УДК 636.2.034.082.2:575.113. https://doi.org/10.31548/animal2019.03.041

МОЖЛИВОСТІ ЗАСТОСУВАННЯ ПОКАЗНИКІВ ЕФЕКТИВНОСТІ ВИКОРИСТАННЯ КОРМУ І ВІДТВОРЕННЯ В МОЛОЧНОМУ СКОТАРСТВІ УКРАЇНИ

С. Ю. РУБАН, *доктор сільськогосподарських наук, професор,*
член-кореспондент НААН України,
ORCID: https://orcid.org/0000-0002-8114-3665
E-mail: rubansy@gmail.com
В. О. ДАНШИН, *кандидат сільськогосподарських наук,*
ORCID: https://orcid.org/0000-0001-9012-6835
E-mail: vadanshin68@gmail.com
Національний університет біоресурсів і природокористування України
О. М. ФЕДОТА, *доктор біологічних наук, професор,*
ORCID: https://orcid.org/0000-0001-9659-383X
E-mail:omfedota@karazin.ua
Харківський національний університет ім. В. Н. Каразіна

Анотація. *Метою досліджень було проведення аналізу селекційних особливостей ознак ефективності використання корму та відтворення у молочних корів на основі як світового, так і власного досвіду та обґрунтування можливостей організації в цьому напрямі селекційного процесу, базуючись на досвіді країн, які співставні з Україною за чисельністю племінного (підконтрольного) поголів'я. Показано, що залишкове споживання корму, яке визначають як різницю між кількістю фактичного спожитої сухої речовини корму і її потребою, є найбільш точним показником ефективності з точки зору фізіологічного потенціалу молочних корів, оскільки воно характеризує мінливість рухової (поведінкової) активності, обміну протеїну, перетравності корму і виділенню тепла під час ферментації і також може розглядатися як показник швидкості процесів метаболізму. Відбір за залишковим споживанням корму може бути надійним способом підвищення ефективності виробництва молока за рахунок зниження витрат кормів. На основі власних досліджень доведено вірогідний вплив фактору „генетична група" на такі показники, як добовий надій, рівень соматичних клітин і конверсія корму молочних корів. Надано огляд ознак відтворення, які на сьогоднішній день використовуються в селекції молочної худоби. Наведено результати оцінки генетичних параметрів за показниками ефективності використання корму та відтворення на основі як власних досліджень, так і світового досвіду. На основі отриманих генетичних параметрів здійснено прогноз можливих змін значення міжотельного періоду молочних корів за відбору тільки за надоєм молока. Оцінки генетичних кореляцій між ознаками молочної продуктивності і відтворення значно перевищували відповідні значення фенотипних кореляцій, що свідчить про*

суттєвий несприятливий генетичний зв'язок між молочною продуктивністю та відтворенням корів. Доведено можливості успішного покращення цих показників шляхом селекції навіть в умовах обмеженої чисельності підконтрольного поголів'я, враховуючи досвід таких країн, як Норвегія та Ізраїль. Як дієву модель організації селекційного процесу в Україні необхідно розглядати норвезьку селекційну програму «HD Genomics», яку можна частково реалізувати в Україні за рахунок спільних науково-виробничих проектів.

Ключові слова. *Напрями підготовки, спеціальності у сфері землеустрою, природничі науки.*

Актуальність.

Сталою тенденцію у розведенні молочної худоби є розширення спектру селекційних ознак. Нині селекція молочної худоби ведеться не тільки за молочною продуктивністю, а й за такими ознаками, як будова тіла, продуктивне довголіття, показники відтворення, стан здоров'я, працездатність. Також фахівці більшості розвинених країн приділяють більше уваги показникам, пов'язаним з ефективністю використання корму коровами порід молочного напряму продуктивності.

Оцінка ефективності використання корму (англ. feed efficiency) має суттєвий економічний сенс, оскільки вартість кормів складає значну частку у собівартості тваринницької продукції (Rubanetal., 2017). Серед продуктів харчування тваринного походження молоко корів характеризується найвищим рівнем конверсії корму (англ. feed conversion ratio, FCR), тобто витратами сухої речовини корму на 1 кг отриманої продукції, що ставить цей вид жуйних в вигідну позицію у порівнянні з іншими тваринами (Rubanetal., 2017).

Другою важливою складовою ефективного виробництва молока є відтворення маточного поголів'я стада. За даними літератури (Travetskey M. O., 2019), в умовах крупних молочних ферм України спостерігається тенденція щодо затримки прояву спонтанного еструсу у корів після отелення, що призводить до тотального застосування різних схем синхронізації.

Відомо, що репродукційна функція корів залежить від багатьох фізіологічних процесів (Valouretal., 2015). З точки зору селекції, існує декілька факторів, які стримують генетичне покращення рівня відтворення молочних корів, основними серед яких є: низький рівень успадковуваності, коли мінливість ознак відтворення переважно обумовлена такими факторами, як годівля, менеджмент, ветеринарний стан та інші; велике різноманіття показників, якими характеризують рівень відтворення; генетичний антагонізм між показниками рівня відтворення і молочної продуктивності корів. За таких умов актуальним є дослідження поліморфізму генів, які зумовлюють рівень репродукції у корів (Travetskey, 2019). Тривалий час більшість селекційних програм удосконалення молочних порід в країнах світу були спрямовані на використання локусів кількісних ознак або QTL (від англ. quantitativetraitloci), які обумовлюють мінливість кількісних ознак, пов'язаних з відтворенням та конверсією корму; наразі актуальним є

використання результатів геномної оцінки тварин.

Аналіз останніх досліджень і публікацій.

За оцінкою служби сільськогосподарських досліджень (Agricultural Research Service) міністерства сільського господарства США, у період з 2010 до 2017 роки частка вартості кормів у загальних витратах на виробництво молока становила 51 % (www.ers.usda.gov/data -products/milk-cost-of-production-estimates/).

Berryi D. P., Crowley J. J. (2013) виділяють дві категорії показників ефективності використання корму. Перша категорія – це показники, основані на співвідношенні, тобто на оцінці кількості продукції у розрахунку на одиницю споживаного корму, або навпаки. Друга – це залишкові показники або показники, засновані на регресії.

Показники ефективності використання корму, які побудовані на співвідношенні, мають певні недоліки, а саме (Berryetal., 2015): збільшення дисперсії помилок передбачення; наявність кореляцій між ознаками, що входять до чисельника і знаменника; неможливість диференціації витрат енергії корму на окремі функції організму.

Відповідно, важко передбачити відповідь на відбір за показниками, які основані на співвідношенні, оскільки ця відповідь може бути досягнута як у чисельнику, так і у знаменнику, а певні значення інтенсивності відбору будуть невідомими (Korver, 1988).

Традиційним показником ефективності використання корму є ефективність конверсії корму (англ. feed conversion efficiency, FCE), тобто витрати корму у розрахунку на одиницю продукції, але останнім часом замість нього все частіше використовують показник залишкового споживання корму (англ. residual feed intake, RFI), запропонований R. M. Koch та ін. (1963) і відомий також як «чиста ефективність використання корму» (англ. net feed efficiency). RFI визначають як різницю між кількістю фактичного спожитої сухої речовини корму і її потребою (Korver, 1988). Потреби сухої речовини корму можуть бути розраховані двома способами: - на основі використання лінійної регресії споживаної сухої речовини на певні характеристики тварин або на основі існуючих норм годівлі, наприклад, AFRC, NRC, CSIRO. Тварини з від`ємним і низьким залишковим споживанням корму вважаються більш економічно ефективними.

Щодо молочних корів, які знаходяться на різних стадіях лактації, то показники ефективності конверсії корму мають суттєві розбіжності щодо процесів анаболізму або катаболізму, особливо під час різних періодів до і після отелення (Rocheetal., 2009). Корови, організм яких мобілізує тканини тіла, мають більше енергії, доступної для виробництва молока і інших функції, але це негативно впливає на їх здоров`я і відтворення. Більше того, втрачені тканини тіла мають бути відновлені на стадії пізньої лактації або сухостійного періоду, тому будь-яке визначення ефективності використання корму дорослих корів має базуватися на вимірюваннях впродовж певного періоду часу.

Herd R. M., Oddyi V. H., Richardson E. C. (2004) зазначають, що залишкове споживання корму характеризує мінливість рухової та поведінкової активності, обміну протеїну, перетравності корму і виділенню тепла під час ферментації і також може розглядатися як показник швидкості процесів метаболізму.

Другою важливою групою ознак є ознаки відтворення корів, які можуть бути умовно розподілені на три категорії (Berryetal., 2014). Це ознаки, виражені інтервалами, такими, як міжотельний період, інтервал між отеленням і першою тічкою, між отеленням і першим осіменінням, між отеленням і запліднення (сервіс-період), між першим і останнім осіменінням, між першим осіменінням і запліднення і між першим осіменінням і отеленням). Друга категорія – це бінарні ознаки, тобто ознаки, виражені двома категоріями, наприклад, тільна або не тільна, рівень неповернення (англ. non-returnrate), що означає подовженість періоду, під час якого корову не осіменяли повторно після осіменіння (56, 90 або 282 дні). Наступною бінарною ознакою є запліднення за першого осіменіння, яке використовується для оцінки репродуктивного статусу корів та плідників. В системах із сезонним відтворенням використовується такий показник, як тільність в межах певного періоду часу (42 або 63 дні), який також є бінарною ознакою. До третьої категорії відносяться цілі чисельні ознаки, серед яких найбільш поширеною цілою ознакою відтворення корів єзагальне число осіменінь або число осіменіньу розрахунку на одне плідне.

До показників відтворення відносять також вік першого осіменіння і вік першого отелення. У США головним показником відтворення корів є показник тільності (англ. pregnancy rate), який відображає здатність корови запліднитись впродовж певної кількості 21-денних інтервалів, а збільшення рівня тільності на 1 % еквівалентно скороченню сервіс-періоду на 4 дні (Van Raden et al., 2004).

Важливим фактором успішної реалізації селекції за наведеними ознаками є система організації збору інформації на підконтрольному (племінному) поголів'ї. В Україні є певні обмеження, які пов'язані з малою чисельністю племінних тварин (табл. 1), що стримує темпи селекції .

Не співставними з даними по Україні є показники чисельності племінного поголів'я в США, Німеччині, але разом з цим в окремих країнах автономно (Норвегія) або майже автономно (Ізраїль) ведеться селекційний процес на обмежених підконтрольних популяціях місцевих або транскордонних порід. Досвід таких країн представляє інтерес для селекційного удосконалення вітчизняних порід. Значення міжотельного періоду свідчить про необхідність його покращення в тій чи іншій країні, оскільки оптимальне його значення спостерігається тільки в Норвегії.

Мета роботи – провести аналіз генетичних і селекційних особливостей показників ефективності використання корму та відтворення у молочних корів на основі світового та власного досвіду.

Матеріали і методи досліджень.

Дослідження проведено на основі даних по племінних господарствах України. Загальна вибірка склала більше 264 тис записів лактаційної діяльності по 92584 коровам.

Було визначено такі генетичні параметри, як успадковуваність, повторюваність, оцінено рівень генетичних кореляцій за ознаками продуктивності – надій за 305 днів, кількість молочного жиру та білка, та відтворення – тривалість міжотельного і сервіс-періоду. В таблиці 2 наведено основні показники досліджуваних ознак у загальній вибірці корів.

Аналіз генетичних параметрів виконано з використанням багатомірної моделі – «модель тварини»:

1. Продуктивність, чисельність та співвідношення підконтрольної частини до загальної кількості корів в різних країнах світу

Країна	Загальнепоголів'я корів	Попідконтрольномупоголів`ю			Часткапідконтрольної частини до загальної кількості корів, %
		голів	надій молока за 305 днів, кг	Між отельний період, днів	
США	9333000[1]	4234292[2]	12882[2]	412[2]	45,4
Німеччина	4200000[3]	1202209[4]	8846[4]	404[4]	28,6
Ізраїль	129000[5]	90845[4]	11865[4]	417[4]	70,4
Норвегія	200000[6]	198000[6]	7501[4]	383[7]	99,0
Україна	1926300[8]	131836[9]	7277[9]	415[10]	6,8

Примітки: 1 - www.nass.usda.gov; 2 - https://queries.uscdcb.com/eval/ summary/ trend.cfm;3 - https://www.rind-schwein.de/brs-common/home-gb-3.html;4 – International Committee for Animal Recording. Year lysurvey on the situation of milk recording systems (years 2016, 2017 and 2018) in ICAR member countries for cow, sheep and goats; 5 – Israel Dairy Facts and Figures. Israel dairy board. 2016. 12pp. 6 - https://www.norwegianred.com/Start/Norwegian-Red/about-norwegian-red/genomic-selection/; 7 - Ferris C. P., D. C. Patterson, F. J. Gordon, S. Watson, and D. J. Kilpatrick. Calving traits, milk production, body condition, fertility, and survival of Holstein-Friesian and Norwegian Reddairy cattle on commercial dairy farms over 5 lactations. //J.DairySci., 2010, Vol.97, p.5206-5218; 8 - https://minagro.gov.ua/ua/napryamki/tvarinnictvo/analiz-ta-monitoring-stanu-galuzej-tvarinnictva; 9 – Державний реєстр суб`єктів племінної справи у тваринництві. 2018 рік. Том ІІ. Міністерство аграрної політики та продовольства України. Інститут розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН. с. Чубинське – 2019, 292 с.; 10 – дані на основі власних досліджень.

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{Xb} + \boldsymbol{Z_1a} + \boldsymbol{Z_2p} + \boldsymbol{e}, \qquad (1)$$

де $\boldsymbol{y}$ – вектор спостережень (значення ознак, за якими проводять оцінку);

$\boldsymbol{X}$ – матриця, що пов'язує спостереження з градаціями фіксованих середовищних ефектів;

$\boldsymbol{b}$ – вектор фіксованих середовищних ефектів (група ровесниць (сполучення стадо х рік х сезон отелення), вік отелення, номер лактації);

$\boldsymbol{Z_1}$ – матриця, що пов'язує спостереження з тваринами;

$\boldsymbol{a}$ – вектор племінних цінностей бугаїв-плідників і корів;

$\boldsymbol{Z_2}$ – матриця, що пов'язує спостереження з постійними середовищними ефектами;

$\boldsymbol{p}$ – вектор постійних середовищних ефектів корів;

$\boldsymbol{e}$ – вектор випадкових відхилень (залишків).

Компоненти дисперсій і коваріанс розраховано з використанням методу обмеженої максимально правдоподібності (англ. restricted maximum likelihood, REML) із застосуванням програми remlf90 з пакету BLUPF90 (Misztal et al., 2018).

Коефіцієнти успадковуваності (h^2) і повторюваності (r_w) ознак визначено за формулами 2 і 3:

$$h^2 = \sigma^2_a / (\sigma^2_a + \sigma^2_p + \sigma^2_e), \qquad (2)$$

$$r_w = (\sigma^2_a + \sigma^2_p) / (\sigma^2_a + \sigma^2_p + \sigma^2_e), \qquad (3)$$

де σ^2_a – адитивна генетична дисперсія;

σ^2_p – дисперсія постійних середовищ них ефектів;

σ^2_e – дисперсія випадкових середовищ них ефектів (залишків).

Коефіцієнти генетичної кореляції (r_{Gxy}) між ознаками розраховувались за формулою 4:

2. Основні показники досліджуваних ознак

Ознака	Кількість лактацій	M ± m	σ	Cv, %
Надій за 305 днів,кг	264316	6596,25 ± 4,42	2271,82	34,4
Вихід молочного жиру, кг	264147	245,78 ± 0,17	86,02	35,0
Вихід молочного білка, кг	124852	230,02 ± 0,22	78,17	34,0
Тривалістьміжотельного періоду, днів	189628	415,03 ± 0,23	98,36	23,7
Тривалість сервіс-періоду, днів	189669	136,18 ± 0,23	100,71	74,0

$$r_{Gxy} = cov_{xy} / (\sigma_{ax} \cdot \sigma_{ay}), \quad (4)$$

де cov_{xy} – адитивна генетична коваріанса між ознаками *x* і *y*;

σ_{ax} *і* σ_{ay} – адитивні генетичні стандартні відхилення ознак *x* і *y*, відповідно.

Для оцінки можливостей селекційного впливу на показник конверсії корму досліджено вплив генетичного фактору «порода» на основні господарсько-корисні ознаки поголів'яу 1500 корів (ТОВ «МВК «Єкатеринославський», Дніпропетровська область) з використанням однофакторного дисперсійного аналізу. Загальне поголів'я було розділено на дві групи згідно породної належності: чистопорідні первістки швіцької породи та первістки української чорно-рябої та червоно-рябої молочних порід.

Результати досліджень та їх обговорення.

В умовах «МВК «Єкатеринославський» доведено вірогідний вплив фактору «генетична група» на такі показники, як добовий надій, рівень соматичних клітин, конверсія корму (табл. 3).

Застосування зазначеного методу оцінки впливу контрольованого фактору довело можливості впливу на важливі ознаки саме селекційним шляхом.

Крім того, ефективність селекції залежить від наявної генетичної мінливості, яка виражається коефіцієнтом успадковуваності. Коефіцієнт успадковуваності ефективності конверсії корму становить від 0,14 до 0,37 (Pryce and Berry, 2014); залишкового споживання корму – від 0,23 до 0,40 для молодняку і від 0,06 до 0,63 для дорослих корів (Berry and Pryce, 2014).

Lin Z., Macleod I. і Pryce J. E. (2013) провели оцінку генетичних параметрів залишкового споживання корму і інших ознак ефективності споживання 842 телиць голштинської породи. Всі ознаки мали суттєву генетичну складову – коефіцієнт успадковуваності становив від 0,45 до 0,50. Дві ознаки мали суттєві генетичні кореляції із залишковим споживанням корму – споживання сухої речовини і тривалість споживання корму, а дві ознаки мали фенотипічні кореляції із залишковим споживанням корму – споживання сухої речовини і рівень споживання корму. Результати дослідження свідчать про наявність зв'язку між залишковим споживанням корму і поведінкою корів, пов`язаною з годівлею.

Головною перешкодою застосування показників ефективності використання корму у селекції є обмеженість індивідуальних даних щодо споживання кормів коровами, оскільки індивідуальний облік споживання потребує наявності на фермі відповідного обладнання. Існує дві мож-

3. Оцінка впливу фактора «генетична група»на низку ознак рівня продуктивності та якості молока (Ruban et al., 2017)

Ознака	Ступінь впливу	Критерій F	Рівень вірогідності P
Добовий надій, кг	0,131	23,592	0,999
Вміст жиру в молоці, %	0,011	1,831	0,822
Вміст білка в молоці, %	0,025	4,105	0,956
Рівень соматики	0,113	20,575	0,999
Рівень сечовини	0,010	0,003	0,045
Кислотність	0,010	0,002	0,036
Конверсія корму	0,130	20,690	0,998

ливості вирішення цієї проблеми – це використання предикторних показників та геномне прогнозування.

З метою збільшення об'єму індивідуальних даних щодо споживання корму молочними коровами була започаткована міжнародна ініціатива (Global Dry Matter Initiative) за участю 9 партнерів, що дозволило створити базу даних по більш ніж 6000 коровах з відомими генотипами і фенотипами (Egger-Danner et al., 2015).

Важливою перевагою використання залишкового споживання корму є його вплив на емісію метану, оскільки зниження залишкового споживання корму на 1 кг обумовлює зменшення емісії метану на 4-8 % (Lovendahl et al., 2018).

До небажаних властивостей залишкового споживання корму відноситься негативний зв›язок цього показника з рівнем відтворення молочних корів. Щодо зв'язку між залишковим споживанням корму і молочною продуктивністю, то за даними R. F. Veerkamp зі співавторами (1995) фенотипічна кореляція між залишковим споживанням корму і надоєм молока близька до нуля.

Генетична архітектура залишкового споживання корму характеризується полігенним типом успадкування. Spurlock D. M. та ін. (2014) провели повногеномне дослідження зв'язків залишкового споживання корму 2894 корів з використанням панелі у 61013 SNP та встановили, що SNP обумовлюють 14 % мінливості цього показника. У дослідженні L. C. Hardie та ін. (2017) було ідентифіковано два регіони на 4-й і 27-й хромосомах, що містять гени, які впливають на залишкове споживання корму молочними коровами.

На сьогоднішній день показники ефективності використання корму вже використовуються в селекції молочної худоби окремих країн. Hayes B. J., vander Werf J. H. J. і Pryce J. E. (2011) провели оцінку заміщення у австралійському індексі прибутковості (англ. Australian Profit Rank, APR) живої ваги молочних корів геномною оцінкою племінної цінності за залишковим споживанням корму і дійшли висновку, що це дозволить підвищити прибутковість корів на 3,8 %. У 2015 році у селекції молочної худоби Австралії був введений новий економічний індекс – індекс збалансованої продуктивності (англ. Balanced Performance Index, скорочено BPI). Він включає оцінку племінної цінності за економією корму (англ. Feed Saved Breeding Value), яка визначається як різниця між витратами корму на підтримку і залишковим споживанням корму.

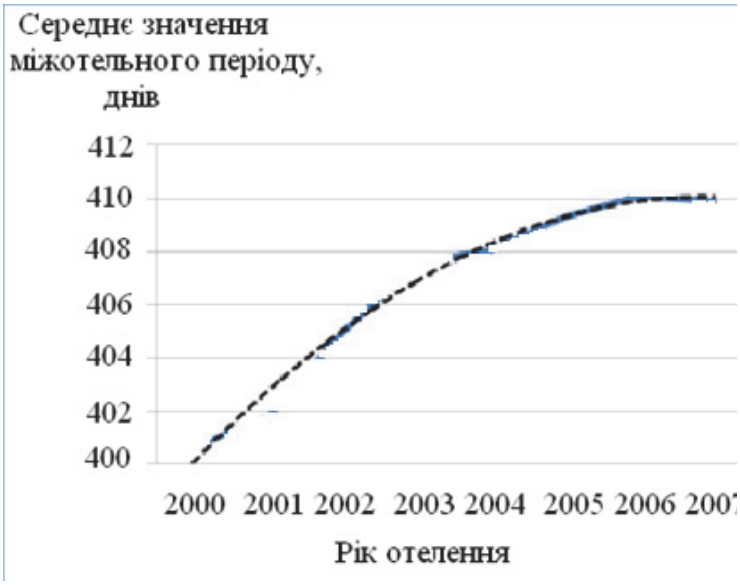

Рис.1. Середній фенотипічний тренд тривалості між отельного періоду корів голштинської породи по 16 країнах світу

Загальносвітовою тенденцією у молочному скотарстві, пов'язаною зі сталим підвищенням продуктивності корів, є зниження рівня відтворення. На рис. 1 наведено узагальнені дані щодо рівня відтворення корів голштинської породи у країнах, які є членами Всесвітньої Голштино-Фризької Федерації (Pryce et al., 2014).

Як видно з наведених рисунків, за період з 2000 по 2007 роки середній міжотельний період молочних корів щорічно збільшувався на 1,4 дня. Водночас середнє значення рівня неповернення корів зменшувалось щорічно на 0,8 %.

За даними M. C. Lucy (2001), зниження рівня відтворення молочних корів пов'язане не тільки зі збільшенням молочної продуктивності, а й з впливом інших факторів, наприклад, зі збільшенням розміру молочних стад, що спостерігається в США, зі змінами в умовах утримання, з нестачею робочої сили, з ростом рівня інбридингу і глобальним потеплінням.

Berry D. P., Walli E. і Pryce J. E. (2014) представили результати мета-аналізу 55 досліджень щодо оцінки генетичних параметрів репродуктивних ознак корів голштино-фризьких популяцій. Найбільш поширеними показниками відтворення молочних корів є інтервал від отелення до першого осіменіння і міжотельний період. Коефіцієнти генетичної варіації, тобто відношення адитивного генетичного стандартного відхилення до середнього значення цих ознак склали 7 % і 2 %, відповідно, що свідчить про наявність суттєвої генетичної мінливості рівня відтворення. Коефіцієнти успадковуваності ознак, виражених інтервалами, в цілому вище, ніж коефіцієнти успадковуваності бінарних і цілих чисельних ознак. Найвищі коефіцієнти успадковуваності мали такі показники, як інтервал від отелення до першої тічки, інтервал між отеленням і початком лютеальної активності, а також вік за

першого осіменіння і вік за першого отелення. Успадковуваність інших ознак відтворення була на досить низькому рівні – від 0,02 до 0,05. У ряді досліджень було виявлено наявність в загальній генетичній мінливості ознак відтворення неадитивних компонент (Jiang J. та ін, 2019; Sun C. та ін., 2014). Більшість коефіцієнтів генетичної кореляції між показниками відтворення корів мали середні або високі значення. За виключенням генетичної кореляції між інтервалом від отелення до першого осіменіння і інтервалом від першого до плідного осіменіння (0,41), середні значення генетичних кореляцій між інтервальними показниками варіювали від 0,82 до 0,99, що обумовлено їх частковим співпаданням, наприклад, інтервал між отеленням і першим осіменінням є частиною міжотельного періоду.

Важливе значення має генетичний зв›язок між ознаками відтворення і іншими селекційними ознаками молочних корів. В цілому має місце антагоністичний генетичний зв'язок між основними ознаками відтворення і молочної продуктивності (Danshinetal., 2017). В той же час генетичні кореляції між показниками відтворення і рівнем вгодованості корів є сприятливими, тобто підвищення вгодованості пов'язане з покращенням відтворення. Це стосується і генетичного зв'язку між показниками відтворення і виживанням корів.

Незважаючи на низький рівень успадковуваності і інші стримуючі фактори, такі як генетичний антагонізм між молочною продуктивністю і показниками відтворення, існує можливість не тільки зупинення зниження рівня відтворення молочних корів на генетичному рівні, а й досягнення певного генетичного прогресу. Наглядним прикладом є досвід американських селекціонерів. Протягом 45 років в популяції голштинських корів США відбувалося стале зниження показників рівня відтворення, що відображено на рис. 2 (https://queries.uscdcb.com/eval/summary/trend.cfm). Успішне запліднення голштинських корів нині потребує на 50 днів більше часу, ніж 50 років тому.

Починаючи з 2002 року спостерігалася певна стабілізація – у 2003 році показник рівня тільності був включений до індексу Net Merit, а з

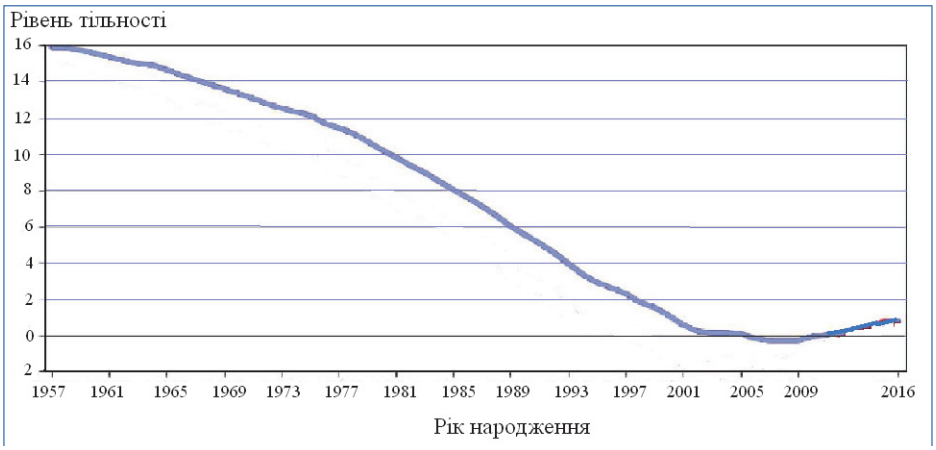

Рис. 2. Генетичний тренд рівня тільності корів голштинської породи США (https://queries.uscdcb.com/eval/summary/trend.cfm)

2009 року, після впровадження геномної селекції, рівень відтворення почав дещо підвищуватись.

Яскравим прикладом успішної селекції молочної худоби за показниками відтворення є Норвегія (Ruban end Danshin., 2019). Ознаки відтворення були включені до селекційної програми норвезької червоної породи ще у 1971 році (www.norwegianred.com). На сьогоднішній день відносна вага індексу плодючості дочок (англ. Daughter fertility index) у складі індексу загальної цінності (англ. Total merit index, TMI) дорівнює 13,87 %. Індекс плодючості дочок включає число осіменінь телиць (22 %), число осіменінь корів (45 %) і інтервал від отелення до першого осіменіння (33 %).

Нами було проведено дослідження генетичних параметрів - успадковуваності, повторюваності, фенотипічних і генетичних кореляцій ознак продуктивності (надій за 305 днів, кількість молочного жиру та білка) і відтворення (тривалість міжотельного періоду і сервіс-періоду) молочних корів порід молочного напряму продуктивності в Україні, результати якого наведенів таблицях 4, 5 і 6.

Отримані оцінки коефіцієнтів успадковуваності свідчать про більш високий рівень генетичної мінливості ознак молочної продуктивності порівняно з ознаками відтворення, що є загальною закономірністю у молочному скотарстві.

Щодо оцінок зв'язку між досліджуваними ознаками, то значення фенотипічних і генетичних кореляцій між ознаками молочної продуктивності є досить близькими, тоді як генетичні кореляції між ознаками молочної продуктивності і відтворення в 4 – 5 разів перевищують відповідні значення фенотипічних кореляцій (табл. 5 і 6), що свідчить про суттєвий несприятливий генетичний зв'язок між показниками молочної продуктивності та відтворення корів. Отримані результати зіставні з даними інших вчених (Berry et al., 2014).

Генетична природа антагонізму між показниками відтворення і молочної продуктивності корів була представлена у дослідженні L. Ma та ін.(2019). Автори провели порівняння генетичних особливостей двох ліній голштинської худоби, які з 1964 року знаходилися в однакових умовах середовища та менеджменту. Водночас в одній лінії проводили відбір за показниками молочної продуктивності, а інша лінія була контрольною. Результати показали, що відбір за молочною продуктивністю привів до змін частот генів, які впливають на рівень відтворення, що призвело до його погіршення.

На основі отриманих генетичних параметрів нами було здійснено прогноз можливих змін значення тривалості міжотельного періоду молочних корів під час відбору тільки за надоєм молока (рис. 3).

4. Оцінки коефіцієнтів успадковуваності(h2) і повторюваності (rw)ознак молочної продуктивності і відтворення корів молочних порід в Україні

Ознака	h2	rw
Надій, кг	0,37	0,52
Вихід молочного жиру	0,40	0,51
Вихід молочного білка	0,43	0,52
Тривалість міжотельного періоду, днів	0,06	0,21
Тривалість сервіс-періоду, днів	0,05	0,20

5. Оцінки коефіцієнтів фенотипічної кореляції між ознаками молочної продуктивності і відтворення корів молочних порід в Україні

Ознака	Надій	Вихід молочного жиру	Вихід молочного білка	Тривалість міжотельного періоду
Надій,	1			
Вихід молочного жиру	0,98 ± 0,0004***	1		
Вихід молочного білка	0,99 ± 0,0004***	0,97 ± 0.0007***	1	
Тривалість міжотельного періоду	0,11 ± 0,0023***	0,10 ± 0,0023***	0,13 ± 0,0032***	1
Тривалість сервіс-періоду	0,12 ± 0,0023***	0,10 ± 0,0023***	0,14 ± 0,0032***	0,99 ± 0,0002***

Примітка: Р – рівень значущості, *** - Р > 0,999

За нашими результатами, підвищення рівня надою шляхом відбору тварин веде до погіршення рівня відтворення молочних корів. За збільшення надою на кожні 500 кг міжотельний період збільшується на 1-2 дні. Отримані дані свідчать про необхідність врахування показників відтворення за проведення оцінки і відбору молочних корів.

Генетичне покращення корів за будь-якими ознаками потребує, окрім проведення генетичної оцінки, впровадження ефективної селекційної програми. Для генетичного покращення норвезької червоної породи використовується селекційна програма «HD Genomics» (рис. 4). Загальна популяція цієї породи складає 200000

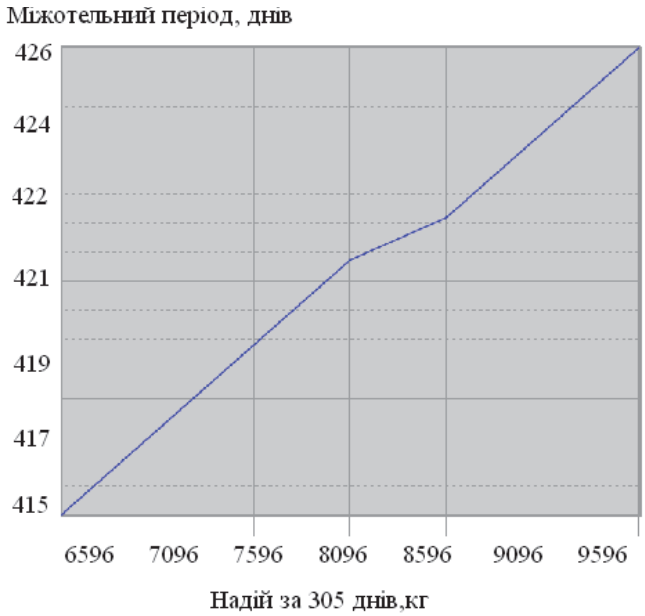

Рис. 3. Прогноз зміни міжотельного періоду за відбору за надоєм молока

Рис. 4. Селекційна програма «HD Genomics», яка використовується для генетичного покращення норвезької червоної породи (www.norwegianred.com)

корів (www.norwegianred.com). Відповідно щорічно народжується біля 100000 бугайців і 100000 телиць. По кожній тварині в популяції здійснюється систематичний збір інформації щодо показників молочної продуктивності, ознак будови тіла за лінійною шкалою, показників відтворення тощо, яка використовується для отримання оцінок племінної цінності. Згідно з селекційною програмою «HD Genomics», із загальної кількості щорічно народжуваних телят відбирають 8000 бугайців і 12 тисяч телиць, яких генотипують. Селекційна програма «HD Genomics» являє собою одно-крокову програму геномної селекції, тобто за оцінки племінної цінності тварин використовується вся наявна інформація про фенотипи, генотипи і дані родоводу тварин.

З оцінених 8000 бугайців і 12000 телиць відбирають 50-60 елітних бугайців і 90 елітних телиць, яких використовують для отримання сперми і ембріонів. Успішне використання геномної оцінки дає змогу досягти високих темпів генетичного прогресу в умовах невеликої чисельності популяції за рахунок раннього відбору тварин і скорочення водночас генераційного інтервалу. На наш погляд, така модель організації селекційного процесу – єдина можлива для використання в умовах України, коли вся генетична робота здійснюється на поголів'ї у 180-200 тис корів «замкнутої в собі» популяції.

Висновки та перспективи.

Найбільш науково обґрунтованим показником ефективності використання корму молочних корів є залишкове споживання корму. Селекція молочної худоби за залишковим споживанням корму може бути ефективним способом підвищення економічної ефективності виробництва молока.

Показники відтворення можуть бути покращені селекційним шляхом. Доцільно розглянути норвезьку селекційну програму «HD Genomics» як приклад дієвої моделі організації селекційного процесу в Україні, яку можна реалізувати за рахунок спільних науково-виробничих проектів.

References

1. Berry, D. P., Wall, E., Pryce, J. E. (2014). Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle. Animal. 8. 105-121.
2. Berry, D. P., Crowley, J. J. (2013). Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. J. Anim. Sci. 91. 1594-1613.
3. Berry, D. P., Kennedy, E., Crowley, J. J. (2015). Genetics of feed intake and efficiency. In: The Genetics of Cattle. 2nd Edition. Edited by Garrick D.J. and A. Ruvinsky. CAB International. 642.
4. Berry, D. P., Pryce, J. E.(2014). Feed Efficiency in Growing and Mature Animals. Proceedings. 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver. BC Canada. 17-22.
5. Danshin, V. O., Ruban, S. Y., Afanasenko, V. Y. (2017). Evaluation of breeding values of sires and cows in dairy breeds. The Animal Biology. 19 (1). 44-53.
6. Egger-Danner, C., Cole, J. B., Pryce, J. E., Gengler, N., Heringstad, B., Bradley, A., Stock, K. F. (2015). Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. Animal. 9 (2) 191-207.
7. Hardie, L. C., VandeHaar, M. J., Tempelman, R. J., Weigel, K. A., Armentano, L. E., Wiggans, G. R., Veerkamp, R. F., de Haas, Y., Coffey, M. P., Connor, E. E., Hanigan, M. D., Staples, C., Wang, Z., Dekkers, J. C. M., Spurlock, D. M. (2017). The genetic and biological basis of feed efficiency in mid-lactation Holstein dairy cows. J. Dairy Sci.100. 9061-9075.
8. Hayes, B. J., van der Werf, J. H. J., Pryce, J. E. (2011). Economic benefit of genomic selection for residual feed intake (as a measure of feed conversion efficiency) in Australian dairy cattle. Recent Advances in Animal Nutrition. 18.31-35.
9. Herd, R. M., Oddy, V. H., Richardson, E. C. (2004). Biological basis for variation in residual feed intake in beef cattle. 1. Review of potential mechanisms. Australian Journal of Experimental Agriculture.44.423-430.
10. Jiang, J., Li, Ma, Prakapenka, D., VanRaden, P. M., Cole, J. B., Da,Y. (2019). A Large-Scale Genome-Wide Association Study in U.S. Holstein Cattle. Frontiers in Genetics. 10. 412. 21.
11. Koch, R. M., Swiger, L. A., Chambers, D., Gregory, K. E. (1963). Efficiency of feed use in beef cattle. J. Anim. Sci.22.486-494.
12. Korver, S. (1988) Genetic aspects of feed intake and feed efficiency in dairy cattle: a review. Livest. Prod. Sci.20. 1-13.
13. Lin, Z., Macleod, I., Pryce, J. E. (2013) Estimation of genetic parameters for residual feed intake and feeding behavior traits in dairy heifers. J. Dairy Sci. 96.2654-2656.
14. Lovendahl, P., Difford, G. F., Li, B., Chagunda, M. G. G., Huhtanen, P., Lidauer, M. H., Lassen, J., Lund, P. (2018) Review: Selecting for improved feed efficiency and reduced methane emissions in dairy cattle. J. Anim. Sci.12 (2).336-349.
15. Lucy, M. C. (2001). Reproductive Loss in High-Producing Dairy Cattle: Where Will It End? J. Dairy Sci.84. 1277-1293.

16. Ma, L., Sonstegard, T. S., Cole, J. B., VanTassell, C. P., Wiggans, G. R., Crooker, B. A., Tan, C., Prakapenka, D., Liu, G. E., Da, Y. (2019). Genome changes due to artificial selection in U.S. Holstein cattle. BMC Genomics. 20. 128.
17. Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. (2018). Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia. Athens. USA. 142.
18. Pryce, J. E., Berry, D. P. (2014). Genomic breeding values for novel traits such as feed efficiency through female only reference populations. ICAR ConferenceBerlin. Berlin. Germany.
19. Pryce, J. E., Woolaston, R., Berry, D. P., Wall, E., Winters, M., Butler, R., Shaffer, M. (2014). World Trends in Dairy Cow Fertility. Proceedings. 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver. BC Canada. 6.
20. Roche J.R., Friggens N.C., Kay J.K., Fisher M.W., Stafford K.J., Berry D.P. (2009) Invited review: body condition score and its association with dairy cow productivity, health, and welfare. J. Dairy Sci.92. 5769-5801.
21. Ruban, S. Y., Danshin, V. O. (2019). Modern methods of animal breedung. National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine. Kyiv. 434.
22. Ruban, S. Y., Fedota, O. M., Danshin, V. O., Mitiohlo, L. M. (2017). Experience and perspectives of milk pricing (Ukraine and world tendencies).Agricultural science and food technologies.Vinnytsa National agrarian university. 1 (95). 148-158.
23. Ruban, S. Yu., Perekrestova, A. V., Shablia, V. D., Bochkov, V. M. (2018). Feed conversion efficiency in different groups of dairy cows. Ukrainian journal of Ecology. 8 (1).124-129.
24. Spurlock, D. M., Tempelman, R. J., Weigel, K. A., Armentano, L. E., Wiggans, G. R., Veerkamp, R. F., de Haas, Y., Coffey, M. P., Connor, E. E, Hanigan, M. D., Staples, C.,VandeHaar, M. J. (2014). Genetic Architecture and Biological Basis of Feed Efficiency in Dairy Cattle. Proceedings. 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver. BC Canada. 5.
25. Sun, C., Van Raden, P. M., Cole, J.B., O'Connell, J.R. (2014). Improvement of Prediction Ability for Genomic Selection of Dairy Cattle by Including Dominance Effects. PLOS One. 9 (8). e103934. 18.
26. Travetskey, M. O. (2019). Clinical-experimental grounding increase of conception rate of cows by oestrus stimulation and synchronization. Manuscript. Kyiv. 21.
27. Valour, D., Michot, P., Eozenou, C., Lefebvre, R., Bonnet, A., Capitan, A., Uzbekova, S., Sellem, E., Ponsart, C.,Schibler, L. (2015). Dairy cattle reproduction is a tightly regulated genetic process: Highlights on genes, pathways, and biological processes. Animal Frontiers.5 (1) 32-41.
28. Van Rade, P. M.,. Sanders, A, Tooker, M., Miller, R., Norman, H., Kuhn, M., Wiggans, G. (2004). Development of a national genetic evaluation for cow fertility. J. Dairy Sci.87.2285-2292.
29. Veerkamp, R. F., Emmans, G. C., Cromie, A. R., Simm, G. (1995). Variance components for residual feed intake in dairy cows. Liv. Prod. Sci. 41. 111-120.

S. Yu. Ruban, V. O. Danshin, A. M. Fedota (2019). POSSIBILITIES OF APPLICATION OF FEED EFFICIENCY AND REPRODUCTION TRAITS IN DAIRY CATTLE BREEDING OF UKRAINE. *ANIMAL SCIENCE AND FOOD TECHNOLOGY, 10(3): 41-55.*
https://doi.org/10.31548/animal2019.03.041

Abstract. *The purpose of the research was to analyze genetic and breeding peculiarities of feed efficiency and reproductive traits of dairy cows on the basis of world-wide and own experience as well as to ground possibilities of organization breeding process in this direction*

based on experience of countries comparable with Ukraine according to number of breeding (recorded)cows.It was shown that residual feed intake defined as difference between amounts of actually consumed dry matter and its requirement is the most accurate indicator of efficiency from the viewpoint of physiological potential of dairy cows, because it characterizes variability of moving (behavioral) activity, protein metabolism, feed digestibility and heat emission in the process of fermentation and may be considered as indicator of rate of metabolic processes. Selection for residual feed intake may be reliable way to increase efficiency of milk production by means of reducing feed costs. On the basis of own investigations significantinfluence of the factor genetic group" on daily milk yield, somatic cell count and feed conversion was proved. The overview of reproductive traits which are used nowadays in dairy cattle breeding was given. Results of estimation of genetic parameters of feed efficiency and reproduction traits on the basis of own researches and world experience were presented. Based on obtained genetic parameters possible changes of calving interval of dairy cows as a result of selection for milk yield only were predicted. Estimates of genetic correlations between milk production and reproductive traits considerably exceeded corresponding estimates of phenotypic correlations, what proves the existence of negative genetic relationship between milk production and reproduction of cows. Taking into account experience of such countries as Norway and Israel the possibility of successful improvement of these traits by means of selection even in conditions of limited number of recorded cows was proved. Norwegian breeding program «HD Genomics» should be considered as effective model of organization breeding process in Ukraine as this program may be partly realized Ukraine through joint projects.

Keywords: *dairy cattle, feed efficiency, reproduction, QTL, SNP, selection, breeding organization.*