

УДК 636.2.034.082.2:575.113

DOI: <https://doi.org/10.31073/abg.70.20>**МЕТОДОЛОГІЯ СУЧАСНИХ ПРОГРАМ ВІДБОРУ В МОЛОЧНОМУ СКОТАРСТВІ****С. Ю. РУБАН, В. О. ДАНШИН***Національний університет біоресурсів і природокористування України*<https://orcid.org/0000-0002-8114-3665> – С. Ю. Рубан<https://orcid.org/0000-0001-9012-6835> – В. О. Данишин

rubansy@gmail.com

Важливість аналітики в молочному скотарстві залишається ключовим фактором в сферах макроекономіки, наукових досліджень, управлінні на рівні окремих порід, господарств (стад) забезпечуючи ефективність виробництва та добробут тварин. Знання такої методології залишається вирішальними при її включенні в конкретний науковий та виробничий процес в режимі реального часу. Підкреслюючи світовий потенціал проведених та майбутніх досліджень, необхідно уявляти про конкурентне середовище, яке інтенсивно створюється за рахунок інтеграції наукових шкіл, установ, країн, і як наслідок об'єднання Database (баз даних), Knowledge base (баз знань), інструментів моделювання з методами машинного навчання та штучного інтелекту.

Стаття присвячена аналізу сучасного стану та перспективам селекції молочної худоби. Акцентуючи увагу на способах досягнення високого рівня генетичного прогресу шляхом реалізації ефективних програм відбору, наводиться приклад роботи лабораторії геноміки та вдосконалення тварин при Міністерстві сільського господарства США – AGIL (від англ. Animal Genomics and Improvement Laboratory). Являючись успішним світовим науковим центром, AGIL досліджує та розробляє вдосконалені методи генетичної та геномної оцінки крупних молочних та дрібних жувальних тварин, спрямовуючи такі дослідження, на покращення їх здоров'я, продуктивності, а також екологічної безпеки та якості отриманої продукції для світового суспільства.

Приводячи дані стану племінного (підконтрольного) поголів'я в Україні молочних та комбінованих порід великої рогатої худоби а також в країнах Європи, робиться висновок про необхідність використання існуючих практик та досвіду на рівні вітчизняного виробництва. Опис існуючих методів оцінки племінної цінності та розрахунок генетичних кореляцій між економічно важливими ознаками доводить можливості моделювання та передбачення таких результатів в програмах відбору. Приклади застосування оцінок ефективності використання корму, які починають домінувати в індексах відбору, доводять про необхідність перегляду інколи традиційних підходів які не враховують важливість економії енергоресурсів, зменшення забруднення оточуючого середовища, втрати „кормового” азоту та необхідність покращення добробуту (здоров'я) тварин. Наведено принципи побудови інформаційних систем та способи використання штучного інтелекту для цілей селекції. Представлено дані використання техніки редагування геному молочної худоби, а також перспективи застосування Omics-технологій в галузі молочного скотарства.

Ключові слова: молочна худоба, генетичні кореляції, відбір, продуктивність, ефективність використання корму, омікс технології

METHODOLOGY OF MODERN SELECTION PROGRAMS IN DAIRY CATTLE**S. Y. Ruban, V. O. Danshyn***National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine (Kyiv, Ukraine)*

The importance of analytics in dairy farming remains a key factor in the fields of macroeconomics, scientific research, management at the level of individual breeds, farms (herds), ensuring the efficiency of production and animal welfare. Knowledge of such a methodology remains crucial when it is included in a specific scientific and production process in real time. Emphasizing the global potential of the conducted and future research, it is necessary to imagine a competitive environment that is intensively created through the integration of scientific schools, institutions, countries, and as a result of the combination of Database (databases), Knowledge base (knowledge bases), modeling tools with machine learning and artificial intelligence methods.

The article is devoted to the analysis of the current state and prospects of dairy cattle breeding. Focusing on ways to achieve a high level of genetic progress through the implementation of effective selection programs, an example of the work of the Animal Genomics and Improvement Laboratory at the United States Department of Agriculture – AGIL (from the English. Animal Genomics and Improvement Laboratory) is given. Being a successful world scientific center, AGIL researches and develops advanced methods of genetic and genomic evaluation of large dairy and small ruminants, directing such research to improve their health, productivity, as well as environmental safety and quality of the resulting products for the world community.

Presenting data on the state of the breeding (controlled) livestock in Ukraine of dairy and dual-purpose breeds of cattle, as well as in European countries, the conclusion is made about the need to use existing practices and experience at the level of domestic production. A description of existing methods for evaluation of breeding values and calculating genetic correlations between economically important traits proves the possibility of modeling and predicting such results in selection programs.

Examples of the use of feed efficiency assessments, which are beginning to dominate in selection indices, demonstrate the need to revise sometimes traditional approaches that do not take into account the importance of saving energy resources, reducing environmental pollution, losses of “feed” nitrogen and the need to improve the welfare (health) of animals. The principles of building information systems and methods of using artificial intelligence for breeding purposes are presented. Data on the use of the genome editing technique in dairy cattle, as well as the prospects for the application of Omics technologies in the field of dairy cattle breeding, are presented.

Keywords: **dairy cattle, genetic correlations, selection, productivity, feed efficiency, omics technologies**

Вступ. Задачею програм відбору в тваринництві є досягнення високого рівня генетичного прогресу за економічно важливим ознакам шляхом організації такого процесу за участі певних виробничих та наукових структур. Генетичне покращення тварин традиційно включає наступні етапи: 1) визначення цілі розведення, 2) побудову селекційного індексу з метою досягнення цілі розведення з максимальним прибутком, 3) організація регулярного контролю ознак, які входять до індексу відбору, 4) здійснення генетичної оцінки тварин за селекційними ознаками, 5) розробка і реалізація селекційної програми за певними критеріями відбору, 6) проведення підбору для отримання наступного покоління тварин під запити ринку. Сама оцінка генетичної (плеємної) цінності тварин передбачає використання математичних методів які мінімізують похибку такої оцінки (Ruban et al., 2021; Simm et al., 2021).

Як приклад можна навести Лабораторію геноміки та вдосконалення тварин-AGIL (англ. Animal Genomics and Improvement Laboratory), яка функціонує при Міністерстві сільського господарства США, й досліджує вдосконалені методи генетичної та геномної оцінки економічно важливих ознак молочних та дрібних жуйних тварин, а також проводить фундаментальні геномні дослідження, спрямовані на покращення їхнього здоров'я та продуктивності. AGIL була створена у квітні 2014 року шляхом злиття Лабораторії програм покращення тварин – AIPL (англ. Animal Improvement Programs Laboratory) та Лабораторії функціональної геноміки великої рогатої худоби – BFGL (англ. Bovine Functional Genomics Laboratory).

Головною метою AGIL є покращення продуктивності, здоров'я, плодючості та економічно важливих ознак молочної худоби шляхом оцінки генетичних переваг та порівняння ме-

тодів управління, щоб Сполучені Штати та інші країни могли задовольнити харчові потреби свого населення. Конкретні цілі включають точність оцінки, доступність, надійність передбачення:

- розширення геномних даних, що використовуються в прогнозуванні, шляхом вибору нових варіантів, які точніше відстежують справжні генні мутації й викликають фенотипові відмінності;

- оцінювати нові ознаки, які можна передбачити при народженні тварини за одним і тим же дешевим зразком ДНК (споріднений тест);

- підвищити ефективність геномного прогнозування та обчислення шляхом розробки швидких алгоритмів, тестування нових коригувань та моделей, а також врахування попереднього геномного відбору в оцінці.

Окрім проведення генетичної і геномної оцінки тварин, AGIL реалізує дослідницькі проекти за такими напрямками:

- підвищення ефективності використання кормів молочними коровами та екологічної стійкості за допомогою геноміки та нових технологій для визначення фізіологічних внесків та можливостей адаптації;

- підвищення точності геномного прогнозування, розробка алгоритмів, вибір маркерів та оцінка нових ознак для покращення молочної худоби;

- включення даних функціональної анотації геному до GWAS (англ. Genome–Wide Association Study-пошуку зв'язків між генетичними варіантами) та геномної селекції великої рогатої худоби;

- характеристика змін метаболізму NAD (англ. Nicotinamide adenine dinucleotide), кофeрмент, який відіграє центральну роль у метаболізмі печінки у молочних корів особливо в період переходу від стану вагітності до лактації;

- якість та цінність тестів імпутовування генів (прогнозування відсутніх або негенотипованих генетичних варіантів у вибірці) для всіх тварин;

- дослідницьке практичне навчання для розширення спільних досліджень у геноміці.

Матеріали та методи дослідження. Використано аналітичний та історичний підхід. Приведено оглядову наукову літературу а також результати власних досліджень присвячених системі організації та методології програм відбору в молочному скотарстві. Зроблено прогноз щодо перспектив використання омікс-технологій та актуальних у зв'язку з цим напрямів наукових досліджень.

Відповідь на відбір **-R (multivariate response to selection,)** розраховувалась за формулою (Walsh & Lynch, 2018):

$$\mathbf{R} = \mathbf{G}\mathbf{P}^{-1}\mathbf{s},$$

де **G** – матриця адитивних генетичних дисперсій та коваріанс між ознаками;

P – матриця фенотипових дисперсій та коваріанс між ознаками;

s – вектор селекційних диференціалів.

При розрахунках використовували власно розроблений алгоритм програмного забезпечення, коли при моделюванні відбору за двома ознаками система рівнянь приймає вид:

$$\mathbf{R} = \begin{bmatrix} R_1 \\ R_2 \end{bmatrix} = \mathbf{G}\mathbf{P}^{-1}\mathbf{s} = \begin{bmatrix} G_{11} & G_{12} \\ G_{12} & G_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} P_{11} & P_{12} \\ P_{12} & P_{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} S_1 \\ S_2 \end{bmatrix}$$

де R_1 та R_2 відповіді на відбір першої та другої ознаки;

G_{11} та G_{22} – генетичні дисперсії першої та другої ознаки;

G_{12} – генетична коваріанса між ознаками;

P_{11} та P_{22} – фенотипові дисперсії першої та другої ознаки;

P_{12} – фенотипова коваріанса між ознаками;

S_1 та S_2 – селекційні диференціали першої та другої ознаки.

Тоді відповідь на відбір першої ознаки буде:

$$R_1 = \frac{h^2_1}{(1 - \rho^2_z)} \times \left[S_1 - S_2 \frac{P_{12}}{P_{22}} \right] + \frac{G_{12}(-S_1 P_{12} + S_2 P_{11})}{P_{11} P_{22} (1 - \rho^2_z)}$$

де h^2_1 – коефіцієнт успадковуваності першої ознаки.

Результати дослідження. Застосування зазначених новацій в програмах відбору потребує наявності чіткої організаційної структури, яка представлена на (рис. 1), та являється складною для можливого дублювання в інших країнах.

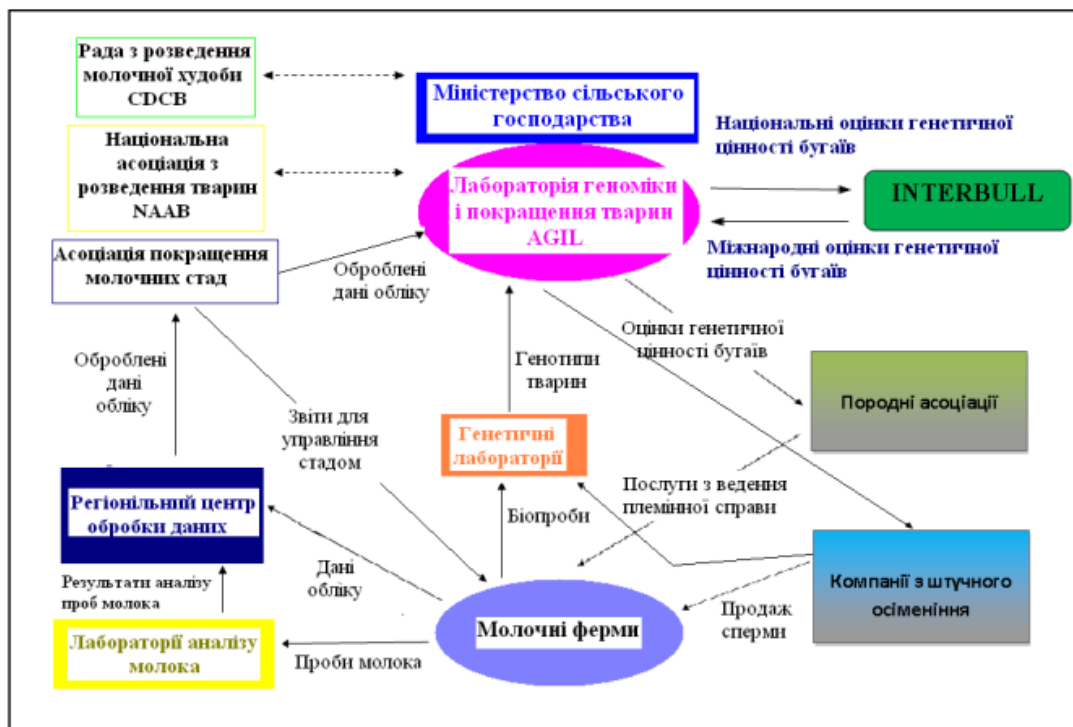


Рис. 1. Схема системної організації селекційної роботи в молочному скотарстві США (Ruban & Danshin, 2019)

На даний момент, у зв'язку з впровадженням у молочному скотарстві ряду країн, у тому числі США, геномної селекції, активну участь у системі селекційної роботи приймають генетичні лабораторії, які відбирають біопроби у тварин після чого проводять їх часткове секвенування з використанням ДНК-мікро чипів (місоатгеу-лабораторний інструмент, який використовується для одночасного аналізу експресії тисяч генів, та передбачає приєднання відомих послідовностей ДНК-зондів до твердої поверхні, наприклад, предметного скла, а потім їх гібридизацію з міченими зразками ДНК або РНК). Отримані результати надходять до лабораторії AGIL, де вони використовуються для розрахунку геномних оцінок племінної цінності.

В разі створення подібної лабораторії покращення молочної худоби в Україні, основними задачами могли б стати:

- збір та первинна обробка даних з молочних ферм за такими показниками: походження тварин, ознаки молочної продуктивності (надій, вміст жиру, білка, лактози та інших показників молока), ознаки відтворення, ознаки здоров'я тварин, продуктивне довголіття;
- здійснення контролю походження тварин з використанням геномної інформації;
- розрахунки генетичних параметрів (компоненти дисперсій і коваріанс, коефіцієнти успадковуваності, повторюваності, генетичні кореляції між селекційними ознаками);
- оцінка генетичної (в перспективі геномної) цінності тварин за комплексом економічно важливих ознак;
- розрахунок економічних селекційних індексів;

- надання порад молочним фермам щодо відбору тварин для отримання наступного покоління генетично покращених тварин;
- надання порад молочним фермам щодо підбору при формуванні наступного покоління;
- оцінка результатів міжпородного схрещування;
- проведення досліджень з питань геномної селекції, повногеномних досліджень зв'язків – GWAS (англ. Genome-Wide Association Studies), редагування геному, використання штучного інтелекту, використання Omics-технологій.

З організаційної точки зору це потребує меншого підконтрольного поголів'я, оскільки робота передбачає контроль лише референс -популяції (reference population), або групи тварин (самці, самиці) з підтвердженим походженням, відомою генетичною інформацією (генотипами) та даними про продуктивність (фенотипами), що використовуються для навчання моделей геномного прогнозування. При виконанні таких досліджень використовується Басівський підхід, або статистичні методи, які базуються на теоремі Басса, коли для оновлення ймовірності певної гіпотези, постійно використовують більше даних або існуючих доказів.

Простіше кажучи, це спосіб оновити певні переконання щодо оцінки (в нашому випадку ПЦ) на основі нових даних та доказів. Таким чином ймовірність інтерпретується як обґрунтоване очікування, що представляє стан наших знань, або як кількісна оцінка особистого переконання лише на даний момент часу. Як приклад можна навести еволюційний шлях зміни використання методів оцінки племінної (генетичної) цінності тварин від “Моделі батька (плідника)” до “Геномного BLUP” (табл. 1).

Зазначений математичний апарат охоплює застосування певних моделей та статистичних методів для аналізу, прогнозу та прийняття обґрунтованих рішень щодо стратегій розведення та управління конкретним стадом.

Значний науковий інтерес викликає застосування Omics-технологій у селекції сільськогосподарських тварин, до яких, окрім геноміки, належать також транскриптоміка, протеоміка, метаболоміка, метагеноміка та епігеноміка (Nadeem & Javed, 2022; Chakraborty et al., 2022). Інтенсивного розвитку набувають біотехнологічні методи відтворення, зокрема екстракорпоральне запліднення та використання сперми, розділеної за статтю (Horper, 2021). Зазначені підходи дають змогу здійснювати контроль за генетичною цінністю ембріона вже на ранніх етапах його розвитку. Основними характеристиками Omics-технологій є такі:

- методи транскриптоміки можуть бути використані для порівняння біологічної відповіді на різні умови чи методи лікування або для оцінки фізіологічних реакцій на зовнішні подразники. Секвенування всього транскриптому є найбільш широко використовуваним методом для вивчення функцій РНК, дослідження та аналізу структури та функції генів, а також виявлення внутрішніх зв'язків між експресією генів та життєвими явищами;
- протеоміка дозволяє аналізувати всі білки, включаючи їхні ізоформи, в певній клітині, тканині чи органі в певний час в одному експерименті. Сучасні протеомні інструменти також можуть надавати інформацію про різні ізоформи білків, їх кількісну оцінку та взаємодію між білками. Застосування протеоміки в дослідженнях тваринництва було обмеженим у минулому через її високу вартість та відсутність оптимізованих протоколів для різних типів клітин у різних видів. Тим не менш, з розвитком нових аналітичних методів та обчислювальних інструментів для аналізу протеомних даних, кількість звітів про протеомні дослідження в тваринництві зростає для розуміння стану здоров'я тварин, а також ефективності виробництва та відтворення;
- нова галузь застосування інструментів омїки – це дослідження метаболому. Метаболоміка – це комплексне, якісне та кількісне дослідження всіх малих молекул в організмі. Метаболомічні інструменти все частіше використовуються для генерації неупередженого глобального профілю метаболітів у зразках (тобто, нецільовий аналіз) або для кількісного визначення з високою чутливістю невеликої панелі метаболітів (цільовий аналіз). У молочній

худоби багато потенційних біомаркерів надою та якості молока було виявлено шляхом вивчення метаболізму різних рідин організму;

– метагеноміка – це збір та аналіз генетичного матеріалу (геномів) зі змішаної спільноти організмів. Метагеноміка є галуззю, що становить значний дослідницький інтерес, особливо у жуйних тварин для вивчення мікробних спільнот у рубці та молоці. У метагеноміці інструменти геномного секвенування використовуються для ідентифікації складної структури мікробіоти рубця та її змін у відповідь на раціон годівлі узгоджено з геномом жуйної тварини-хазяїна. Ця мікробіота рубця може впливати на ряд фенотипів у хазяїна, включаючи ефективність використання корму, запальний стан у травному тракті та об'єм виробництва метану в рубці;

– епігеноміка – це ще один розділ омікс-технологій, який займається вивченням епігенетичних змін у клітині. Епігенетичні зміни регулюють експресію генів, не змінюючи фактичну послідовність ДНК. Епігенетичні модифікації можуть бути змінені зовнішніми або внутрішніми факторами навколишнього середовища, такими як раціон годівлі, ліки та хімічні речовини, і можуть змінювати експресію генів та визначати специфічні фенотипи.

1. Перелік основних методів використовуваних в системі оцінки генетичної (плеємної) цінності тварин

Метод	Призначення, стислий опис вхідної інформації
Сімейний селекційний індекс	Оцінка плеємної цінності (ПЦ) тварини на основі власних даних та її родичів (батьків, сибсів, напівсбсів, потомства)
Найкраще лінійне незміщене передбачення – BLUP (англ. Best Linear Unbiased Prediction)	
“Модель батька (плідника)”	Оцінка ПЦ, враховуються родинні зв'язки “батько – нащадок”. При включенні матриці спорідненості між плідниками також враховуються родинні зв'язки “батько – син” і “батько матері – онуки”.
“Модель батька – батька матері”	Оцінка ПЦ, враховуються родинні зв'язки “батько – нащадок” і “батько матері – внучка”, плеємна цінність батька матері. При включенні матриці спорідненості між плідниками також враховуються родинні зв'язки “батько – син” і “батько матері – онук”.
“Модель тварини”	Оцінка ПЦ, враховуються всі родинні зв'язки між тваринами.
“Модель тварини при декількох вимірюваннях ознаки”	Підвищення точності ПЦ за рахунок зменшення залишкової дисперсії
“Модель тварини з включенням материнського ефекту”	Оцінка ПЦ, враховується вплив матері на ознаки потомства
“Модель тварини для декількох ознак”	Оцінка ПЦ, враховуються генетичні і середовищні кореляції між ознаками, за рахунок чого підвищується точність оцінки плеємної цінності тварин по кожній ознаці і можуть бути отримані передбачення плеємних цінностей по відсутнім ознакам.
“Модель тварини з включенням неадитивних ефектів”	Оцінка ПЦ, враховуються адитивні і неадитивні (епістатичні: домінантні, адитивно-адитивні, адитивно-домінантні і т. п.) генетичні ефекти
“Модель тварини для декількох порід”	Оцінка ПЦ, враховуються вплив породи на плеємну цінність тварини, ефект гетерозису, рекомбінаційні втрати і можлива неоднорідність генетичних і середовищних дисперсій і коваріанс в розрізі породних груп.
“Модель тварини з генетичними групами”	Оцінка ПЦ, враховуються генетичні розбіжності між групами
“Модель тварини з випадковими коефіцієнтами регресії”	Оцінка ПЦ, генетична цінність виражається одним або декількома (рівняннями) випадковими коефіцієнтами регресії
“Модель тварини з включенням ефектів окремих маркерів”	Оцінка ПЦ, враховуються ефекти окремих генетичних маркерів
Геномний BLUP	Оцінка ПЦ базується на основі використанні великої кількості генетичних маркерів, які охоплюють весь геном
Допоміжні методи	
Обмежена максимальна правдоподібність–REML (Restricted Maximum Likelihood)	Розрахунки компонент дисперсій і коваріанс для оцінки генетичних параметрів (успадковуваність, повторюваність, генетичні і середовищні кореляції між ознаками).
Економічний селекційний індекс	Розрахунок загальної економічної цінності тварини шляхом комбінування оцінок плеємної цінності за окремими ознаками з урахуванням їх економічних ваг

Реалії сьогодення констатують наступне— загальна чисельність корів в Україні станом на кінець 2024 року склала 1,156 млн. голів, при виробництві 7,2 млн. тон, що характеризує достатньо інтенсивний розвиток цієї галузі незважаючи на військовий стан. Важливою складовою такого бізнесу залишається напрям, який забезпечує формування економічно вигідних тварин за рахунок методів генетичної оцінки молочної худоби та реалізації програм відбору. В таблиці 1 наведений породний склад і показники продуктивності підконтрольного поголів'я, яке склало в межах 9,7% до загальної чисельності корів, що значно менше в порівнянні за аналогічним показником до більшості Європейських країн (табл. 2).

2. Породний склад племінного (підконтрольного) поголів'я в Україні молочних та комбінованих порід великої рогатої худоби

Порода	Поголів'я			Надій, кг	Відсоток, %	
	всього, гол.	у т. ч. корів, гол.	корів до їх загального поголів'я, %		жиру	білка
Айрширська	969	420	0,37	7402	4,00	3,03
Голштинська	175412	51429	45,76	9810	3,84	3,32
Джерсейська	2497	1064	0,95	6004	5,98	4,15
Лебединська	766	329	0,29	6035	4,14	3,31
Симентальська	9200	3563	3,17	7051	4,06	3,32
Українська бура молочна	1299	466	0,41	6995	4,13	3,53
Українська червона молочна	3733	1213	1,08	7310	3,83	3,52
Українська червоно-ряба молочна	32361	11439	10,18	7689	3,82	3,45
Українська чорно-ряба молочна	118599	41094	36,56	8218	3,74	3,22
Червона степова	737	256	0,23	6318	4,19	3,20
Швіцька	3809	1115	0,99	8718	3,95	3,40
Разом	349382	112388*	100	7623	4,19	3,42

Джерело: розроблено авторами на основі Zhukosky et al. (2024)

Ринкові умови українського молочного сектору ставлять жорсткі вимоги до порід, серед яких в останні часи починає домінувати Голштинська порода. Так за аналітичними даними до 68% маточного поголів'я великої рогатої худоби можна віднести до представників цієї породи. Слід зазначити, що дві найбільш чисельні молочні породи – Українська червоно-ряба молочна та Українська чорно-ряба молочна, які були створені в кінці минулого століття за схемами комбінаційного схрещування місцевих порід з частковим використанням Голштинів, в останні часи генетично покращуються переважно за рахунок Голштинських бугаїв, сперма яких завозиться по імпорту з США та країн Європи.

Ринок виробництва молока в Європейських країнах доволі динамічний та розрізняється за спрямуванням програм відбору та чисельності підконтрольного (племінного) поголів'я (табл. 3), що створює додатково потужний та конкурентний для України ринок торгівлі племінними ресурсами (телиці, бугайці).

Більшість представників українського молочного бізнесу обрали північноамериканську модель ведення молочного скотарства (Ruban et al., 2021; Kondratiuk et al., 2024). В умовах існуючої реальності в Україні існує обмеженість підконтрольного поголів'я, та суттєва залежність від дорогого імпорту (сперма, ембріони, телиці).

При цьому залишаються ризики виникнення епізоотичних ситуацій, або ускладнення економічних умов аграрного сектору в Україні, що спонукає будувати власну систему генетичної оцінки.

3. Чисельність та продуктивність молочних корів по країнах Європи за 2022–2023 роки

Країна	Загальне число моло- чних корів	Підконт- рольне поголов'я	Питома вага підконтрольного поголов'я, %	Надій, кг	Вміст жиру в молоці, %	Вміст білка в молоці, %
Австрія	546035	437712	80,2	7918	4,16	3,40
Бельгія	351583	202275	56,8	9606	4,27	3,51
Хорватія	96477	68384	70,1	4975	4,07	3,49
Чехія	352557	339272	96,1	9266	3,89	3,42
Данія	557831	498644	91,1	10571	4,33	3,62
Фінляндія	242017	189148	78,2	9332	4,46	3,56
Франція	3429000	1968566	56,2	7516	–	–
Німеччина	3712815	3251621	87,6	8547	4,12	3,46
Угорщина	173618	177430	100,0	–	3,96	3,48
Ірландія	1643470	25309	100,0	5301	4,30	3,52
Італія	2009834	1407368	70,0	–	–	–
Естонія	83700	81020	96,8	10655	3,90	3,40
Латвія	127803	106175	83,0	7748	–	–
Нідерланди	1576925	1455909	92,3	9346	4,45	3,61
Норвегія	203327	178897	97,7	7955	4,30	3,55
Польща	2203900	807719	38,0	7596	–	–
Португалія	218840	92149	42,1	8643	–	–
Румунія	133438	133438	100,0	7149	3,83	3,45
Сербія	92000	52309	56,9	4576	–	–
Словацька республіка	114410	101392	89,9	8362	3,79	3,37
Швеція	289182	179681	74,2	9747	4,26	3,53
Швейцарія	542927	416068	76,6	6989	4,14	3,36
Великобританія	265801	267322	100,0	8699	4,34	3,38
Україна	115600	112388	9,7	7623	4,19	3,42

Джерело: : розроблено авторами на основі ICAR (2023a; 2023b)

Оцінка племінної цінності бугаїв–плідників і корів в вітчизняному молочному скотарстві за використання “моделі тварни” (Animal Model) методом BLUP (Danish et al., 2017), дала змогу провести визначення селекційно-генетичних параметрів, значення яких свідчать про можливість ведення успішної селекційної роботи як за показниками молочної продуктивності, так і за показниками відтворення й продуктивного довголіття (табл. 4). Результати таких оцінок представлено у вигляді генетичних кореляцій (кореляції між племінними цінностями певних ознак), представлених в таблиці 4.

Така оцінка в цілому свідчать про суттєвий несприятливий зв'язок між молочною продуктивністю та відтворенням корів, тоді як продуктивне довголіття відносно слабо корелює як з молочною продуктивністю, та міжотельним періодом. Отримані дані вказують про необхідність включення показників відтворення та продуктивного довголіття в вітчизняний селекційний індекс, за яким проводять добір бугаїв–плідників.

Важливою тенденцією в сучасному молочному скотарстві є селекція за ефективністю використання корму (Coffey, 2020). Залишкове споживання корму входить до індексу довічної чистої цінності (VanRaden et al., 2021). Асоціація голштинської породи США використовує власний Індекс типу-продуктивності – TPI (англ. Total Performance Index), метою якого є піє підвищення рентабельності поголів'я великої рогатої худоби, який включає ефективність використання корму і базується на оцінках молочної продуктивності, живої маси та залишкового споживання корму.

4. Оцінки генетичних кореляцій між ознаками в розрізі порід

Ознака	Генетична кореляція				
	1	2	3	4	5
Голштинська порода					
1. Надій	1				
2. Молочний жир	0,95	1			
3. Молочний білок	0,75	0,74	1		
4. Міжотельний період	0,30	0,29	0,19	1	
5. Продуктивне довголіття	0,01	0,05	0,06	-0,01	1
Українська чорно-ряба молочна порода					
1. Надій	1				
2. Молочний жир	0,97	1			
3. Молочний білок	0,81	0,80	1		
4. Міжотельний період	0,28	0,25	0,21	1	
5. Продуктивне довголіття	0,05	0,03	0,06	0,02	1
Українська червоно-ряба молочна порода					
1. Надій	1				
2. Молочний жир	0,92	1			
3. Молочний білок	0,77	0,79	1		
4. Міжотельний період	0,31	0,24	0,18	1	
5. Продуктивне довголіття	0,07	0,07	0,08	0,03	1

Джерело: Danshin et al. (2017)

Lidauer et al. (2023) запропонували використовувати для оцінки племінної цінності за ефективністю використання корму, регресію на очікуване споживання корму. Цей показник базується на ідеї регресії фактичного споживання корму на очікуване споживання корму в перерахунку на суху речовину.

Іранські вчені Nadri et al. (2023) дійшли висновку, що включення ефективності використання корму до цілі розведення молочної худоби є бажаним з точки зору підвищення стійкості та прибутковості молочних стад. Дослідження селекційних індексів, які включають ефективність використання корму показало, що це дозволяє отримувати найбільший економічний ефект. При цьому можливе застосування таких індикаторних показників, як деякі ознаки будови тіла корів (вгодованість, молочний тип, тощо).

У ряді досліджень було показано, що ефективність використання корму молочними коровами пов'язане з особливостями їх поведінки (Cavani al., 2022; Nascimento et al., 2024). Khanal et al. (2023) розробили систему геномної оцінки ефективності використання корму телицями через залишкового споживання корму та супутні компоненти (споживання сухої речовини корму, метаболічна жива маса та середньодобові прирости). Середня надійність оцінок племінної цінності телиць за ефективністю використання корму склала 58% у базовій (тренінговій) та 39% у новоствореній (предикторній) популяції. В більшості випадків зазначені дослідження проводились без оцінки генетичних кореляцій між ознаками.

В загальноприйнятому визначенні – ефективність використання корму це кількість отриманого продукту в розрахунку на одиницю споживаного корму. Оскільки на виробництво кормів витрачається більше всього енергетичних ресурсів ціна яких постійно зростає, корми залишаються головною статтею грошових витрат у тваринництві, а покращення конверсії корму у продукцію буде постійним напрямом генетичного покращення практично всіх видів сільськогосподарських тварин (Rauw et al., 2025). Крім того, покращення ефективності використання корму знижує вплив тваринництва на зовнішнє середовище, в тому числі емісію парникових газів. Поживні речовини кормів належать до вуглеводів, ліпідів та протеїнів а їх використання включає підтримуючий обмін, ріст та розвиток, відтворення, рух та інші

функції. Таким чином, ефективність використання корму залежить від процесів, які не завжди безпосередньо пов'язані з економічно важливими фенотипами (Rauw et al., 2025).

З метою оцінки впливу відбору на значення важливих селекційних ознак нами спільно з ініціативою аспірантів кафедри генетики, розведення та біотехнології тварин НУБіП України (М. Л. Зброй, М. Л. Шабаш та В. Ю. Назаренко) проведено розрахунки відповіді на відбір за комплексом ознак, для розуміння, що очікує в майбутньому конкретну породу (стадо).

В якості тестових значень розглядалися фенотипові та генетичні кореляції між досліджуваними ознаками які характерні для голштинської породи (VanRaden et al., 2021) значення яких представлено в табл. 5, 6).

5. Фенотипові кореляції між досліджуваними ознаками по голштинській породі

Ознаки	1	2	3	4	5
1. Надій	1,0				
2. Молочний жир	+0,619	1,0			
3. Молочний білок	+0,901	+0,723	1,0		
4. Залишкове споживання корму	+0,040	+0,030	+0,030	1,0	
5. Жива маса	-0,066	-0,045	-0,055	0,0	1,0

Фенотипові кореляції свідчать про тісний зв'язок між ознаками молочної продуктивності і одночасно про слабкий зв'язок між цими показниками та залишковим споживанням корму і живою масою корів.

6. Генетичні кореляції між досліджуваними ознаками по голштинській породі

Ознаки	1	2	3	4	5
1. Надій	1,0				
2. Молочний жир	+0,399	1,0			
3. Молочний білок	+0,835	+0,591	1,0		
4. Залишкове споживання корму	+0,010	-0,070	+0,080	1,0	
5. Жива маса	-0,131	-0,115	-0,100	+0,143	1,0

Генетичні кореляції більш точно показують слабкий позитивний зв'язок між надоем і кількістю молочного білка і одночасно слабкий негативний зв'язок з залишковим споживанням корму і негативний зв'язок між молочною продуктивністю і живою масою корів. Генетична кореляція між залишковим споживанням корму і живою масою корів є позитивною.

В таблиці 7 наведені результати моделювання генетичних змін досліджуваних ознак при відборі за надоем (надій, кількість молочного жиру та білка, залишкове споживання корму і жива маса) залежно від значень відповідних селекційних диференціалів.

7. Генетичні зміни досліджуваних ознак при відборі за надоем

Ознаки	Селекційний диференціал за надоем, кг					
	30	50	70	100	130	150
Надій, кг	4,6	7,7	10,8	15,4	20,0	23,1
Кількість молочного жиру, кг	0,6	0,9	1,3	1,9	2,4	2,8
Кількість молочного білка, кг	0,7	1,2	1,7	2,5	3,2	3,7
Залишкове споживання корму, кг	-0,003	-0,005	-0,008	-0,010	-0,014	-0,016
Жива маса, кг	0,08	0,13	0,18	0,26	0,33	0,38

В таблиці 8–9 наведені результати моделювання генетичних змін досліджуваних ознак при відборі за кількістю молочного жиру та молочного білка (надій, кількість молочного жиру та білка, залишкове споживання корму і жива маса) залежно від значень відповідних селекційних диференціалів.

8. Генетичні зміни досліджуваних ознак при відборі за кількістю молочного жиру

Ознаки	Селекційний диференціал за кількістю молочного жиру, кг					
	10	20	30	40	50	60
Надій, кг	8,1	16,1	24,2	32,2	40,3	48,4
Кількість молочного жиру, кг	2,1	4,2	6,4	8,5	10,6	12,8
Кількість молочного білка, кг	0,8	1,6	2,3	3,1	3,9	4,7
Залишкове споживання корму, кг	-0,015	-0,031	-0,046	-0,062	-0,077	-0,093
Жива маса, кг	-0,08	-0,15	-0,23	-0,31	-0,38	-0,46

9. Генетичні зміни досліджуваних ознак при відборі за кількістю молочного білка

Ознаки	Селекційний диференціал за кількістю молочного білка, кг					
	10	30	50	70	90	100
Надій, кг	62,0	185,9	309,8	433,8	557,8	619,7
Кількість молочного жиру, кг	4,3	12,8	21,3	29,8	38,4	42,6
Кількість молочного білка, кг	9,0	27,1	45,1	63,1	81,2	90,2
Залишкове споживання корму, кг	-0,047	0,14	0,23	0,32	0,42	0,47
Жива маса, кг	-0,63	-1,9	-3,2	-4,4	-5,7	-6,3

На відміну від надою та кількістю молочного жиру збільшення молочного білка веде до збільшення залишкового споживання корму. Це обумовлено, з одного боку тим, що кількість молочного білка в більшій мірі залежить від генетичних факторів, ніж кількість молочного жиру (Poulsen & Larsen, 2021; Andrewes et al., 2022), а з другого – позитивною генетичною кореляцією (+0,080) між кількістю молочного білка та залишковим споживанням корму.

Співвідношення цін на молоко певного складу та корми постійно впливає на прибутковість ферми. Якщо закупівельні ціни на молоко знижуються, а витрати на корми зростають, прибуток ферми різко скорочується. Великі ферми в Україні з добовим виробництвом 25–50 тон, як правило, укладають довгострокові контракти з стабільною ціною на молоко та окремі види покупного корму, впливаючи на ефективність виробництва через стабільну цінову політику (Ruban et al., 2021). За останні десятиліття витрати на корми коливаються від 40 до 70 відсотків до загальних витрат при виробництві молока.

Таким чином оцінка селекційного напрямку який пов'язаний з ефективністю використання кормових ресурсів залишається основним в молочному скотарстві, оскільки вирішує проблеми економічного та екологічного характеру.

В США за даними VanRaden et al. (2021), окрім залишкового споживання корму (residual feed intake, RFI), який входить до індексу довічної чистої цінності – NM (англ. lifetime net merit), використовують показник економії корму – FSAV (англ. feed saved) на основі оцінок передбаченої передаючої здатності за залишковим споживанням корму і масою тіла, який розраховують як РТА за економією корму (РТА – predicted transmitting ability – передбачена передаюча здатність, яка дорівнює половині плеїнної цінності тварини):

$$РТА_{FSAV} = -1 \cdot РТА_{RFI} - 151,8 \cdot РТА_{BWC}.$$

Для оцінки залишкового споживання корму використовуються дані з експериментальних ферм університетів Вісконсін-Медісон, штатів Мічиган, Айова, Флориди та Лабораторії геноміки та вдосконалення тварин-AGI при Міністерстві сільського господарства США. База даних містить більш ніж 650 000 записів про споживання корму.

В Канаді починаючи з квітня 2021 року почали публікувати офіційні генетичні оцінки за показником ефективності використання корму (Feed Efficiency) для бугаїв голштинської породи (Richardson & Van Doormaal, 2021).

Ефективність використання корму включає три ознаки: 1) споживання сухої речовини корму (DMI) для оцінки споживання корму; 2) метаболічну масу тіла для визначення потреби в енергії для підтримки; 3) надій скорегований на енергію, для врахування рівня стандартної про-

дуктивності. Таким чином, ефективність використання корму є сукупним виразом того, скільки тварина з'їдає корму незалежно від її потреб на підтримку та реалізацію продуктивності.

Спочатку оцінка враховувала лише дані за першу лактацію. Починаючи з публікації генетичних оцінок у грудні 2022 року відносні оцінки племінної цінності включають дані про другу лактацію. Збільшення відносної оцінки племінної цінності на кожні 5 балів зменшує споживання сухої речовини корму у дочок бугая приблизно на 80 кг по першій лактації та на 120 кг по другій лактації. Це відповідає зменшенню споживання корму на 2%.

В Нідерландах компанія CRV (<https://crv4all.com>) щодня збирає дані про споживання корму понад 2000 лактуючих корів на п'яти комерційних молочних фермах. Це дає чотири мільйони записів про споживання корму щороку. CRV поєднує цю інформацію з даними, зібраними від 9000 голландських і фламандських корів, що дозволяє мати велику референтну популяцію корів і отримувати надійні оцінки племінної цінності. Надійність оцінок племінної цінності ефективності використання кормів бугаїв CRV становить 85–90%.

Оцінка племінної цінності бугаїв та корів здійснюється в три етапи (de Jong et al., 2019):

1. Проводиться оцінка племінної цінності за споживанням сухої речовини корму окремо для першої (ПЦ_{ССРК1}), другої (ПЦ_{ССРК2}) і третьої та послідовних лактацій (ПЦ_{ССРК3}). Загальна оцінка племінної цінності за споживанням сухої речовини корму розраховується за формулою:

$$\text{ПЦ}_{\text{ССРК}} = 0,41 \cdot \text{ПЦ}_{\text{ССРК1}} + 0,33 \cdot \text{ПЦ}_{\text{ССРК2}} + 0,26 \cdot \text{ПЦ}_{\text{ССРК3}}$$

2. Розраховується оцінка племінної цінності за економією витрат корму на підтримку (feed saved for maintenance, FSM) у фізичному вимірюванні за формулою:

$$\text{FSM} = ((1000/940) \cdot (5,9 \cdot \text{кг жиру} + 3,0 \cdot \text{кг білка} + 2,43 \cdot \text{кг лактози}) / 301) - \text{ПЦ}_{\text{ССРК}}$$

3. Розраховується оцінка племінної цінності за економією витрат корму на підтримку (saved feed costs for maintenance, SFCM) у грошовому вимірюванні за формулою:

$$\text{SFCM} = 60,20 \text{ євро} \cdot \text{FSM}$$

У квітні 2023 року в компанії CRV ввело FeedExcel – стратегію розведення, яка обіцяє підвищення продуктивності стада на 25% або споживання коровами на 25% менше корму, а також скорочення викидів метану на 25% до 2050 року.

Спільний датсько-фінсько-шведський консорціум NAV (Nordisk Avlsværdi Vurdering – Nordic Cattle Genetic Evaluation), який проводить генетичну оцінку молочної худоби в цих трьох країнах (Aamand, 2024), використовує для оцінки ефективності використання корму показник Saved feed (економія корму), який включає два компоненти: 1) ефективність підтримки (Maintenance efficiency); 2) метаболічну ефективність (Metabolic efficiency).

Ефективність підтримки розраховується на основі даних про живу масу і ознак типу за лінійною шкалою (ріст, глибина тулуба і ширина грудей). Успадковуваність даної ознаки становить 0,58–0,65. Метаболічна ефективність визначається як різниця між фактичним і передбаченим споживанням корму (тобто це залишкове споживання корму).

Дані про споживання корму надходять з міжнародної бази даних “Ефективний геном молочної худоби” (Efficient Dairy Genome Project, EDGP), дослідних господарств Фінляндії і з ферм компанії VikingGenetics, оснащених системою CFIT.

В Норвегії ефективність використання корму виражається показником економії корму FeedSaved™ (norwegianred.com). Норвезькі селекціонери взяли за мету зменшити кількість корму, необхідного для підтримки маси тіла.

Загальна система племінного обліку в норвезькій червоній породі представляє 93% усіх корів в Норвегії. Записи даних про живу масу 1,2 млн. корів забезпечує високу точність при відборі для FeedSaved™.

Розрахунки FeedSaved™ базуються на даних про споживання сухої речовини корму.

Кращі за значеннями FeedSaved™ бугаї-плідники норвезької червоної породи дають менших за розміром помісних дочок порівняно із середньою вагою 700 кг зрілої голштинської корови, що забезпечує збереження витрат кормів, пов'язаних з підтримкою, на рівні 0,28 доларів США на день або економію приблизно 1 кг корму на день (при витратах 0,26 доларів США за 1 кг сухої речовини корму). В середньому корова норвезької червоної породи з'їдає на 0,6 кг

корму менше, ніж корова голштинської породи. В цілому це дає економію біля 101 000 . США на фермі з 1000 корів.

Bakke & Heringstad (2023) провели оцінку генетичних параметрів споживання корму корів норвезької червоної породи. Ціллю було передбачення племінної цінності за споживанням корму лактуючих корів та розрахувати індексні кореляції з ознаками, які входять до індексу загальної цінності (Total Merit index, (TMI). Середнє добове споживання корму було 20,37 кг. Коефіцієнт успадкованості добового споживання корму склав $0,18 \pm 0,04$. Оцінки племінної цінності коливались в межах від -3,32 до 3,65 ($\pm 1,2$). Індексні кореляції були в межах від -0,21 до +0,34, найбільша кореляція була між кількістю молочного протеїну за 305 днів лактації і добовим споживанням корму.

Австралія була першою країною в світі, яка почала використовувати оцінки племінної цінності за ефективністю використання корму в селекції молочної худоби у 2015 р.

Ефективність використання корму виражається показником економії корму (Feed Saved ABV). Метою є отримання тварин, які дають ту саму кількість молока зі зниженими вимогами на підтримку (Bologma et al., 2022).

В Німеччині геномна оцінка молочної худоби за ефективністю використання корму вперше була офіційно опублікована у квітні 2024 року (Abdalla et al., 2024). На момент публікації більш ніж 327000 тижневих фенотипів щодо споживання сухої речовини корму (dry matter intake, DMI), живої маси корів (body weight, BW) та скорегованого на енергію надою (energy-corrected milk, ECM) були отримані від 14774 корів з 6 країн в рамках співробітництва у геномному проєкті здорових корів (the resilient dairy genome project).

Jamrozik & Sullivan (2024) провели порівняння різних визначень залишкового споживання корму. Було запропоновано чотири визначення: фенотипове залишкове споживання корму (pRFI), генетичне залишкове споживання корму (gRFI), постійне середовищне залишкове споживання корму (eRFI) і остаточне залишкове споживання корму (rRFI). Результати показали наявність суттєвих розбіжностей між різними визначеннями залишкового споживання корму та наслідки використання різних визначень для генетичної оцінки та відбору.

Toledo-Alvarado et al. (2024) провели дослідження щодо точності різних селекційних індексів при використанні трансформації Фур'є спектру або складу молока (Fourier-transform mid-infrared (FTIR). Було використано 7793 тижневих записів про 537 генотипованих корів (78,964 SNPs) з інформацією про залишкове споживання корму (residual feed intake, RFI) та даних FTIR. Автори дійшли висновку що непрямий відбір за RFI при використанні FTIR може бути ефективним для бугаїв-плідників, що мають потомків.

James et al. (2024) вказують, що нові індикаторні фенотипи можуть покращити точність оцінки племінної цінності, якщо вони можуть виміряні в декількох стадах. Ціллю дослідження була ідентифікація метаболітів молока пов'язаних зі споживанням корму та ефективністю використання корму, які можуть бути використані як нові індикаторні ознаки. Метаболіти були отримані з трьох джерел та двох груп корів (15% з найвищим RFI і 15% з найнижчим RFI).

Gershoni et al. (2023), комбінуючи повно-геномне секвенування (19 бугаїв) і чіп BovineHD BeadChip (192 корови), ідентифікували мутації в гені FABP4 (хромосома BTA14), які мають значний вплив на залишкове споживання корму у ізраїльських голштинських корів.

Lopes et al. (2024) провели оцінку генетичних параметрів ефективності використання корму, тривалість жуйки та емісії метану у голштинських корів по першій лактації. Оцінки успадкованості склали $0,45 \pm 0,14$ для тривалості жуйки, $0,36 \pm 0,12$ для виробництва метану і $0,15 \pm 0,07$ для ефективності використання корму. Сприятлива негативна генетична кореляція виявлена між тривалістю жуйки і виробництвом метану ($-0,53 \pm 0,24$).

Починаючи з 2007 року в країнах з розвинутим молочним скотарством (Австралія, Ірландія, Нова Зеландія, Франція, Німеччина, Нідерланди, Данія–Швеція–Фінляндія, США, Ка-

нада) почали використовувати геномну селекцію (Simm et al., 2021; Xu, 2022), на основі методу геномного передбачення (Ahmadi & Bartholomé, 2022).

Геномна селекція передбачає наявність так званої референтної (тренінгової) популяції, або групи тварин з відомими фенотипами і генотипами за SNP-маркерами, на основі чого розробляється рівняння передбачення генетичної цінності кожної тварини.

Ruban & Danshin (2023) провели порівняння значення відповіді на відбір за традиційною селекційною програмою та геномною селекцією. Доведено, що за рахунок скорочення генераційних інтервалів на шляхах генетичного покращення такої категорії як «батьки бугаїв», «батьки корів» і «матері бугаїв» за допомогою геномної селекції можна підвищити швидкість генетичного прогресу за надоем від 100,1 кг. до 180,0 кг, тобто на 80%.

Перспективним є використання штучного інтелекту в розведенні молочної худоби, який успішно застосовується для розв'язання широкого кола завдань (Vries et al., 2023; Palma et al., 2025). На сьогодні штучний інтелект достатньо широко використовується в молочному скотарстві для різних цілей (Vries et al., 2023; Neethirajan, 2023). Так Monteiro et al. (2024), використовуючи підхід на основі штучного інтелекту, довели, що склад мікробіому рубця описує значну частину мінливості залишкового споживання корму молочними коровами.

На думку Ноуе et al. (2022) поява штучного інтелекту і розробка сенсорних технологій радикально змінило традиційні сектори економіки, в тому числі в молочному скотарстві.

Точне тваринницьке фермерство (англ. precision livestock farming) з використанням штучного інтелекту та сенсорних технологій пропонує інноваційні рішення в галузі виробництва молока. Ці технології зробили можливими моніторинг в режимі реального часу, та прийняття управлінських рішень на основі даних з покращенням благополуччя тварин та збільшення їх продуктивності (Koutouzidou et al., 2022).

Індивідуальне вимірювання ваги тварин є важливим для оцінки їх здоров'я і продуктивності (Martins et al., 2020), залишається важкою задачею, яка потребує багато часу, при застосуванні звичайних методів. Тому штучний інтелект та сенсорні технології автоматизують індивідуальний облік поведінки корів при годівлі, включаючи час, проведений біля годівниці, частоту годівлі та кількість споживаного корму (Lee & Seo, 2021).

За даними Vries et al. (2023), основними напрямками використання штучного інтелекту в молочному скотарстві є: 1) побудова експертних систем для покращення годівлі, бракування, контролю маститів, індивідуального підбору бугаїв-плідників; 2) огляди літератури по напрямках менеджменту; 3) діагностика захворювань; 4) виявлення корів у стані еструсу та передбачення імовірності успішного осіменіння; 5) передбачення майбутньої молочної продуктивності корів; 6) оцінка індивідуального споживання корму коровами на основі даних про продуктивність, поведінку та метаболічні відхилення; 7) системи добровільного доїння (доїльні роботи).

Нещодавно була розроблена система індивідуального обліку споживання корму коровами на комерційних фермах Cattle Feed InTake (CFIT), в якій штучний інтелект використовується для ідентифікації тварин та визначення кількості споживаного корму (Bloch et al., 2021).

Важливим напрямом є використання техніки редагування геному молочної худоби (Van Eenennaam, 2025), яка дозволяє не тільки підвищувати продуктивність тварин, а й боротися з захворюваннями, в тому числі інфекційними. Нижче наведені приклади такого застосування:

1. вірусна діарея великої рогатої худоби (BVD) є одним із найважливіших захворювань, які впливають на здоров'я та самопочуття великої рогатої худоби у всьому світі. З використанням CRISPR/Cas9 технології і клонування з введенням ядра у соматичну клітину (SCNT), було отримане живе теля з шістьма зміненими амінокислотами в домені зв'язування BVDV бичачого гена CD46. Теля мало різко зменшену сприйнятливості до інфекції, про що свідчать зменшення клінічних ознак і відсутність вірусної інфекції в лейкоцитах (Workman et al., 2023);

2. за Gim et al. (2023) з використанням CRISPR-Cas9 техніки отримали телят з редагованим геном PRNP (стійкість до губчастої енцефалопатії) і молочних телят з редагованими генами MSTN та BLG, дало можливість отримати молоко, яке не викликає алергії;
3. захист від коров'ячий герпесвірус типу 1 (BHV-1), який викликає інфекційний ринотрахеїт у великої рогатої худоби. За даними Dai et al. (2022) за допомогою системи CRISPR/Cas9 отримали лінію великої рогатої худоби стійку до цього вірусу;
4. Yuan et al. (2021) за допомогою системи CRISPR/Cas9 отримали локус ROSA26, ідентифікований як потенційний GSH у великої рогатої худоби для отримання тварин з підвищеною резистентністю до туберкульозу.

Висновки. Значну частину поголів'я молочної худоби в Україні займають тварини Голштинської породи або помісні місцеві породи з умовною питомою вагою Голштинів в родоводі до 75–87,5%. Стримуючим фактором в системі селекції при цьому є мала чисельність підконтрольного поголів'я. Подальший шлях організації роботи з вітчизняними та транскордонними породами в Україні необхідно будувати на основі тісної кооперації з закордонними організаціями (університети, наукові центри, генетичні лабораторії та асоціації) використовуючи власну виробничу базу референс популяцій. Світові тренди в системах відбору спрямовані на найближчу перспективу на економії виробничих ресурсів при збереженні добробуту тварин (стан здоров'я, відтворення, продуктивне довголіття), та якості продукції.

Отримані результати з оцінки генетичних кореляцій між ознаками при деяких різницях між вітчизняними породами, в цілому свідчать про суттєвий несприятливий зв'язок між молочною продуктивністю та відтворенням корів, тоді як продуктивне довголіття відносно слабо корелює як з молочною продуктивністю, так і з міжотельним періодом. Передбачення відповіді на відбір за комплексом ознак довело, що збільшення надою та кількістю молочно-го жиру обумовлює зменшення залишкового споживання корму, в той час як збільшення кількості молочного білка навпаки обумовлює збільшення залишкового споживання корму.

До перспективних напрямів в селекції молочної худоби можна з впевненістю віднести геномну селекцію, використання штучного інтелекту та передбачення наслідків різних схем відбору, техніку редагування геному молочної худоби, та застосування Omics-технологій.

REFERENCES

- Ruban, S. Yu., Kudlai, I. M., Klymenko, A. V., Mitiohlo, L. V., Tsentylo, L. V., & Tsybenko, V. H. (2021). *Vyrobnytstvo moloka (vitchyzniani ta svitovi dosvid efektyvnoho vedennia molochnoho skotarstva)* [Milk production (domestic and international experience in effective dairy farming)]. Brovin O. V. [In Ukrainian]. <https://newlibrary.snau.edu.ua/cgi-bin/koha/opac-detail.pl?biblionumber=122142>
- Kondratiuk, V. M., Ruban, S. Yu., Borshch, O. O., Tsentylo, L. V., Vdovenko, N. M., Hruntkovskyi, M. S., Rosamakha, Yu. O., & Zhuravel, M. P. (2024). *Modernizatsiia ferm z vyrobnytstva moloka (inzhynerinh, hodivlia, henomne peredbachennia)* [Modernization of dairy farms (engineering, feeding, genomic prediction)]. O. V. Yamchynskyi. [In Ukrainian]. <https://dglb.nubip.edu.ua/items/8e84804d-50e0-4064-a180-5135e70bcde6>
- Aamand, G. P. (2024). *NAV official genetic evaluation of Dairy Cattle – data and genetic models*. <https://nordicebv.info/wp-content/uploads/2024/02/NAV-routine-genetic-evaluation-feb-2024.pdf>
- Abdalla, E., Polman, L., Rensing, S., Liu, Z., Alkhoder, H., Reents, R., & Heise, J. (2024). Breeding for feed efficiency in German Holsteins: the new RZFeedEfficiency. *Interbull bulletin*, 60 : Proceedings of the 2024 Interbull Meeting, 47–53. <https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/view/1942/1926>
- Ahmadi, N., & Bartholomé, J. (2022). *Genomic Prediction of Complex Traits. Methods and Protocols*. Humana press. DOI: 10.1007/978-1-0716-2205-6
- Andrewes, P., Halroyd, E. S., Gill, B., Johson, R., Lewis, A., MacKenzie, A., & Vyssotski, M. (2022). Optimising milk composition and quality. In P. T. Huppertz, T. Vasiljevic (Eds.), *Under-*

- standing and improving the functional and nutritional properties of milk*. Burleigh Dodds Series in Agricultural science, 114, 473–730. <https://shop.bdsublishing.com>.
- Bakke, K. A., & Heringstad, B. (2023). Breeding Values for Daily Dry Matter Intake in Norwegian Red Dairy Cows and Correlation to Other Traits. *Interbull Bulletin*, 59, 89–94. <https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/view/1882/1908>
- Bloch, V., Levit, H., & Halachmi, I. (2021). Design a system for measuring individual cow feed intake in commercial dairies. *Animal*, 15, 100277. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100277>.
- Bolormaa, S., MacLeod, I. M., Khansefid, M., Marett, L. C., Wales, W. J., Nieuwhof, G. J., Baes, C. F., Schenkel, F. S., Goddard, M. E., & Pryce, J. E. (2022). Evaluation of updated Feed Saved breeding values developed in Australian Holstein dairy cattle. *Journal of dairy science Communications*, 3 (2), 114–119. <https://doi.org/10.3168/jdsc.2021-0150>
- Chakraborty, D., Sharma, N., Kour, S., Sodhi, S. S., Gupta, M. K., Lee, S. J., & Son, Y. O. (2022). Applications of Omics Technology for Livestock Selection and Improvement. *Frontiers in Genetics*, 13, 774113. doi: 10.3389/fgene.2022.774113
- Coffey, M. (2020). Advances in dairy cattle breeding to incorporate feed conversion efficiency in national genetic evaluations. In J. van der Werf and J. Pryce (Eds.), *Advances in breeding of dairy cattle*. Burleigh Dodds Science Publishing Limited. <http://dx.doi.org/10.19103/AS.2019.0058.11>
- Dai, H., Wu, J., Yang, H., Guo, Y., Di, H., Gao, M., & Wang, J. (2022). Construction of BHV-1 UL41 Defective Virus Using the CRISPR/Cas9 System and Analysis of Viral Replication Properties. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 12, 942987. doi: 10.3389/fcimb.2022.942987
- 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. [In Ukrainian]. <http://dx.doi.org/10.15407/animbiol19.01.044>
- De Vries, A., Bliznyuk, N., & Pinedo, P. (2023). Invited Review: Examples and opportunities for artificial intelligence (AI) in dairy farms. *Applied Animal Science*, 39, 14–22. <https://doi.org/10.15232/aas.2022-02345>
- Gershoni, M., Shirak, A., Ben-Meir, Y., Shabtay, A., Cohen-Zinder, M., & Seroussi, E. (2023). Re-Evaluation of Genotyping Methodologies in Cattle: The Proficiency of Imputation. *Genes*, 14 (3), 547. <https://doi.org/10.3390/genes14030547>
- Gim, G. M., Eom, K. H., Kwon, D. H., Jung, D. J., Kim, D. H., Yi, J. K., Ha, J. J., Lee, J. H., Lee, S. B., Son, W. J., Yum, S. Y., Lee, W. W., & Jang, G. (2023). Generation of double knock-out cattle via CRISPR-Cas9 ribonucleoprotein (RNP) electroporation. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 14, 103. <https://doi.org/10.1186/s40104-023-00902-8>.
- Hopper, R. M. (2021). *Bovine Reproduction*. John Wiley & Sons, Inc. <https://vetbooks.ir/bovine-reproduction-2nd-edition/>
- Hoque, M., Mondal, S., & Adusumilli, S. (2022). Sustainable Livestock Production and Food Security. In *Emerging Issues in Climate Smart Livestock Production*. Academic Press: Cambridge, MA, USA, 71–90. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-822265-2.00011-9>
- ICAR. *Annual report 2022–2023*. <https://www.icar.org>
- James, L. M., Mayes, M. S., Siberski-Cooper, C. J., Breitzman, M. W., Vandehaar, M. J., & Koltes, J. E. (2024). Association of milk metabolites with feed intake and traits impacting feed efficiency in lactating Holstein dairy cows. *Frontiers in animal science*, 5, 1393996. doi: 10.3389/fanim.2024.1393996
- Jamrozik, J., & Sullivan, P. G. (2024). Alternative Residual Feed Intake (RFI) expressions. *Interbull Bulletin*, 60, 54–61 <https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/view/1933/1927>
- Jong, G. de, Schopen, G. C. B., Bouwmeester-Vosman, J. J., Linde, C. van der, Haas, Y. de, & Veerkamp, R. F. (2019). Feed intake genetic evaluation: Progress and an index for saved feed cost. *Interbull bulletin*, 55 : Interbull meeting, 1–4. <https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/view/171>

- Khanal, P., Johnson, J., Gouveia, G., Ross, P., & Deeb, N. (2023). Genomic evaluation of feed efficiency in US Holstein heifers. *Journal of Dairy Science*, 106, 6986–6994. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-23258>
- Koutouzidou, G., Ragkos, A., & Melfou, K. (2022). Evolution of the Structure and Economic Management of the Dairy Cow Sector. *Sustainability*, 14 (18), 11602. <https://doi.org/10.3390/su141811602>
- Lee, M., & Seo, S. (2021). Wearable wireless biosensor technology for monitoring cattle: A review. *Animals*, 11, 2779. <https://doi.org/10.3390/ani11102779>
- Lidauer, M. H., Negussie, E., Mantysaari, E. A., Mantysaari, P., Kajava, S., Kokkonen, T., Chegini, A., & Mentio, T. (2023). Estimating breeding values for feed efficiency in dairy cattle by regression on expected feed intake. *Animal*, 17, 100917. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2023.100917>
- Lopes, L. S. F., Schenkel, F. S., Houlahan, K., Rochus, C. M., Oliveira, Jr. G. A., Oliveira, H. R., Miglior, F., Alcantara, L. M., Tulpan, D., & Baes, C. F. (2024). Estimates of genetic parameters for rumination time, feed efficiency, and methane production traits in first-lactation Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 107, 4704–4713. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-23751>
- Martins, B. M., Mendes, A. L. C., Silva, L. F., Moreira, T. R., Costa, J. H. C., Rotta, P. P., Chizzotti, M. L., & Marcondes, M. I. (2020). Estimating Body Weight, Body Condition Score, and Type Traits in Dairy Cows Using Three Dimensional Cameras and Manual Body Measurements. *Livest. Sci.*, 236, 104054. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020/104054>
- Monteiro, H. F., Figueiredo, C. C., Mion, B., Santos, J. E. P., Bisinotto, R. S., Peñagaricano, F., Ribeiro, E. S., Marinho, M. N., Zimpel, R., da Silva, A. C., Oyebade, A., Lobo, R. R., Coelho, W. M., Peixoto, P. M. G., Marin, M. B. U., Umaña-Sedó, S. G., Rojas, T. D. G., Elvir-Hernandez, Flávio, M., Schenkel, S., Weimer, B. C., Brown, C. T., Kebreab, E., & Lima, F. S. (2024). An artificial intelligence approach of feature engineering and ensemble methods depicts the rumen microbiome contribution to feed efficiency in dairy cows. *Animal Microbiome*, 6, 5. <https://doi.org/10.1186/s42523-024-00289-5>
- Nadeem, A., & Javed, M. (2022). *Omics for Animal Sciences. Principles and Approaches*. Nova Science Publishers. <https://doi.org/10.52305/PCIP7813>
- Nadri, S., Sadeghi-Sefidmazgi, A., Zamani, P., Ghorbani, G. R., & Toghiani, S. (2023). Implementation of Feed Efficiency in Iranian Holstein Breeding Program. *Animals*, 13, 1216. <https://doi.org/10.3390/ani13071216>
- Nascimento, B. M., Cavani, L., Caputo, M. J., Marinho, M. N., Borchers, M. R., Wallace, R. L., Santos, J. E. P., White, H. M., Penagaricano, F., & Weigel, K. (2024). Genetic relationships between behavioral traits and feed efficiency traits in lactating Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 107, 8141–8149. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24526>
- Neethirajan, S. (2023). Artificial Intelligence and Sensor Technologies in Dairy Livestock Export: Charting a Digital Transformation. *Sensors*, 23, 7045. <https://doi.org/10.3390/s23167045>
- Palma, O., Plà-Aragónés, L. M., Mac Cawley, A., & Albornoz, V. M. (2025). AI and Data Analytics in the Dairy Farms: A Scoping Review. *Animals*, 15 (9), 1291. <https://doi.org/10.3390/ani15091291>
- Poulsen, N. A., & Larsen, L. B. (2021). *Genetic factors affecting the composition and quality of cow's milk*. Burleigh Dodds Series in Agricultural science. <http://dx.doi.org/10.19103/AS.2022.0099.15>
- Rauw, W. M., Baumgard, L. H., & Dekkers, J. C. M. (2025). Review: Feed efficiency and metabolic flexibility in livestock. *Animal*, 19 (1), 191376. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101376>
- Richardson, C., & Van Doormaal, B. (2021). *Introducing Feed Efficiency*. Lactanet publication.
- Ruban, S. Y., & Danshin, V. O. (2019). *Modern methods of animal breeding*. National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine. [In Ukrainian].

- Ruban, S., & Danshin, V. (2023). Perspectives for the use of genomic selection for genetic improvement of dairy cattle in Ukraine. *Ukrainian Black Sea Region Agrarian Science*, 27 (1), 20–29. [In Ukrainian] DOI 10.56407/bs.agrarian/1.2023.20
- Simm, G., Pollott, G., Mrode, R., Houston, R., & Marshall, K. (2021). *Genetic Improvement of Farmed Animals*. CABI.
- Toledo-Alvarado, H. O., Tempelman, R. J., Lopez-Cruz, M., VandeHaar, M. J., Santos, J. E. P., Peñagaricano, F., Khanal, P., & Campos, G. de los. (2024). Selection indexes for residual feed intake derived from milk spectra. *Journal of dairy science*, 107, 11164–11179. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24425>
- Van Eenennaam, A. L. (2025). Current and future uses of genetic improvement technologies in livestock breeding programs. *Animal Frontiers*, 15 (1), 80–90. <https://doi.org/10.1093/af/vfae042>
- VanRaden, P. M., Cole, J., & Parker Gaddis, K. L. (2021). Net merit as a Measure of Lifetime Profit: 2021 Revision. AIP RESEARCH REPORT NM\$8 (05-21). https://www.ars.usgov/ARSTUserFiles/80420530/Publications/ARR/nmcalc-2021_ARR-NM8.pdf
- Walsh, B., & Lynch, M. (2018). *Evolution and Selection of Quantitative Traits*. Oxford university press.
- Workman, A. M., Heatona, M. P., Vander Leyb, B. L., Webster, D. A., Sherry, L., Bostrom, J. R., Larson, S., Kalbfleisch, T. S., Harhaya, G. P., Jobman, E. E., Carlson, D. F., & Sonstegard, T. S. (2023). First gene-edited calf with reduced susceptibility to a major viral pathogen. *PNAS Nexus*, 2, 1–14. <https://doi.org/10.1093/pnasnexus/pgad125>
- Xu, S. (2022). *Quantitative genetics*. Springer.
- Yuan, M., Zhang, J., Gao, Y., Yuan, Z., Zhu, Z., Wei, Y., Wu, T., Han J., & Zhang, Y. (2021). HMEJ-based safe-harbor genome editing enables efficient generation of cattle with increased resistance to tuberculosis. *J. Biol. Chem.*, 296, 100497. <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2021.100497>
- Zhukosky, O. M., Romanova, O. V., Mykhailenko, N. G., Pryima, S. V., & Basovsky, D. M. (2024). State register of breeding subjects in livestock breeding for 2023, 2. [In Ukrainian]. <https://iabg.org.ua/images/catalog/II%20%20tom%202023%20rik.pdf>
<https://www.ars.usda.gov/northeast-area/beltsville-md-barc/beltsville-agricultural-research-center/agil>

Одержано редколегією 26.06.2025 р.

Прийнято до друку 21.08.2025 р.