196,-	0,0385	€ 7,55	0,641
<i>UGH (SCM + CM)</i>	€139,60				€ 11,82	

*W\_Econ* zijn als positieve bedragen weergegeven, omdat de fokwaarden omgeschaald worden: hoger fokwaarden wijzen op lagere incidenties. Bedragen moeten dan ook worden opgevat als besparingen.

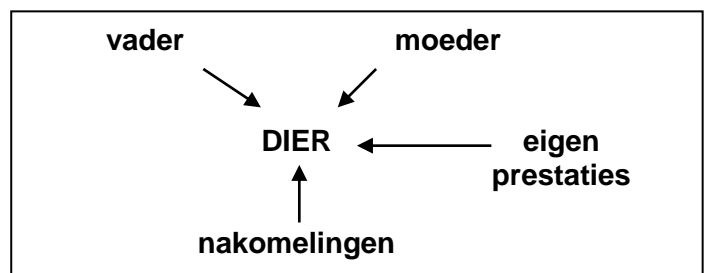
## ▪ Betrouwbaarheid

Fokwaarden zijn schattingen van de genetische aanleg. Het woord 'schatting' geeft aan dat er een bepaalde onnauwkeurigheid rust op een fokwaarde. De betrouwbaarheid van een fokwaarde geeft aan hoeveel verschil er kan bestaan tussen de geschatte fokwaarde en de werkelijke genetische aanleg.

De betrouwbaarheid is afhankelijk van de hoeveelheid beschikbare informatie van een dier. Er zijn drie informatiebronnen:

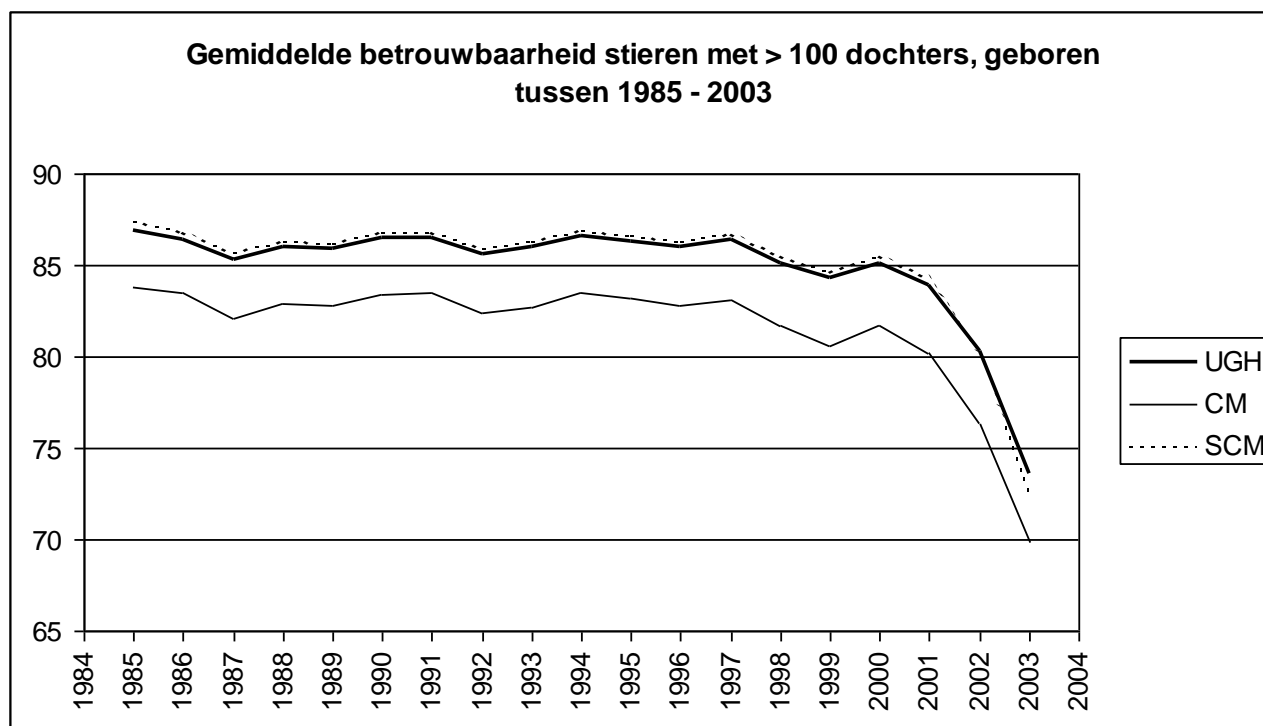
1. eigen prestatie
2. nakomelingen
3. ouders

Informatie over de uiergezondheid van (half)zussen, grootouders, etc. wordt meegenomen via de ouders, informatie van kleindochters etc. wordt meegenomen via de nakomelingen.



In Figuur 2 wordt een indruk gegeven van de betrouwbaarheden voor de fokwaarden *CM* en *SCM* en van de uiergezondheidsindex *UGH*. De betrouwbaarheid van stieren geboren tussen 2001 en 2003 is in Figuur 2 een stuk lager, omdat voor deze stieren minder dochters en minder lactaties bekend zijn. In het algemeen kan gezegd worden dat een stier met 100 dochters of meer gemiddeld een betrouwbaarheid scoort van 86% voor de index *UGH* en voor de fokwaarde subklinische mastitis en 83% voor fokwaarde klinische mastitis.

**Figuur 2.** Gemiddelde betrouwbaarheid van de fokwaarden voor UGH, CM en SCM van stieren, geboren tussen 1985 en 2003, met 100 of meer nakomelingen (gebaseerd op data t/m augustus 2008).



**Tabel 6** Betrouwbaarheden voor fokwaarden *SCM*, *CM* en *UGH* in verschillende categorieën stieren. In **vet** afgedrukte dochteraantallen zijn vooraf vastgestelde criteria, overige dochteraantallen zijn gemiddelden voor de betreffende categorie stieren. De categorieën zijn als volgt gedefinieerd: *proef 1*) proefstieren met enkel gemiddeld 100 dochters in de eerste lactatie; *proef 2*) proefstieren met gemiddeld 200 dochters in de eerste lactatie, maar nog geen dochters in de derde lactatie; *fok 1*) fokstieren met gemiddeld 200 dochters in eerste lactatie; *fok 2*) fokstieren met 1.000 dochters in eerste lactatie; *fok 3*) fokstieren met gemiddeld 10.000 dochters in eerste lactatie; *fok 4*) fokstieren met meer dan 12.000 dochters in eerste lactatie en minimaal 6.000 dochters in lactatie 3.

	Aantal dochters			Betrouwbaarheid		
	lactatie 1	lactatie 2	lactatie 3	SCM	CM	UGH
proef 1	<b>80-120</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	69	67	70
proef 2	<b>150-250</b>	74	<b>0</b>	79	76	80
fok 1	<b>150-250</b>	139	93	87	83	87
fok 2	<b>900-1100</b>	766	526	95	94	95
fok 3	<b>8000 - 12,000</b>	7436	5452	95	95	95
fok 4	<b>&gt;12,000</b>	23133	<b>&gt;6,000</b>	98	98	98

In Tabel 6 staan de gemiddelde betrouwbaarheden voor stieren in verschillende categorieën weergegeven. Te zien valt dat een proefstier met ongeveer 100 dochters in alleen de eerste lactatie fokwaarden krijgt met een betrouwbaarheid van ongeveer 68%. Heeft een stier ook dochters in de tweede lactatie dan gaat de betrouwbaarheid naar ongeveer 80% voor *SCM* en *UGH* en naar 75% voor *CM*. Fokwaarden voor fokstieren met 1000 dochters of meer in de eerste lactatie laten betrouwbaarheden zien van groter dan 95% voor *SCM* en *UGH* en groter dan 93% voor *CM*.

## ▪ Basis

Fokwaarden voor uiergezondheid worden gepubliceerd op de basis 2015. De basis 2015 wordt bepaald door de koeien die in 2010 geboren zijn. Fokwaarden voor uiergezondheid worden op vier verschillende bases gepresenteerd te weten: Melkdoel zwart, Melkdoel rood, Dubbeldoel en

Belgisch witblauw. Op welke basis een fokwaarde van een dier wordt gepubliceerd is afhankelijk van de ras-samenstelling van het dier en van de kleur van het dier. De definities van deze bases zijn als volgt:

#### *Melkdoel zwart (Z)*

De stamboek-geregistreerde koeien geboren in 2010 met minimaal 87,5% HF-bloed en maximaal 12,5% FH-bloed en haarkleur zwartbont, met minimaal één observatie in de fokwaardeschatting.

#### *Melkdoel rood (R)*

De stamboek-geregistreerde koeien geboren in 2010 met minimaal 87,5% HF-bloed en maximaal 12,5% MRIJ-bloed en haarkleur roodbont, met minimaal één observatie in de fokwaardeschatting.

#### *Dubbeldoel (D)*

De stamboek-geregistreerde koeien geboren in 2010 met minimaal 75% MRIJ-bloed en 25% of minder HF-bloed, met minimaal één observatie in de fokwaardeschatting.

#### *Belgisch witblauw (B)*

De stamboek-geregistreerde koeien geboren in 2010 met minimaal 87,5% Belgisch witblauw-bloed, met minimaal één observatie in de fokwaardeschatting.

Als observatie geldt een waarneming voor minimaal één van de mastitiskenmerken. Iedere vijf jaar, in een jaar deelbaar door 5, wordt het referentiejaar voor de basis met 5 jaar opgeschoven.

**Tabel 7.** Basisverschillen voor uiergezondheidsindex en de onderliggende mastitiskenmerken. *Z* = zwartbont basis, *R* = roodbont basis, *D* = dubbeldoelbasis en *B* = Belgisch blauw basis.

	<i>Z=&gt;R</i>	<i>Z=&gt;D</i>	<i>Z=&gt;B</i>	<i>R=&gt;D</i>	<i>R=&gt;B</i>	<i>D=&gt;B</i>
<i>UGH</i> index	-2	-1	-1	1	1	0
<i>CM</i>	-1	0	0	1	1	0
<i>SCM</i>	-2	-2	-2	0	0	0

De spreiding van de fokwaarden wordt bepaald door de dieren van de zwartbontbasis. Hierbij wordt de spreiding in fokwaarden berekend waarbij gestandaardiseerd wordt naar een betrouwbaarheid van 80 procent. Dit betekent dat 4 punten spreiding gelijk is aan 0,9 x genetische spreiding.

Het gebruik van één spreiding voor de drie verschillende bases heeft als voordeel dat er alleen een verschil in niveau bestaat tussen de bases en geen verschil in spreiding. In Tabel 6 worden de basisverschillen voor de kenmerken gegeven.

## ▪ Publicatie

### Presentatie

De fokwaarden voor de mastitiskenmerken (*CM*, *SCM* en *UGH*) worden gepresenteerd met een gemiddelde van 100 en een spreiding van 4. Hierbij is het belangrijk om te onthouden dat getallen boven de 100 wenselijk zijn. Een fokwaarde voor *CM* van meer dan 100 geeft aan dat klinische mastitis in de dochtergroep *minder* voor zal komen. Een fokwaarde groter dan 100 voor *UGH* zal het voorkomen van zowel klinische als subklinische mastitis verminderen.

De fokwaarden *CM* en *SCM* worden op absolute schaal uitgedrukt in incidenties (kans op infectie per koe per lactatie). Op de relatieve schaal waarin de fokwaarden gepubliceerd worden, komt een afwijking van één spreiding ( 4 punten) overeen met een verandering van incidentie van 6,8% (voor *SCM*) en 4,0% (voor *CM*). De daarbij behorende kosten/besparingen komen overeen met

respectievelijk € 5,68 en € 7,52 per nakomeling per lactatie. In de uiergezondheidsindex komt één spreiding overeen met € 11,82 per nakomeling per lactatie.

Een fokwaarde boven de 100 betekent dus een bovengemiddelde resistentie tegen mastitis. Een stier met een fokwaarde voor resistentie tegen subklinische mastitis van 104 geeft een groep dochters waarin subklinische mastitis  $\frac{1}{2} * (104 - 100) * 1,7\% = 3,4\%$  minder voorkomt. Dat komt overeen met een besparing van € 2,84 per dochter per lactatie. Een fokwaarde van 104 voor de index *UGH* betekent dat per dochter gemiddeld zo'n  $\frac{1}{2} * (104 - 100) * € 2,96 = € 5,91$  per lactatie bespaard kan worden aan kosten verbonden met subklinische en/of klinische mastitis.

De verwachte response van selectie op *UGH* in fokstieren is per generatie een afname van subklinische mastitis van 4%, een afname van klinische mastitis van 2,5% en een besparing van € 8,35 per koe per lactatie.

**Tabel 8** Gemiddelden en spreiding van de fokwaarden *CM*, *SCM* en de index *UGH* per ras. De rasgemiddelden zijn gebaseerd op stieren uit 1985 of later met 100 of meer nakomelingen. Alleen raspopulaties met 20 stieren of meer zijn opgenomen in de tabel.

Ras	N	UGH		CM		SCM	
		gem.	±	gem.	±	gem.	±
Holstein-Friesian	7897	99,3	4,4	100,1	4,1	99,5	4,3
MRY	483	100,6	3,8	101,8	3,6	99,9	3,8
Vlaams vee	98	103,1	3,4	104,9	3,4	100,9	3,2
Montbeliarde	50	105,7	3,8	106,5	3,6	104,4	3,8
Brown Swiss	41	103,1	3,2	104,0	2,8	102,4	3,7
Fries-Hollands	33	102,2	4,3	104,0	3,2	100,3	5,0
Groninger Blaarkop	28	98,7	4,1	100,0	3,2	98,3	5,2
Jersey	26	95,5	3,8	97,3	3,4	95,4	3,8

### Publicatie-eisen

De publicatie-eis voor alle stieren is een minimale betrouwbaarheid van 25% voor de uiergezondheidsindex. Voor geteste KI-stieren moet informatie beschikbaar zijn van minimaal 15 nakomelingen op 10 verschillende bedrijven. Voor niet geteste KI-stieren geldt een minimum eis van 10 nakomelingen. Dit houdt dus in dat de uiergezondheidsindex altijd officieel is bij stieren die voor het eerst een publiceerbare NVI hebben. Op het moment dat de uiergezondheidsindex wordt gepubliceerd, worden ook de onderliggende mastitisfokwaarden *CM* en *SCM* gepubliceerd. Echter, als voor een internationaal geteste KI-stier geen nationale fokwaarde uiergezondheid beschikbaar is, dan wordt de uiergezondheidsindex afgeleid uit de internationale fokwaarde voor klinische mastitis. Zie hoofdstuk E-26 voor verdere informatie over publicatieregels.

## ▪ Rasverschillen en genetische trends

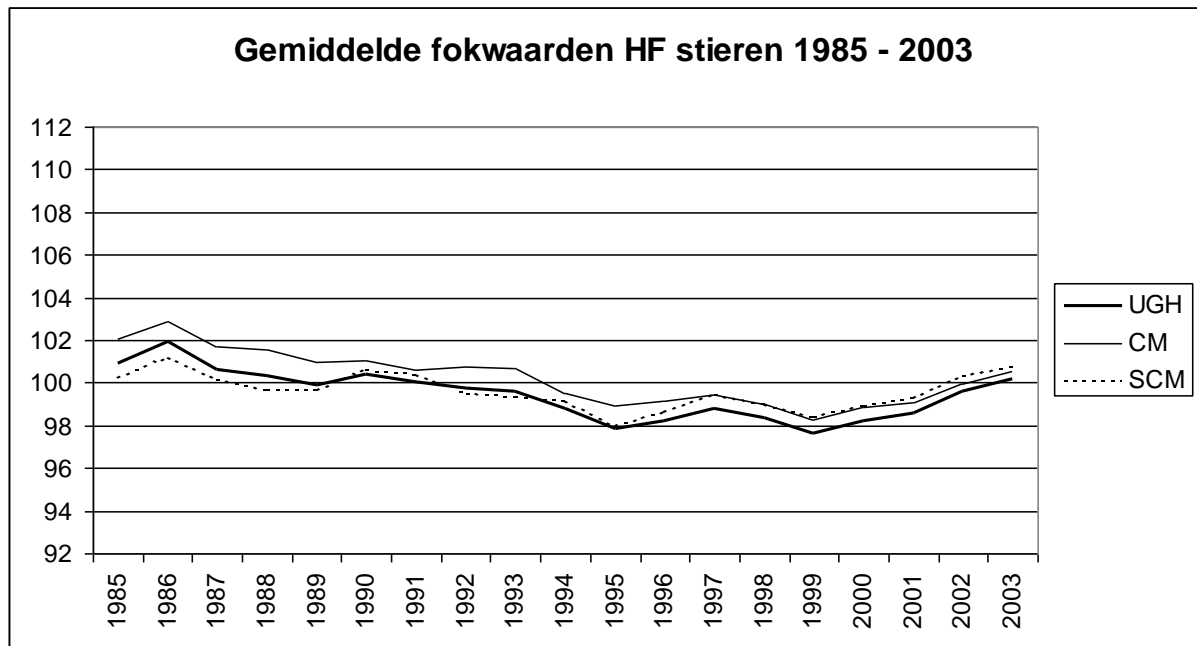
### Rasverschillen

In Tabel 8 worden de verschillen tussen een aantal rassen aangegeven voor de fokwaarden en de index. Voor deze tabel werden alleen fokwaarden op zwartbont basis gebruikt. Te zien valt dat de verschillen in index vooral veroorzaakt worden door verschillen in de fokwaarde voor klinische mastitis, omdat deze zwaarder inweegt in de index.

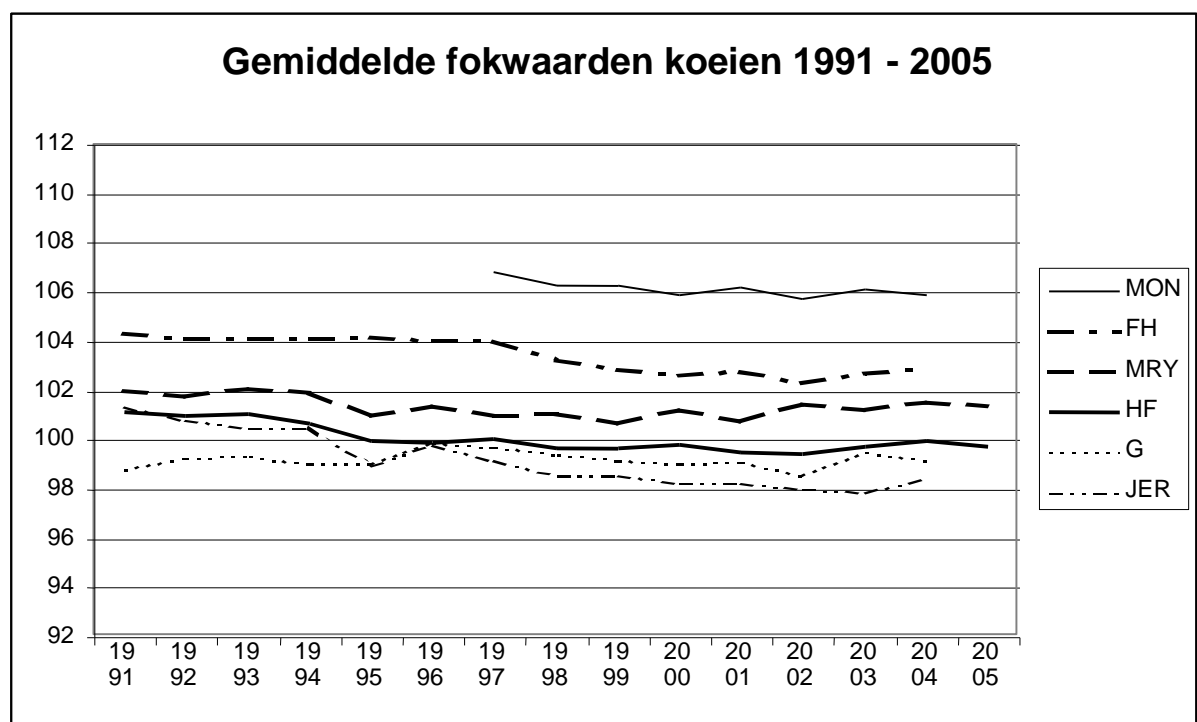
## Genetische trends

In Figuur 3 wordt een indruk gegeven van de genetische trend voor *CM*, *SCM* en de index *UGH* voor Holstein stieren met meer dan 100 dochters (Figuur 3a). Ook worden de trends voor *UGH* in koeien van verscheiden rassen weergegeven (Figuur 3b). In Figuur 3b is een neergaande lijn te zien voor stieren geboren in de periode 1985 – 1996. Vanaf 1998-1999 lijkt er zich een positieve trend af te tekenen. Voor Holstein koeien zien we eenzelfde verloop. Echter, de trend is na 1998 vlak en nog niet omgebogen naar boven.

**Figuur 3a.** Gemiddelde fokwaarden voor Holstein Frisian stieren, geboren tussen 1985 en 2003, met 100 of meer nakomelingen (gebaseerd op data t/m maart 2008).



**Figuur 3b.** Gemiddelde fokwaarden *UGH* voor koeien geboren tussen 1991 en 2005 naar ras: Montbéliardes (MON), Fries-Hollands (FH), Maas-Rijn-IJssel vee (MRY), Holstein Frisian (HF), Groninger Blaarkop (G) en Jerseys (JER).







**Tabel 9** Overzicht van de erfelijkheidsgraden (diagonaal, vetgedrukt), genetische correlaties (boven de diagonaal) en restcorrelaties (onder de diagonaal) voor de 21 kenmerken in de fokwaardeschatting uiergezondheid.

lactatie	1ste lactatie							2de lactatie							3de lactatie							
	SCS150	SCS400	Inf	Ernst	Piek	SCM	CM	SCS150	SCS400	A_Inf	Ernst	Piek	SCM	CM	SCS150	SCS400	Inf	Ernst	Piek	SCM	CM	
1 <sup>ste</sup>	SCS150	<b>0,088</b>	0,889	0,879	0,928	0,825	0,836	0,745	0,861	0,705	0,652	0,736	0,813	0,558	0,645	0,827	0,684	0,554	0,734	0,728	0,440	0,638
	SCS400	0,538	<b>0,105</b>	0,926	0,936	0,770	0,916	0,713	0,857	0,875	0,834	0,881	0,766	0,768	0,590	0,779	0,861	0,810	0,859	0,708	0,691	0,495
	Inf	0,623	0,609	<b>0,061</b>	0,930	0,717	0,916	0,553	0,851	0,838	0,870	0,883	0,722	0,735	0,530	0,767	0,833	0,758	0,833	0,687	0,697	0,497
	Ernst	0,781	0,829	0,686	<b>0,094</b>	0,764	0,911	0,660	0,874	0,802	0,779	0,838	0,742	0,667	0,548	0,796	0,745	0,678	0,832	0,718	0,579	0,511
	Piek	0,571	0,509	0,392	0,487	<b>0,050</b>	0,769	0,790	0,853	0,705	0,581	0,655	0,888	0,688	0,874	0,869	0,677	0,573	0,760	0,836	0,406	0,786
	SCM	0,212	0,451	0,664	0,295	0,169	<b>0,022</b>	0,588	0,863	0,875	0,828	0,895	0,779	0,695	0,611	0,753	0,817	0,788	0,872	0,720	0,687	0,516
	CM	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	<b>0,025</b>	0,659	0,511	0,454	0,493	0,768	0,542	0,676	0,720	0,556	0,504	0,658	0,664	0,356	0,671
2 <sup>de</sup>	SCS150	0,186	0,216	0,151	0,199	0,116	0,091	0,000	<b>0,098</b>	0,824	0,742	0,859	0,894	0,720	0,774	0,951	0,816	0,737	0,884	0,915	0,609	0,762
	SCS400	0,161	0,254	0,173	0,198	0,101	0,130	0,000	0,535	<b>0,101</b>	0,930	0,954	0,689	0,898	0,558	0,785	0,930	0,913	0,915	0,769	0,829	0,539
	Inf	0,126	0,176	0,130	0,153	0,082	0,087	0,000	0,546	0,615	<b>0,060</b>	0,941	0,583	0,864	0,435	0,695	0,903	0,893	0,905	0,646	0,812	0,472
	Ernst	0,183	0,268	0,189	0,261	0,141	0,122	0,000	0,792	0,824	0,667	<b>0,094</b>	0,686	0,816	0,575	0,796	0,906	0,899	0,935	0,756	0,798	0,572
	Piek	0,119	0,132	0,107	0,141	0,107	0,062	0,000	0,583	0,556	0,365	0,511	<b>0,055</b>	0,601	0,873	0,915	0,755	0,635	0,769	0,886	0,513	0,791
	SCM	0,070	0,123	0,093	0,112	0,050	0,069	0,000	0,276	0,512	0,471	0,427	0,358	<b>0,026</b>	0,554	0,736	0,895	0,866	0,865	0,731	0,816	0,501
	CM	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	<b>0,024</b>	0,833	0,638	0,481	0,693	0,830	0,375	0,806
3 <sup>de</sup>	SCS150	0,177	0,189	0,123	0,147	0,080	0,080	0,000	0,232	0,273	0,167	0,244	0,163	0,126	0,000	<b>0,087</b>	0,803	0,682	0,856	0,962	0,580	0,862
	SCS400	0,127	0,196	0,144	0,151	0,065	0,108	0,000	0,240	0,374	0,258	0,312	0,185	0,203	0,000	0,536	<b>0,111</b>	0,908	0,915	0,772	0,869	0,530
	Inf	0,099	0,128	0,080	0,091	0,043	0,055	0,000	0,152	0,239	0,187	0,199	0,115	0,137	0,000	0,527	0,589	<b>0,066</b>	0,884	0,663	0,862	0,444
	Ernst	0,161	0,202	0,141	0,174	0,088	0,096	0,000	0,257	0,335	0,224	0,337	0,195	0,174	0,000	0,801	0,828	0,650	<b>0,096</b>	0,822	0,769	0,647
	Piek	0,092	0,115	0,079	0,112	0,052	0,053	0,000	0,154	0,192	0,112	0,177	0,153	0,116	0,000	0,594	0,555	0,337	0,499	<b>0,054</b>	0,631	0,837
	SCM	0,087	0,104	0,089	0,085	0,032	0,073	0,000	0,087	0,188	0,151	0,149	0,077	0,131	0,000	0,223	0,454	0,451	0,362	0,307	<b>0,041</b>	0,257
	CM	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	<b>0,032</b>

## ▪ Literatuur

Haas, Y. de. G. de Jong, J. ten Napel, W. Ouweltjes, O. Sampimon, R. Veerkamp and J. Windig (2007) Beest 5 - Verbetering van weerstand tegen mastitis via fokkerij – Eindrapport, UGCN, Deventer.

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, *J. Dairy Sci.* 91:2501-2511.

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 (2009) Production Loss Due to New Subclinical Mastitis in Dutch Dairy Cows Estimated With a Test-Day Model, *J. Dairy Sci.* 92:599-606

Huijps, K., T.J.G.M. Lam and H. Hogeveen (2008) Costs of mastitis : facts and perception, *J. Dairy Sci.* 75: 113–120.

Ten Napel J., Y. de Haas, G. de Jong, T. Lam, J. Windig, W. Ouweltjes (2009) Characterization of distributions of somatic cell counts, *J. Dairy Sci.* 92:1253-1264

Ouweltjes W., J.J. Windig, G. de Jong, T.J.G.M. Lam, J. ten Napel, and Y. de Haas (2008) The Use of Data from Sampling for Bacteriology for Genetic Selection against Clinical Mastitis, *J. Dairy Sci.* 91:4860-4870