

СТАН ПЛЕМІННОГО ТВАРИННИЦТВА ТА НАПРЯМИ СЕЛЕКЦІЇ В МОЛОЧНОМУ СКОТАРСТВІ УКРАЇНИ

С. Ю. РУБАН, доктор сільськогосподарських наук, професор, завідувач кафедри генетики, розведення та біотехнології тварин¹

О. М. ФЕДОТА, доктор біологічних наук, професор²

М. А. МАТВЄЄВ, аспірант* кафедри генетики, розведення та біотехнології тварин¹

М. Є. МАРТИНОВА, магістр** кафедри генетики, розведення та біотехнології тварин¹

¹*Національний університет біоресурсів і природокористування України*

²*Харківський національний університет імені В. Н. Каразіна*
E-mail: rubansy@gmail.com , mykhaiylo_17@i.ua

***Анотація.** Наведено дані про стан генетичних ресурсів тваринництва та галузі молочного скотарства України. Відзначено незначну чисельність підконтрольного племінного поголів'я по основних породах що знижує інтенсивність відбору та вірогідність оцінки племінної цінності плідників. Доведено як можливості так і необхідність застосування сучасних підходів які базуються на досягненнях в генетиці (геноміка), біотехнології (екстракорпоральне запліднення, запліднення in vitro). Розглянуто світовий досвід організації селекційної роботи в малих популяціях, та можливості його застосування на таких породах як українські чорно-ряба, червоно-ряба, червона та бура молочні породи. Констатовано сталу тенденцію щодо зростання питомої ваги голштинської породи північноамериканського походження. Зроблено пропозиції по напрямкам селекції з основними молочними породами в Україні.*

***Ключові слова:** молочні породи, велика рогата худоба, генетичні кореляції, кількісні ознаки, інтенсивність селекції, молоді бугаї, матері бугаїв, ефект селекції, геномна племінна цінність.*

***Актуальність.** За останні роки в світі при реалізації селекційних програм по різних галузях тваринництва були здійснені суттєві зміни завдяки застосуванню сучасних розробок в молекулярній генетиці кількісних ознак (геноміка), біотехнології (розподіл гамет за статтю, запліднення in vitro), інформаційних систем та математичних моделей (міжнародний обмін даними та формування міжнаціональних інформаційних банків, застосування матричних моделей оцінки генетичної цінності тощо). В багатьох країнах*

© Рубан С. Ю., Федота О. М., Матвєєв М. А., Мартинова М. Є., 2018

* Науковий керівник – доктор с. – г. наук, с. н. с. А. А. Гетья

** Науковий керівник – кандидат с. – г. наук, доцент М. В. Себа

світу склалась ціла система організаційних підходів яка притаманна сучасній галузі високопродуктивного скотарства [4,7,8,10]. В цій ситуації важливим являється оцінка як стану так і можливостей застосування таких підходів в галузі молочного скотарства України для уникнення з одного боку наростаючого імпорту племінних ресурсів, а з другого – розширення можливостей обміну племінним матеріалом та інтеграції в світовий виробничо-науковий простір. Автори здійснили спробу надати власну оцінку таким можливостям з урахуванням тих особливостей які склались безпосередньо в цій вітчизняній галузі.

Аналіз останніх досліджень та публікацій. За даними ряду українських дослідників [12] ефект племінної роботи в Україні, в ряді випадків, обмежений малою чисельністю підконтрольного поголів'я по основних видах тварин що ставить ряд організаційних питань щодо інтенсивності відбору та оцінки плідників за якістю потомства. За таких умов використання геномних оцінок племінної цінності тварин (геномний тест) дає певні можливості при вирішенні цієї проблеми [4].

Згідно даних, які отримані в умовах розведення джерсейської худоби доведено, що для малочисельних популяцій характерна відносно невисока надійність геномних прогнозів [14]. Авторами підтверджено, що такі обмеження не відносяться до схем використання в малочисельних популяціях молодих бугаїв за умов підвищення надійності значень GEBV (від англ. genomic estimated breeding value – геномна оцінка племінної цінності). Ряд селекціонерів рекомендують обмінюватися інформацією щодо відмінностей послідовностей ДНК в геномі на міжнародному рівні для уточнення SNP характеристик (SNP від англ. *Single nucleotide polymorphism* – однонуклеотидний поліморфізм). Оцінка плідників за значенням GEBV ефективна в багаточисельних популяціях де прикладом може слугувати голштинська порода [11]. Для малочисельних молочних порід , до яких можна віднести джерсейську породу, рекомендовано використовувати можливості об'єднання європейської та північноамериканської джерсейських популяцій в одну спільну [13]. На думку ряду дослідників [1,15] така робота передбачає створення референтних стад в межах об'єднаних популяцій однієї породи. Використання для цього інформації з таких поширених популяцій як голштинська не була успішною саме для підвищення точності значень GEBV в інших – малочисельних породах [9].

На основі ряду експериментів по геномному відбору [10] було зроблено два основних висновки: 1) робоча популяція повинна бути достатньо великою, щоб передбачити точні значення таких оцінок GEBV; 2) рівняння передбачення яке отримано по одній породі не може прогнозувати точний ефект GEBV для застосування на інших. Два висновки є проблемними для тих порід, де число спостережень в контрольній популяції обмежено. Потенційним рішенням на ствердження авторів є створення мультипородної (еталонної) популяції де точність GEBV буде скоригована на фактор „порода” завдяки виявленню як фенотипових так і геномних розбіжностей між тваринами цих груп. Приклад застосування саме такого підходу наведено в

роботі M. Erbe, L. K. Matukumalli, B. J. Hayes, та ін [6], які оцінили точність GEBV корів «змішаної» популяції по таких породах як джерсейська та голштинська. В результаті використання зазначеної комбінованої популяції були установлені розбіжності по SNP маркерам між зазначеними групами тварин. За основу була взята кореляція GEBV з відхиленням комплексу ознак валідуючої популяції. Для прогнозування значень використовувались два методи: 1) геномний BLUP (GBLUP mod); 2) метод BayesR побудований на моделі скінченної кількості локусів. Таким чином доведена спроможність селекційної роботи в малих популяціях з використанням тестів GEBV та використанням при цьому певної методології проведення верифікації отриманих даних.

Мета дослідження. Метою досліджень є оцінка стану племінних ресурсів тваринництва України та підтвердження робочої гіпотези щодо можливостей організації селекційного процесу в молочному скотарстві на обмеженій частині поголів'я.

Матеріали і методи дослідження. Матеріалом для досліджень була офіційна інформація органів статистичного та племінного обліку по тваринництву та племінним ресурсам України за останні роки. Крім того використовувались бази даних племінного обліку ряду племінних господарств України для розрахунку показників генетичних кореляцій. Генетична кореляція між селекційними ознаками розраховувалась по результатам оцінки племінної цінності тварин і проводилось з використанням багатомірної BLUP «моделі тварини»:

$$y = Xb + Z1a + Z2p + e,$$

де y – вектор спостережень (значення ознак, за якими проводять оцінку);

X – матриця, що пов'язує спостереження з градаціями фіксованих середовищних ефектів;

b – вектор фіксованих середовищних ефектів: група ровесниць (сполучення стадо \times рік \times сезон отелення), вік отелення, номер лактації;

$Z1$ – матриця, що пов'язує спостереження за тваринами;

a – вектор племінних цінностей бугаїв-плідників і корів;

$Z2$ – матриця, що пов'язує спостереження з постійними середовищними ефектами;

p – вектор постійних середовищних ефектів корів;

e – вектор випадкових відхилень (залишків).

Для здійснення основних висновків використовувався аналітичний підхід який базувався як на власних так і тих даних які були отримані іншими науковцями та практиками.

Результати дослідження та їх обговорення. Аналіз даних (табл. 1) свідчить, що за останні 18 років поголів'я майже всіх видів сільськогосподарських тварин в Україні суттєво скоротилося. Так поголів'я корів зменшилось майже вдвічі і склало 2,04 млн. корів станом на початок 2018 року. Тенденція до скорочення спостерігається по інших галузях

тваринництва, так поголів'я свиней скоротилось на 27 % , овець та кіз до 30 % в порівнянні з періодами 2001–2011 років а єдина галузь яка прогресує за чисельністю це птахівництво, так кількість птиці порівняно з показниками 2001 року зросла на 81,1 млн. голів (табл.1).

1.Поголів'я худоби та птиці в Україні на 01.01.поточного року [2]

Рік	Велика рогата худоба, тис. голів		Свині, тис. голів	Вівці ,кози, тис. голів			Птиця всіх видів, млн. шт.
	усього	у т. ч. корови		усього	вівці	у т. ч. кози	
2001	9423,7	4958,3	7652,3	1875,0	963,1	701,2	123,7
2011	4494,4	2631,2	7960,4	1731,7	1100,5	414,2	203,8
2014	4534,0	2508,8	7922,2	1735,2	1066,7	354,2	230,2
2014*	4397,7	2343,0	7764,4	1500,2	859,4	350,4	220,6
2015*	3884,0	2262,7	7350,7	1371,1	785,8	316,8	213,3
2016*	3750,3	2166,6	7079,0	1325,3	743,9	305,8	203,9
2017*	3682,3	2108,9	6669,1	1314,8	**	**	201,7
2018*	3573,7	2040,5	6108,6	1315,2	**	**	204,8

Примітка: *Дані наведено без урахування тимчасово окупованих територій

**дані відсутні

В тваринництві України спостерігається певна специфіка при виробництві продукції залежно від типу (способу) господарювання Так більшість тварин зосереджена в одноосібній власності господарств населення, які як правило , не беруть участь в програмах племінного удосконалення (табл.2).

2.Загальна чисельність сільськогосподарських тварин в різних категоріях господарств України (тис. гол., станом на 01.01.2018р.)

Вид тварин	Усі категорії господарств, тис. голів	В т. ч.		Чисельність підконтрольного поголів'я	
		сільськогосподарські підприємства	Господарства населення	голів	% до загальної чисельності
Корови	2040,5	465,3	1575,2	122,349	5,99
Свині	6108,6	3303,7	2804,9	176,9	2,89
Вівці та кози	1315,2	187,0	1128,2	7,421	5,64
Коні	307,8	17,1	290,7	3,273	1,06
Птиця всіх видів	204751,5	112512,3	92239,2	3313,3	1,61

Така ситуація вплинула на чисельність підконтрольного поголів'я різних видів тварин, яке в основному знаходиться в

сільськогосподарських підприємствах і в середньому коливається на рівні 1–6% від загальної чисельності тварин певного виду (табл. 2). Для порівняння наведено чисельність підконтрольного поголів'я корів яке задіяне в програмах селекції ряду країн світу (табл. 3). Зрозуміло, що неспівставні цифри як по кількості так і по продуктивних показниках тварин свідчать про стан і певні можливості розвитку ринку племінних ресурсів в Україні. Прикладом може слугувати Німеччина яка жорстко орієнтована як на ринок ближнього та дальнього Сходу а також азійські країни . Так за середніх ціни на племінну нетель в межах 1,5–2,5 тис. євро за одну голову щорічні грошові надходження в Німеччині складають 330–520 млн. євро що є вагомою статтею експортного доходу.

3. Поголів'я і продуктивність корів молочних порід у країнах світу

Країна	Корів, тис. гол	Підконтрольне поголів'я				
		корів, тис. гол	%	надій, кг	продуктивність	
					вміст у молоці, %	
				жиру		білка
США	9233,0	4414,2	47,8	10459	3,73	3,11
Канада	959,1	730,1	76,1	9780	3,85	3,22
Франція	3644,0	2505,9	69,0	8429	3,90	3,35
Німеччина	4190,5	3593,6	85,8	8132	4,12	3,42
Україна	2040,5	122,349	6,0	6961	3,76	3,28

Станом на 01.01.2018 року, за даними Державного реєстру суб'єктів племінної справи тваринництва в Україні налічувалось 122349 гол. племінних корів, що знаходиться на рівні 6% від загальної їх чисельності(табл.4).

Вітчизняні породи дещо поступаються за показниками продуктивності до зазначених вище, хоча показники якості молока знаходиться на відносно високому рівні в порівнянні з іншими породами. Невелике підконтрольне поголів'я корів ще розподіляється між 13 породами молочного та комбінованого напрямів продуктивності а також місцевими породами що в окремих випадках практично унеможлиблює реалізацію програму оцінки плідників. Так на початок 2018 року найчисельнішими породами в підконтрольній частині були: українська чорно-ряба молочна (53,7 %), українська червоно-ряба молочна (18 %) та голштинська (16,1 %).

Чисельність інших, як правило вітчизняних порід ,коливається на рівні 0,5–5% що складає основну проблему успішності ведення селекційного процесу (табл. 4).Поширення поголів'я спеціалізованих високопродуктивних порід призвело до різкого скорочення ряду вітчизняних , які є носіями особливо цінних спадкових ознак та на жаль програми їх розведення не знаходять підтримки з боку владних структур. Так поголів'я корів таких порід як білоголова українська, лебединська, українська бура молочна, червона польська, червона степова складає менше 4 % від загальної кількості, що ставить під загрозу їх перехід до категорії зникаючих.

4.Породній склад племінного поголів'я великої рогатої худоби станом на 01.01.2018 року [3]

№	Породи	Поголів'я, гол			На- дій, кг	Відсоток	
		всього	у т. ч. корів	%, корів		жиру	Біл- ка
1	Айрширська	994	523	0,4	6595	3,87	3,08
2	Англєрська	628	261	0,2	4288	4,27	2,68
3	Білоголова українська	770	300	0,2	4682	3,82	0,00
4	Голштинська	48720	19717	16,1	8299	3,82	3,23
5	Лебединська	1550	640	0,5	5770	3,99	3,19
6	Симентальська	11529	4344	3,6	6320	3,91	3,23
7	Українська бура молочна	317	170	0,1	4442	4,10	3,24
8	Українська червона молочна	12983	5793	4,7	6295	3,88	3,19
9	Українська червоно- ряба молочна	48392	22030	18,0	6528	3,78	3,28
10	Українська чорно-ряба молочна	161256	65661	53,7	6934	3,71	3,26
11	Червона польська	305	126	0,1	3358	3,99	3,31
12	Червона степова	4098	1609	1,3	4298	3,91	3,40
13	Швіцька	3377	1168	1,0	8401	3,88	3,44
	Всього	294919	122349	100	6961	3,76	3,28

Не можна не відмітити тенденцію, яка пов'язана з наростаючою конкуренцією з боку голштинської породи північноамериканської походження (табл. 4,5). Тенденція скоріше закономірна ніж випадкова адже дана порода ринково приваблива і постійно удосконалюється в масштабах роботи Американської голштинської асоціації в напрямках уникнення певних вад та недоліків які притаманні будь-якій породі.

Для цього використовується як багаточисельний потенціал підконтрольної частини яке тільки в США нараховує 4,4 млн. корів (табл.3) так і сучасні методи оцінки племінної цінності з прийомами тиражування необхідного генетичного матеріалу.

Інтенсивна селекція голштинів в останні десятиліття по величині надою, призвела до підвищення цього показника а за рахунок від'ємних генетичних кореляцій з рівнем відтворення та продуктивним довголіттям до погіршення двох останніх [1]. Нами проведено аналіз оцінки генетичних кореляцій між основними селекційними ознаками по основних вітчизняних породах. Загальна вибірка містила інформацію про 92594 корів (264316 лактацій) основних молочних порід України з 51 господарства. Проведено оцінювання племінної цінності бугаїв-плідників та корів за ознаками молочної продуктивності: надій (кг), вміст жиру (%), вміст білка (%), кількість молочного жиру (кг), кількість молочного білка (кг), а також відтворення (міжотельний період) та продуктивного довголіття.

5. Кількість плідників, записаних в каталог бугаїв молочних і молочно-м'ясних порід для відтворення у 2018 році, гол. *

Країна	Породи**							
	Голшт.	Сим.	УЧеРМ	УЧРМ	УЧМ	Джерс	Інші	Всього
США	375 (144)***					31 (6)	8 (3)	414 (153)
Канада	178 (50)					4 (1)	11 (2)	193 (53)
Німеччина	124 (32)	10 (3)					11 (1)	145 (36)
Нідерланди	53 (20)							53 (20)
Франція	34 (17)	3						37 (17)
Польща	18 (9)							18 (9)
Україна	70	50	68	94	43	1	23	349
Інші	42 (14)	13		3	8	1 (1)*	6 (2)	66 (17)
Разом	894 (286)	76 (3)	68	97	51	37 (8)*	59 (8)	1275 (305)

Примітки: * Без резервного генофонду; ** - Голшт – голштинська, Сим. – симентальська, УЧеРМ – українська червоно-ряба молочна, УЧРМ – українська чорно-ряба молочна, УЧМ – українська червона молочна, Джерс. – джерсейська; *** геномна оцінка (GEBV).

Оцінювання проводилося з використанням багатомірної BLUP «моделі тварини» [1]. Отримані дані (табл.6) свідчать про суттєвий від'ємний зв'язок між молочною продуктивністю та показниками відтворення у корів, тоді як продуктивне довголіття слабо корелює як з молочною продуктивністю, так й з міжотельним періодом. Така залежність вносить певні корективи в програму відбору як голштинів так і вітчизняних молочних порід України. За таких результатів постає основне питання щодо побудови та структури селекційного індексу для оцінки як корів так і плідників. Достатньо констатувати той факт що сучасна племінна оцінка в скотарстві базується на визначені 8–12 ключових селекційних ознак але разом з цим принциповим залишається питання щодо чисельності підконтрольного поголів'я де можна було б провести таку оцінку з вірогідним значенням отриманих результатів. З наведених вище даних(табл.2,3,4), можна констатувати реальний факт про можливості здійснення такої роботи в вітчизняному тваринництві. Який вихід з положення?. Певною моделлю організації такої роботи можна взяти за основу пропозиції та розрахунки датських вчених [14].

Загальна чисельність корів в досліді складала 68 тис. підконтрольного поголів'я а схема (рис. 1). На нашу думку використання таких біотехнологічних прийомів як пересадка (підсадка) ембріонів, екстракорпоральне запліднення, використання сперми розділеної за статтю суттєво розширює можливості племінної роботи в малих популяціях але автори взяли за основу своїх пропозицій лише можливості оцінки за GEBV.

6. Генетичні кореляції між ознаками в розрізі порід

Ознака	Генетична кореляція				
<i>Голштинська порода</i>					
Надій	1				
Молочний жир	0,95	1			
Молочний білок	0,75	0,74	1		
Міжотельний період	0,30	0,29	0,19	1	
Продуктивне довголіття	0,01	0,05	0,06	-0,01	1
<i>Українська чорно-ряба молочна порода</i>					
Надій	1				
Молочний жир	0,97	1			
Молочний білок	0,81	0,80	1		
Міжотельний період	0,28	0,25	0,21	1	
Продуктивне довголіття	0,05	0,03	0,06	0,02	1
<i>Українська червоно-ряба молочна порода</i>					
Надій	1				
Молочний жир	0,92	1			
Молочний білок	0,77	0,79	1		
Міжотельний період	0,31	0,24	0,18	1	
Продуктивне довголіття	0,07	0,07	0,08	0,03	1
<i>Українська червона молочна порода</i>					
Надій	1				
Молочний жир	0,93	1			
Молочний білок	0,79	0,75	1		
Міжотельний період	0,29	0,27	0,23	1	
Продуктивне довголіття	0,04	0,06	0,07	0,01	1

Для цього від 68 тис. корів відбирали 1500 корів (або 22 % від загальної чисельності) з самим високим індексом за традиційним індексом оцінки племінної цінності (EBV) які розглядалися як потенційні матері бугаїв. Основне призначення такої групи це відтворення 500 бугайців , після чого цей молодняк тестують за методом GEBV. Після відбору з цього числа кращих молодих бугайців в кількості 60 голів залишали для осіменіння 50 % корів підконтрольної частини а останні 50 % осіменяються спермою оцінених (4 гол.) за потомством плідників. Найкращих за значенням GEBV а це – 15 гол. використовували для осіменіння елітних корів, що дозволяло значно скоротити генераційний інтервал. Суттєвою перевагою при такій схемі залишалась ціна визначення GEBV яка коливалась в межах 100 євро в розрахунку на одну тварину, оскільки витрати на оціненого бугая традиційним способом були в сотні разів більше.

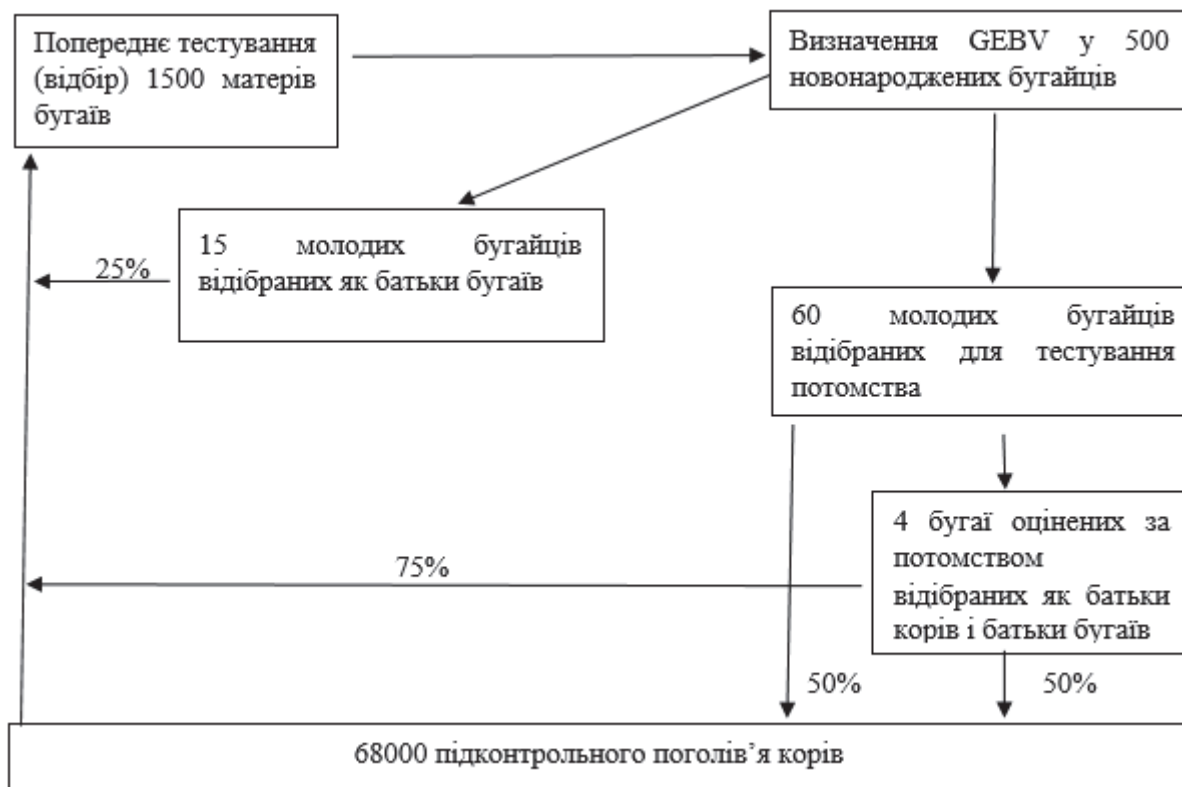


Рис. 1. Схема селекції в малочисельній популяції з використанням традиційної (EBV) та геномної (GEBV) оцінки племінної цінності

За даними спільних досліджень проведеними представниками компанії Viking Genetics [13], наявність традиційної оцінки (EBV) крім того давало можливість уточнювати значення GEBV оскільки завжди існує варіант співставлення дочірніх даних по продуктивності з їх SNP інформацією. Аналогічні дані були отримані українськими дослідниками і на вітчизняних породах [7]. Таким чином та модель організації селекційного процесу яка апробована в ряді скандинавських країн цілком може підійти за своєю суттю для молочного скотарства України а подальше вивчення досвіду наших колег дасть можливість застосувати аналогічні підходи в інших галузях тваринництва.

Висновки і перспективи.

Вітчизняне молочне та комбіноване скотарство має певні обмеження щодо його ефективного ведення за причин малої кількості підконтрольного поголів'я. Досвід ряду країн світу свідчить про можливості організації такої роботи на основі спільної кооперації та обміном селекційним матеріалом з використанням вже апробованих підходів. Для скотарства України це єдиний підхід який дасть можливість надати процесу селекції більш динамічного характеру.

Список використаних джерел.

1. Даншин, В. О., Рубан, С. Ю., Афанасенко, В. Ю. Оцінка племінної цінності бугаїв плідників і корів молочних порід. *Біологія тварин*. 2017. Т. 19. № 1. С.44–53.

2. Державна служба статистики. URL: ukrstat.gov.ua.
3. Романова О.В. Полупан Ю.П., Басовський Д.М., Прийма С.В. Державний реєстр суб'єктів племінної справи у тваринництві за 2017 рік II том. 2018. URL: <http://www.minagro.gov.ua/node/25487>.
4. Рубан, С. Ю., Даншин, В. О., Федота, О. М. Світовий досвід та перспективи використання геномної селекції в молочному скотарстві. *Біологія тварин*. 2016. Т.18. №1. С. 117–125.
5. Egger-Danner, C., Schwarzenbacher, H., Willam, A. Genotyping of cows for genomic EBVs for direct health traits—Genetic and economic aspects. *EAAP-Annual Meeting*. (Bratislava, 27th of August, 2012). Bratislava, 2012. URL: http://old.eaap.org/Previous_Annual_Meetings/2012Bratislava/Papers/Published/12_Egger-Danner.pdf.
6. Erbe, M., Hayes, B., Matukumalli, L., Goswami, S., Bowman, P., Reich, C., Goddard, M. Improving accuracy of genomic predictions within and between dairy cattle breeds with imputed high-density single nucleotide polymorphism panels. *Journal of Dairy Science*. 2014. №95. P. 4114–4129.
7. Fedota, O., Lysenko, N., Mitiohlo, L., Ruban, S. Effects of 5 SNPs on daughters' milk performance traits produced by Ukrainian dairy sires. *Ukrainian Journal of Ecology*. 2018. №8 (1). P 939–947.
8. Fedota, O. M., Lysenko, N. G., Ruban, S. Y., Kolisnyk, O. I., Goraychuk, I. V. The effects of polymorphisms in growth hormone and growth hormone receptor genes on production and reproduction traits in Aberdeen-Angus cattle (*Bos taurus* L., 1758) *Cytology and Genetics*. 2017. №51 (5) P. 352–360.
9. Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. J., Verbyla, K., Goddard, M. E. Accuracy of genomic breeding values in multibreed dairy cattle populations *Genet. Sel. Evol.* 2009a. №41:51. P. 1–9.
10. Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. J., Goddard, M. E. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*. 2009b. №92. P. 433–443.
11. Lund, M. S. de Roos, APW, de Vries, A. G., Druet, T., Ducrocq, V., Fritz, S., Guillaume, F., Guldbandsen, B., Liu, Z., Reents, R., Schrooten, C., Seefried, M., Su, G. A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. *Genet. Sel. Evol.* 2011. № 43. P. 43.
12. Sen, O., Ruban, S., Getya, A., Nesterov, Y. Current state and future outlook for development of the milk and beef sectors in Ukraine. *Cattle husbandry in Eastern Europe and China*. 2014. EAAP publication №. 135. P. 169–179.
13. Thomasen, J. R., Egger-Danner, C., Willam, A., Guldbandsen, B., Lund M.S., Sørensen A. C. Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. *Journal of Dairy Science*. 2013. № 97. P. 458–470.
14. Thomasen, J. R., Sorensen, A. C., Su, G., Madsen, P., Lund, M. S., Guldbandsen, B. The admixed population structure in Danish Jersey challenges accurate genomic predictions. *J. Anim. Sci.* 2014. № 91. P. 3105–3112.
15. Mc. Hugh, N, Meuwissen, TH. E., Cromie, A. R., Sonesson, A. K. Use of female information in dairy cattle genomic breeding programs. *Journal of Dairy Science*. 2011. № 94. P. 4109–4118.

References

1. Danshyn V. O., Ruban S. Yu., Afanasenko V. Yu. (2017) Otsinka plemynnoi tsinnosti buhaiv plidnykiv i koriv molochnykh porid [Estimation of breeding value of bulls of breeders and cows of dairy breeds]. *Animal biology*. Т.19. №19., 44–53.

2. Derzhavna sluzhba statystyky [State Statistics Service]. ukrstat.gov.ua.
3. Romanova O. V., Polupan Yu. P., Basovskyi D. M., Pryima S. V. (2018) Derzhavnyj reyestr subyektiv plemynnoi spravy u tvarynnycztvi za 2017 rik II tom [State register of subjects of breeding business in livestock for 2017, Volume II] <http://www.minagro.gov.ua/node/25487>.
4. Ruban, S. Yu., Danshyn, V. O., Fedota, O. M. (2016) Svitovyi dosvid ta perspektyvy vykorystannia henomnoi selektsii v molochnomu skotarstvi [World experience and perspectives of using genomic selection in dairy cattle breeding]. *Animal biology*. T.18. №1., 117–125.
5. Egger-Danner, C., H. Schwarzenbacher, and A. Willam. 2012. Genotyping of cows for genomic EBVs for direct health traits—Genetic and economic aspects. Page 84 in Book of Abstracts of the 63rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Bratislava, Slovakia. Wageningen Academic Publ., Wageningen, the Netherlands
6. Erbe, M., Hayes, B., Matukumalli, L., Goswami, S., Bowman, P., Reich, C., Goddard, M. (2014). Improving accuracy of genomic predictions within and between dairy cattle breeds with imputed high-density single nucleotide polymorphism panels” (*J. Dairy Sci.* 95:4114–4129). *Journal of Dairy Science*, 97(10), 6622. doi:10.3168/jds.2014-97-10-6622
7. O. Fedota, N. Lysenko, L. Mitiohlo, S. Ruban. (2018). Effects of 5 SNPs on daughters’ milk performance traits produced by Ukrainian dairy sires. *Ukrainian Journal of Ecology*, 8(1), 939–947 doi: 10.15421/2018_296.
8. Fedota, O. M., Lysenko, N. G., Ruban, S. Y., Kolisnyk, O. I., Goraychuk, I. V. (2017). The effects of polymorphisms in growth hormone and growth hormone receptor genes on production and reproduction traits in Aberdeen-Angus cattle (*Bos taurus*L., 1758). *Cytology and Genetics*, 51 (5) 352–360. doi: 10.3103/S0095452717050024
9. Hayes, B.J., P.J. Bowman, A.J. Chamberlain, K. Verbyla, and M.E. Goddard. (2009a). Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. *Genet. Sel. Evol.* 41:51–60
10. Hayes, B.J., P.J. Bowman, A.J. Chamberlain, and M.E. Goddard. (2009b). Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 92:433–443.
11. Lund MS, de Roos APW, de Vries AG, Druet T, Ducrocq V, Fritz S, Guillaume F, Guldbbrandtsen B, Liu Z, Reents R, Schrooten C, Seefried M, Su G (2011) A common reference of four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. *Genetics, Selection, Evolution* 43, 43. doi:10.1186/1297-9686-43-43
12. Sen, O., S. Ruban, A. Getya, and Y. Nesterov. 2014. Current state and future outlook for development of the milk and beef sector in Ukraine. *Cattle husbandry in Easteru Europe and China*. Wageningen Academic Publishers. 169–180.
13. Thomasen, J. R., C. Egger-Danner, A. Willam, B. Guldbbrandtsen, M.S., Lund, and A. C. Sørensen. 2014. Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. *J. Dairy Sci.* 97:458–470.
14. Thomasen J.R., Sorensen A.C., Su G., Madsen P., Lund M.S. and Guldbbrandtsen B. 2013. The admixed population structure in Danish Jersey dairy cattle challenges accurate genomic predictions. *Journal of Animal Science* 91, 3105–12.
15. McHugh N, Meuwissen THE, Cromie AR and Sonesson AK (2011). Use of female information in dairy cattle genomic breeding programs. *Journal of Dairy Science*. 94, 4109–4118.

СОСТОЯНИЕ ПЛЕМЕННОГО ЖИВОТНОВОДСТВА И НАПРАВЛЕНИЯ СЕЛЕКЦИИ В МОЛОЧНОМ СКОТОВОДСТВЕ УКРАИНЫ

С. Ю. Рубан, О. М. Федота, М. А. Матвеев, М. Е. Мартынова

Аннотация. Приведены данные о состоянии генетических ресурсов отрасли молочного скотоводства Украины. Отмечено незначительное количество подконтрольного племенного поголовья по основным породам, что снижает интенсивность отбора и достоверность оценки племенной ценности производителей. Доказаны как возможности, так и необходимость применения современных подходов, основанные на достижениях в генетике (геномика), биотехнологии (экстракорпорального оплодотворения, оплодотворение *in vitro*). Рассмотрены варианты организации селекционной работы в малых популяциях таких пород как украинская черно-пестрая, красно-пестрая, красная и бурая молочные породы. Констатировано постоянную тенденцию роста удельного веса голштинской породы североамериканского происхождения. Сделаны предложения по направлениям селекции с основными молочными породами в Украине.

Ключевые слова: молочные породы, крупный рогатый скот, генетические корреляции, количественные признаки, интенсивность селекции, молодые быки, матери быков, эффект селекции, геномная племенная ценность

CURRENT STATE OF LIVESTOCK AND TRENDS OF SELECTION IN DAIRY CATTLE BREEDING IN UKRAINE

S. Ruban, O. Fedota, M. Matveev, M. Martynova

Abstract. Presented the data about the state of genetic resources of the dairy cattle breeding industry of Ukraine. Noted a small number of breeding stock under control in the basic breeds that reduces the intensity of selection and the probability of evaluating the breeding value of sires. The possibilities and necessity of applying modern approaches based on achievements in genetics (genomics), biotechnology (extracorporal fertilization, *in vitro* fertilization) have been proved. Consider options for small breeding population of such species as Ukrainian Black Pied, Red Pied, Red and Brown dairy breed. Established a steady trend regarding the growth of the proportion of Holstein breed of North American origin. Made proposals on breeding directions with the main dairy breeds in Ukraine.

Key words: dairy breeds, cattle, genetic correlations, quantitative traits, intensity of selection, young bulls, mother bulls, selection effect, genomic breeding value