

ПОЛТАВСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
Факультет технології виробництва і переробки продукції тваринництва
Кафедра технологій дрібного тваринництва

ПОЯСНЮВАЛЬНА ЗАПИСКА
до кваліфікаційної роботи на здобуття ступеня вищої освіти
магістр

на тему: **«Порівняльна характеристика родин стада великої рогатої худоби української чорно-рябої молочної породи в умовах ТОВ «ВІТЧИЗНА» Карлівського району Полтавської області»**

Виконав: здобувач вищої освіти
за освітньо-професійною програмою Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва спеціальності 204 Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва ступеня вищої освіти магістр групи 204ТВППТмд 2_1
ДІДЕНКО ЯНА В'ЯЧЕСЛАВІВНА
Керівник: Оксана КРАВЧЕНКО
Рецензент: Анатолій ШОСТЯ

Полтава – 2021 року

ЗМІСТ

	стор.
ВСТУП	3
1. РОЗДІЛ I. ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ	6
1.1. Сучасні напрями селекції у молочному скотарстві	6
1.2. Історичні аспекти генетичних ресурсів великої рогатої худоби	14
РОЗДІЛ 2. МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ	29
2.1. Мета та методика досліджень	29
2.2. Методика досліджень	29
РОЗДІЛ 3. РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ	31
3.1. Загальні відомості про господарство	31
3.2. Характеристика стада господарства	32
3.3. Характеристика генеалогічної структура стада	40
3.4. Економічна ефективність виробництва молока	50
ВИСНОВКИ	51
ПРОПОЗИЦІЇ	52
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ ІНФОРМАЦІЇ	53

ВСТУП

Запровадження окультурення сільськогосподарських рослин і одомашнення тварин започаткувало культурний розвиток людства. Велика рогата худоба була серед 14 великих диких наземних видів, які відповідали умовам успішного одомашнення [1]: використання трави для годівлі, швидкий ріст, здатність до розмноження в неволі, генетична поміркованість агресивної або панічної поведінки в неволі та соціальна поведінка, яка полегшує поводження. Домашня велика рогата худоба була наступною у одомашненні, після менших і легших в управлінні овець і кіз [2]. Оскільки скотарство вимагало розподілу завдань і таким чином накладало [2-5] розшарування на скотарське суспільство, його вплив був значним. Велика рогата худоба також була однією з найперших форм капіталу [6].

Супроводжуючи людство від початку цивілізації, велика рогата худоба стала невід'ємною частиною людського суспільства в різних середовищах. Постачаючи молоко, м'ясо та шкури, беручі участь у землеробстві [3], вони стали найважливішими видами домашніх тварин. Їхня роль у суспільному житті людства, церемоніях, ритуалах та іграх також відводить худобі центральне місце в людській культурі, незважаючи на менш ніжні стосунки між людьми та цими тваринами, ніж, наприклад, з кіньми чи собаками.

У всьому світі тваринництво відігравало і відіграє важливу роль у підвищенні продуктивності тварин, наприклад, у тому числі і молочної худоби. Розвиток недорогих стратегій генотипування, таких як однонуклеотидний поліморфізм (SNP) і генотипування шляхом секвенування [7, 8], зробило геномну оцінку незамінною для сучасних методів розведення у молочному скотарстві [9, 10] та програми [11, 12] і являють собою якісний стрибок, який часто порівнюють з успішним впровадженням штучного запліднення.

Однак якість будь-якої оцінки геномної селекційної цінності тварин сильно залежить від кількості фенотипованих тварин і спостережуваної спадковості використаних фенотипів [13]. Успіх розведення тварин як і раніше в основному базується на фенотипових спостереженнях за тваринами, а величезний прогрес у значній мірі обумовлений належним визначенням ознак і комплексними тестами продуктивності.

Компанії, що займаються розведенням тварин, а також фермери з розведення молочної худоби стикаються з кількома проблемами, що стосуються стійкості всієї системи виробництва молока. Це включає вплив худоби на навколишнє середовище та клімат, занепокоєння збільшенням дефіциту природних ресурсів (включаючи генетичне різноманіття) та кормів, або занепокоєння щодо добробуту та здоров'я тварин, а також стійкості до протимікробних препаратів. В епоху феноміки наявність надійних фенотипів для вирішення цих нових проблем є важливим. У цьому контексті ключову роль відіграють технічна революція, доступність та обробка великої кількості даних. Нові фенотипи засновані на великомасштабних або передових вимірювальних технологіях. Записи датчиків відіграють все більш важливу роль для широкого спектру ознак (наприклад, вимірювання викидів метану, характеристика мікробіому рубця, спектрів середнього інфрачервоного випромінювання від проб молока,

На початковому етапі старту реєстрацій, коли використання нових фенотипів часто ще не підтверджено або недостатньо підтверджено дослідженнями, об'єднання даних між різними дослідницькими партнерами всередині та між країнами може бути дуже корисним. Це дозволяє швидше та надійно впроваджувати програми розведення. Тим не менш, об'єднання даних може ускладнитися, якщо дані вимірюються за допомогою різних протоколів або сенсорних технологій, або якщо обробка даних обробляється інакше або непрозоро.

Усі фенотипи мають притаманну цінність, яку можна оцінити як додатковий внесок в генетичну цінність у рамках сучасної мети в селекції тварин [14]. Однак інтеграція різноманітних нових фенотипів у існуючі програми розведення є складною проблемою через зростаючу складність та невідомі або потенційно небажані генетичні кореляції між різними ознаками в меті розведення.

РОЗДІЛ 1. ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ

1.1. Сучасні напрями селекції у молочному скотарстві

Визначення фенотипу організму може бути широким загалом він відноситься до набору ознак організму і включає морфологічні та фізіологічні характеристики, а також моделі поведінки. Ознаки – це ідентифіковані характеристики тварин, які відрізняються одна від одної, і які можна виміряти та аналізувати як статистичні величини. У контексті розведення тварин важливими ознаками є ті, які мають значну генетичну детермінацію і які мають безпосередню економічну, соціальну чи екологічну цінність.

Часто цитована заява Майка Коффі «В епоху генотипу [геноміки] фенотип є королем» вказує, що вимірювання та запис відповідних ознак фенотипу є критичними для правильного функціонування геномного відбору. В епоху феноміки фенотип ще більше знаходиться в центрі уваги досліджень. Важкі для вимірювання ознаки фенотипу та складні взаємодії між старими та новими цільовими ознаками селекції стають все більш важливими. В даний час три основних комплекси ознак вважаються значущими в майбутньому: з одного боку, ефективність використання енергії, поживних речовин та ресурсів навколишнього середовища, з іншого боку, характеристики здоров'я та стійкості, а також благополуччя тварин [15]. Це призводить до проблеми отримання точної та вичерпної інформації про ці ознаки.

Нещодавні інженерні досягнення та зниження вартості електронних технологій дозволили розробити сенсорні рішення для підтримки точного землеробства, які автоматично збирають такі дані, як фізіологічні параметри, нові показники виробництва та поведінкові особливості. Одним із поточних цільових значень є моделі активності, що визначаються датчиками

(наприклад, від крокомірів), з яких можна отримати характеристики конкретної поведінки тварин. Крім того, висновки щодо здоров'я, фертильності чи благополуччя можна зробити на основі індивідуальних відхилень від таких специфічних для тварин моделей. Крім того, можна отримати взаємодію тварин та соціальні характеристики поведінки (агресивні тварини проти толерантних), а також соціальні стосунки тварин в стаді [16, 17].

Більше того, в молочних дослідження середньо-інфрачервона спектроскопія була зазначена як потенційний інструмент для збору даних на рівні популяції для фенотипових та генетичних цілей, і, таким чином, є тематикою сучасних досліджень. Зазвичай для прогнозування якісних ознак у зразках молока використовується середньо-інфрачервона спектроскопія. На додаток до традиційних ознак (наприклад, вміст білка, жиру, лактози та сечовини), також можна передбачити та використовувати для оцінки таких характеристик молока, як жирні кислоти, білковий та мінеральний склад, коагуляція молока, кислотність молока, вміст меламіну та кетонів тіл, наприклад, енергетичний статус тіла та викиди метану [18].

Крім цього, розвиток у світі омیک-досліджень привели до різних рівнів фенотипів. Вивчення каскаду омیک включає дослідження, засновані на метаболомах, протеомах, транскриптомах і геномах. Метаболоміка, застосована до розведення тварин, може стати наріжним каменем наступного покоління підходів до фенотипування, які необхідні для вдосконалення та покращення опису ознак і, у свою чергу, для створення інноваційних оцінок селекційної цінності [19]. Знання про біологічний фон та генетичну побудову нових і традиційних ознак можна розширити за допомогою метаболомічної інформації, що відкриває нові можливостей у розведенні тварин. Наприклад, біомаркери для певних фізіологічних станів або схильностей тварин можна використовувати для розведення більш міцних тварин, як вказують [20], які виявили, що рівень гліцерофосфохоліну

в зразках молока є відповідним біомаркером ризику кетозу, і, крім того, дозволяє відбирати метаболічно стабільних корів. На основі цих висновків [21] об'єднали інформацію про SNP, дані звичайної бази даних записів по молоку та, серед інших метаболітів, концентрацію гліцерофосфохоліну в окремих зразках молока, щоб передбачити індивідуальний ризик кетозу корови за допомогою методів машинного навчання, і таким чином, вперше показав потенціал цих підходів.

Останнім часом вплив тваринництва на клімат (наприклад, викиди метану) став важливою темою, принаймні в науковому співтоваристві, тоді як конкретних зусиль щодо включення викидів парникових газів у цілі селекції наразі не проводиться. Однак, з огляду на те, що викиди парникових газів є політичною темою, яка багато обговорюється, найближчим часом можуть бути проведені дослідження щодо включення цієї ознаки в цілі розведення. Серія досліджень виявила помірну спадковість викидів метану, що показало, що можлива селекція тварин за показником нижчих викидів метану [22-24]. Однак багато методів прямого фенотипування, доступні в даний час, є дорогими і трудомісткими, і тому кількість можливих вимірювань обмежена кількома тваринами. Крім того, метод золотого стандарту (дихальні камери) має той недолік, що тварин вимірюють у штучному середовищі.

Інші методи, які можна використовувати у виробничих ситуаціях (пасовище, ділянка відгодівлі або ділянка годівлі при доїнні корів), дозволяють відбирати проби метану лише частину дня і вимагають повторних вимірювань [25]. Враховуючи, що методи прямого фенотипування складні та дорогі, можна припустити, що запис у великих масштабах можливий лише за допомогою проксі або, найімовірніше, комбінації різних проксі (тобто індикаторів або непрямих ознак), які достатньо корелюють з метаном, вихідні дані легкодоступні, недорогі для запису, і, якщо

використовується більше одного проксі, відображає незалежні джерела змін у викидах метану.

В даний час викиди метану вимірюються або оцінюються за допомогою великої кількості різних методів (рідко для одних і тих самих осіб), і відсутні знання про те, як ці дані можна об'єднати, щоб забезпечити геномний відбір корів з меншими викидами метану [26]. Крім того, немає консенсусу щодо того, який фенотип використовувати для цілей відбору: метан у літрах на добу або грамах на добу, метан у літрах на кілограм споживання молока або сухої речовини з коригуванням енергії або фенотип залишкового метану, коли вироблення метану є з поправкою на виробництво молока та живу масу.

Споживання корму, що є основним фактором, що визначає виробництво метану [27], в даний час обговорюється як важлива нова ціль розведення, і, на відміну від метану, впровадження цієї ознаки в сучасні цілі розведення триває, але це не є тривіальним. Вибір споживання сухої речовини слід розглядати в контексті суперечливих вимог щодо придатності та ефективності тварин [28]. Одночасний відбір за низьким рівнем споживання сухої речовини та високим надоєм може покращити ефективність використання корму, але несе ризик посилення дефіциту енергії після пологів та пов'язаних із цим проблем зі здоров'ям.

На основі поздовжнього та багатомірного аналізу енергетичного балансу, споживання сухої речовини та скоректованого за енергією надоїв молока за дні в молоці, [29] змогли продемонструвати чітко специфічну для стадії лактації генетичну структуру енергетичного гомеостазу з оцінками спадковості та генетичними кореляціями, які змінювалися в ході лактації та залежних від стадії лактації, і дійшли висновку, що, можливо оптимізувати лактаційну траєкторію споживання сухої речовини, з метою покращення здоров'я тварин на початку лактації та ефективності корму в пізнішій лактації. Цей приклад ілюструє, що багаторазова реєстрація фенотипів на

різних фазах виробництва, а також знання про генетичні кореляції між усіма ознаками, протягом кількох днів у молоці, є важливою передумовою для розробки збалансованих цілей розведення, спрямованих на точне визначення напрямів селекції маючи більше рис, особливо складних рис.

Програми розведення часто подібні в різних країнах, принаймні щодо ознак, включених у ціль розведення. Навіть для нових ознак, які мають переважно екологічне або соціальне (а не економічне) значення, зусилля щодо впровадження цих нових ознак у цілі розведення зазвичай не обмежуються однією країною. Коли йде мова про ознаки, які важко вимірюються або дорого коштують (наприклад, споживання/ефективність корму), у більшості випадків селекція за фенотипом є мізерними. У таких ситуаціях міждисциплінарні та міжнародні об'єднання даних і дослідження часто є найкращою гарантією швидкого та адекватного впровадження програм розведення. Однак таким ініціативам можуть перешкодити різні виробничі системи, використання різних протоколів або методів вимірювання, питання інтелектуальної власності, і, нарешті, якщо задіяні селекційні компанії, через конкуренцію між країнами. Аналогічно, створення відповідних угод для обміну даними та зручності використання інформації, отриманої шляхом аналізу об'єднаних даних, часто є складним і трудомістким завданням.

Незабаром після успішного впровадження геномного відбору для рутинно вимірюваних ознак, в рамках глобальної ініціативи щодо сухих речовин (gDMI) було створено найбільшу у світі базу даних щодо споживання кормів для генотипованої молочної худоби, де [30] вперше продемонстрували, що за умови використання підходу з багатьма ознаками поєднання подібних фенотипів у різних популяціях може підвищити точність значень геномного розведення для важливих, але рідкісних ознак, таких як споживання сухої речовини. Тим часом були створені подібні проекти, що об'єднували дані про споживання кормів, наприклад, німецький проект

optiKuh, який детально описаний [31]. Набір даних optiKuh складався з даних різних дослідницьких ферм, які погодилися записувати якомога однорідні дані протягом 2-річного періоду. Використовуючи ці дані для оцінки геномної селекційної цінності, спостерігається порівняно висока надійність. Це підкреслює важливість стандартизованих протоколів для запису даних, які також вважаються актуальними для інших нових ознак, таких як викиди парникових газів. Таким чином, розробка універсальних рекомендацій щодо реєстрації ознак, які важко виміряти, є вирішальним кроком на шляху до впровадження в селекційні програми.

Нові фенотипи з різних джерел, технічна революція та потреба в детальних даних про окремих тварин для точного управління молочним тваринництвом призвели до різкого збільшення обсягу даних. У минулому стрімко зростаюча кількість генотипованих і секвенованих тварин вже спровокувала генетиків посилити наукову співпрацю з фахівцями з кількох інших дисциплін, таких як інформатика, біоінформатика, математика та статистика. Ця нещодавно розвинена область міждисциплінарних досліджень зосереджена на оцінці більш точних прогнозних значень фенотипів за допомогою методів прогнозного моделювання [32]. Сфера комп'ютерного прогнозування пропонує багато гнучких алгоритмів, які підходять для аналізу великих, переважно складних наборів даних. Звичайні статистичні методи, такі як регресія, вимагають припущення про конкретну параметричну функцію (наприклад, лінійну, квадратичну тощо), і велика кількість даних має бути відкинута, якщо одна або кілька пояснювальних змінних відсутні. Алгоритми комп'ютерного прогнозування, з іншого боку, можуть вмістити складні залежності серед пояснювальних змінних і можуть ефективно функціонувати за наявності відсутніх значень для деяких змінних [33]. Крім того, методології реконструкції мережі, засновані на концепціях системної біології, були застосовані, щоб розблокувати складність різних

рівнів фенотипічної інформації та зв'язати метаболоміку з іншими даними omics [34].

Джерела та обсяги даних неухильно збільшуються, і, як наслідок, методи аналізу також стають все більш складними.

Суть досягнення селекційної мети за допомогою розроблених програм генетичного вдосконалення полягає в зборі точних і вичерпних фенотипових даних. Основними факторами, що визначають безпосередню перевагу фенотипу, є кількість наявних фенотипових записів, спадковість та економічна цінність ознаки. Крім того, на корисність фенотипу впливають кілька інших факторів, включаючи витрати на створення адаптованої програми розведення, а також витрати на фенотипування та генотипування [35]. У цьому контексті особливо складно включати ознаки, які пов'язані з суспільними благами і, отже, мають соціальне значення, а не прямий економічний вплив для фермерів або риси, які важко виміряти (наприклад, вирішення питання ефективності). У деяких випадках умовна оцінка може слугувати інструментом для включення неринкових ознак у цілі розведення. Що стосується ефективності кормів, то до цілей розведення потрібно ставитися з певною обережністю. Інтуїтивно запропонувати заощадити витрати на корм шляхом вибору залишкового споживання корму [36], однак це може бути контрпродуктивним на чутливій ранній стадії лактації, коли корови відчують негативний енергетичний баланс і схильні до виробничих захворювань.

Генетичні кореляції для споживання корму та енергетичного балансу в залежності від тривалості лактації тепер дозволяють вибрати для цих етапів лактації специфічні ознаки, але для повного використання цих характеристик необхідно отримати відповідні економічні вагові коефіцієнти [37, 38]. Для досягнення ширшого погляду на монетарний результат на рівні господарства слід розглянути та включити вплив на рівень сектора. Подальші невирішені проблеми - це взаємозалежність і причинно-наслідковий зв'язок між

ознаками. Наприклад, з одного боку, високий надій у корів може підвищити сприйнятливість до певних захворювань, а з іншого боку, захворюваність може негативно вплинути на продуктивність [39]. Використання моделей структурних рівнянь може бути надзвичайно корисним у цьому контексті [40].

Геномний відбір забезпечує ефективний відбір ознак, які важко виміряти, що раніше було обмеженням. Окрім збільшення швидкості генетичного прогресу щодо виробництва та якості, що дозволяє швидше реагувати на зміни умов виробництва, величезна перевага цієї методології полягає у покращенні дорогих для вимірювання ознак (наприклад, викид метану) шляхом перенесення геномних знання від оцінок у відносно невеликих референтних групах до рівня популяції.

Таким чином, сучасні програми розведення молочних корів спрямовані на досягнення оптимальної ефективності виробництва за кількох обмежень, таких як найкращі стандарти здоров'я та добробуту тварин разом із мінімальним впливом на навколишнє середовище. В епоху феноміки як дослідження, так і практичні розробки зосереджені на нових фенотипах для цілей розведення тварин, які стикаються з цими новими проблемами. Слід зазначити, що все ще існують великі прогалини в розумінні біологічного фону та генетичної архітектури нових ознак. Особливо для погано визначених фенотипів, які важко або дорого виміряти, зв'язок між геномом і феноменом далекий від розуміння. Тому необхідна міцна міждисциплінарна співпраця як у розробці відповідних вимірювальних технологій, операційних протоколів та методів оцінки, так і для аналізу взаємодій між відповідними (можливо, небажано корельованими) ознаками. Деякі з ознак, які зараз вивчаються, можуть виявитися непридатними для розведення, але все ще можуть бути корисними для цілей управління. Зі збільшенням кількості та складності цільових ознак розведення розробка збалансованих цілей розведення стала складнішою, ніж у минулому. Однак проблеми та цільові

напрямки подібні в різних країнах, і, таким чином, об'єднання даних (наприклад, для створення достатньо великих референтних популяцій для геномного відбору) все ще дозволяє швидко прогресувати.

Щоб збалансувати генетичний прогрес за всіма ознаками, що цікавлять, необхідно розширити цілі розведення та надати належну вагу ознакам у індексі відбору.

1.2. Історичні аспекти генетичних ресурсів великої рогатої худоби.

Дикі предки та місця одомашнення. Декілька видів великої рогатої худоби були одомашнені в процесі розвитку людства [41], але більшу частину з них складають домашній бик (*Bos taurus*) і зебу (*Bos indicus*). Обидва види походять від диких зубрів (*Bos primigenius*), який наприкінці останнього льодовикового періоду (12 000 років назад) був розповсюджений у більшій частині Азії, Європи, Північної Африки та колись зеленої Сахари. Цей вид тварин вважається вимерлим з 1627 року, коли в Польщі загинула остання тварина. Існує декілька сучасних зображень зубра, але скелетні рештки дозволяють реконструювати його морфологію. Підвиди *Bos primigenius primigenius* у Південно-Західній Азії та *Bos primigenius namadicus* в Індії були предками домашнього бика та зебу, відповідно.

Останні молекулярні оцінки одомашнення цих підвидів зубрів, а отже, домашнього бика та зебу становлять вказують на те, що ці тварини були одомашнені окремо [42-44]. На відміну від широкого поширення зубрів, ці одомашнення мали місце у певних районах, що відображає складність постійного управління та розведення цих великих диких тварин [45].

Археологічні дані свідчать про те, що домашнього бика одомашнено 10 300–10 800 років тому в регіоні Родючий півмісяць, найімовірніше, на західному турецько-сирійському кордоні [47, 48]. Розмір, форма або

співвідношення статі дозволяють диференціювати викопні рештки від дикої та домашньої худоби [49].

Крім того, ізотопний аналіз органічного матеріалу виявив сліди молока в розкопаній кераміці, що свідчить про зберігання молочних продуктів вже 9000 тому назад. [50]. Байєсівський аналіз 15 послідовностей мтДНК іранської великої рогатої худоби від неоліту до залізного віку дав оцінку близько 80 самок зубрів, які є предками по материнській лінії майже всієї сучасної великої рогатої худоби [46]. Сучасні популяції худоби в Південно-Західній Азії все ще мають високу різноманітність гаплотипів із помітною частотою гаплогруп Т, Т1, Т2 і Т3 [51,52].

Приблизно через 2000 років після одомашнення домашнього бика був одомашнений зебу в долині Інду на краю Індійської пустелі [34]. Викопні останки, які приписують зебу, були знайдені в Мехргархе, пам'ятнику протоіндської культури в Белуджистані на південному заході Пакистану, і їх вік приблизно 8000 років [53].

Одомашнена худоба прибула до Китаю близько 5000 років тому. Однак, щелепа великої рогатої худоби, датована 10,5 тис. років, нещодавно була знайдена в Північно-Східному Китаї містить мтДНК домашнього бика з досі невідомої гаплогрупи мтДНК, що свідчить про незалежне та раннє одомашнення [59]. Це одомашнення було невдалим, оскільки немає жодних свідчень про домашню худобу в період між 10,5 та 5,0 тис. років тому.

Палеонтологічні залишки, знайдені в західній єгипетській пустелі, датовані 9,0 тис. роками, свідчать про незалежний африканський центр одомашнення, але щодо походження кісток ідуть суперечки [54,56,57]. Спочатку африканське одомашнення здавалося у відповідності з переважанням гаплогрупи Т1 в Африці [60]. Проте повні послідовності мтДНК показали, що ця гаплогрупа тісно пов'язана із загальними гаплотипами Південно-Західної Азії [61].

Таким чином, більшість різноманіття домашньої великої рогатої худоби була отримана від двох видів, *Bos taurus* і *Bos indicus*. Однак окремі одомашнення споріднених видів великої рогатої худоби відбулися в Азії [42,43]. У Тибеті та прилеглих регіонах відбулось одомашнення Яків (*Bos grunniens*) для роботи у гірській місцевості [62] приблизно 4500 років тому.

Місця проживання гаялів або мітхунів (*Bos frontalis*) в Ассамі та М'янмі та домашньої худоби бантенг або балі (*Bos javanicus* одомашнений приблизно 5000 років тому) перетинаються з ареалом одомашнення зебу [63]. Оскільки всі три види схрещувались з *Bos taurus* і зебу, кілька азіатських популяцій великої рогатої худоби мають змішане походження і є унікальним внеском у розвиток генетичних ресурсів великої рогатої худоби.

Розширення перших сільськогосподарських товариств згодом сприяло появі великої рогатої худоби в більшій частині Азії, Африки та Європи і замінило товариства мисливців-збирачів осілим скотарством. Проте, якщо під час зимівлі наявне пасовище не могло прогодувати стадо, це призвело до впровадження сезонного перегону [63].

Сезонні міграції все ще поширені в Альпійській Європі, а також у деяких частинах Африки та Азії. Можливо, воно передувало кочовому скотарству, яке донедавна було поширене в Центральній Африці [63].

Розповсюдження одомашнених тварин. Як це характерно для успішних інновацій, землеробство та тваринництво поширилися на інші групи населення, швидше за все, шляхом розширення перших сільськогосподарських товариств [64]. Демографічні події, які призвели до сучасного поширення домашньої худоби в Азії, Європі та Африці, можна реконструювати на основі археологічних даних у поєднанні з порівнянням мтДНК, аутосомної ДНК та Y-хромосомна ДНК [65, 66]. Експансія сільськогосподарських товариств на захід принесла одомашнену худобу разом з іншими видами тварин та сільськогосподарськими культурами до Центральної Анатолії близько 10 000 літ тому.

Міграція на схід досягла Північного Китаю або Монголії приблизно 5,0 – 4,0 тис. років тому [63]. Це підтверджується аналізом мтДНК останків великої рогатої худоби з п'яти археологічних місць у Північному Китаї, віком від 4500 до 2300 років, демонструючи гаплотипи мтДНК з гаплогруп T2, T3 і T4, як це спостерігається у сучасної східноазійської домашній великій рогатій худобі, включаючи північно-сибірську якутську худобу [67]. T4 гаплогрупа є підтипом загальної гаплогрупи T3 виключно для Східної Азії [38] і, швидше за все, виникла внаслідок експансії на схід [52]. Наявність великої рогатої жеосновним зв'язком Європи та Китаю і запропонований як шлях міграції великої рогатої худоби до Східної Азії [68].

Палеонтологічні знахідки, а також живописні та скульптурні зображення виявили наявність ранньої домашньої худоби в Африці [54,55,63, 69]. Останки великої рогатої худоби, датовані 7,0 – 3,5 тис. роками, були знайдені в Єгипті, Лівії та Сахарі. Близько 7000 років до нашої ери скотарі-молочники досягли тодішньої зеленої Сахари [70] і залишили малюнки на скелях, що зображують довгорогу велику рогату худобу, яка, ймовірно, була предками нинішньої західноафриканської худоби. Близько 4000 років до нашої ери кліматичні зміни, що призвели до опустелювання Сахари, змусили скотарів залишити їх. Залишки коротко- та довгорогої великої рогатої худоби на кількох місцях у Північно-Східній Африці датовані 5,6 – 3,0 тис. роками [63,69]. Близько 2500 років тому скотарство поширилося на південь [63]. Ймовірно, що *Bos taurus* також поширився з Єгипту на захід уздовж північноафриканського узбережжя Середземного моря, а потім уздовж західноафриканського узбережжя Атлантичного океану.

На вплив материнських якостей *Bos taurus* під час колонізації Африки вказує переважання гаплотипу T1. Частота T1 прибіл. 15% в Іспанії та Португалії [60] і близько 11% на Сицилії [71] вказує на імміграцію африканської худоби в Європу через морські протоки, що підтверджується

профілями SNP [46]. Це могло статися ще в бронзовому столітті або пізніше під час мусульманського нашествя [72].

Месопотамське походження материнської лінії не виключає африканське походження Y-хромосомних гаплотипів Y2 внаслідок інтрогресії самців африканських зубрів [57,65,66,73]. Це пояснюють розбіжні генотипи 50K SNP африканських гаплотипів [68] і припускають, що африканські зубри є додатковим джерелом різноманітності великої рогатої худоби.

Найдавнішими ознаками одомашненої великої рогатої худоби в Європі є кістки, знайдені в догончарному неоліті в Аргіссі-Магулі, у Фессалії, Греція, датовані 8,5 тис. роками. Залишки найдавніших європейських господарств пропонують два шляхи міграції: через узбережжя Середземного моря та вздовж річки Дунай. В першу чергу землеробство було запроваджено на Корсиці, Лангедоку, південно-західній Франції та на східному узбережжі Іспанії близько від 7,9 -7,7 тис. років тому [75–88]. Приблизно 7,5 тис. років тому домашня худоба досягла Центральної Європи Дунайським шляхом і Північної Європи через 1,0 тис. років [77,79]. Міграція з Південно-Західної Азії до Північно-Західної Європи призвела до явного зниження аутосомного різноманіття.

Ізотопний аналіз слідів молочних жирів великої рогатої худоби в керамічних рештках вказує на доїння великої рогатої худоби європейськими фермерами 7500 років тому у південно-східній [49] та північній [80] Європі та 6000 років тому у Великобританії [81]. Це підтверджується співвідношенням $^{15}\text{N}/^{14}\text{N}$ в зубах телят від стародавніх французьких корів, як доказ раннього відлучення [82]. Однак доїння великої рогатої худоби могло бути обмежене центральною і північною Європою. Це припущення було зроблено внаслідок виявлення низької частоти алелю толерантності до лактози у людей середземноморського регіону [83,84] та відсутність традицій молочного скотарства на Італійському півострові за часів Римської імперії.

Про небагаточисленне залучення корів із популяцій європейських зубрів свідчать низькі частоти гаплотипів мтДНК Р, Q та R у європейської домашньої худоби [51,85].

У європейської великої рогатої худоби на захід і північ від Балкан домінує гаплогрупа Т3, що, ймовірно, вказує на ефект родоначальника під час дунайської міграції [51,52]. Чіткий розподіл з півночі на південь двох переважаючих Y-хромосомних гаплотипів Y1 і Y2 пов'язують з ефектами родоначальника, що супроводжують розвиток молочного скотарства в північній частині континенту та в Альпійському регіоні відповідно [66].

Очікуючи геномну інформацію про європейських зубрів, поки що не зрозуміло, чи внесли дикі бики внесок у різноманітність великої рогатої худоби шляхом інтрогресії у домашній популяції, як це було припущено для угорсько сії сірої худоби.

Розповсюдження худоби породи зебу. Зебувидна худоба становить 800 мільйонів голів, приблизно стільки ж, скільки *Bos taurus* [86]. Однак їх поширення залишилося обмеженим регіонами з кліматом, подібним до клімату попереднього одомашнення в долині Інду. Розповсюдження, можливо, почалося близько 4500 років тому, коли арійські загарбники з Центральної Азії спустилися в долину Інду через північні перевали. Корінні мешканці регіону тоді разом зі своєю худобою рушили на схід в долину Гангу. Близько 3500 років тому велику рогату худобу було завезено в Біхар та Бенгалію [63]. Теракотові фігурки та фрагментовані кістки великої рогатої худоби зебу [53] були розкопані з неолітичних поселень у трьох місцях у Карнатаці на плато Декан у Центральній Індії.

Тварини, породи зебу, потрапили у Китай з півдня або південного заходу приблизно 3000 р.т. [63]. Змішування з *Bos taurus* з півночі створило генетичний градієнт мтДНК зебу-*Bos taurus* [71, 87] та Y-хромосомна ДНК [88]. У Південному Китаї відбулось схрещування з іншими породами

(бантенг, гаур або гаял), який можливо був домінуючим видом великої рогатої худоби до 4500 р. [63,68].

На сході зебу досяг Індонезії щонайменше 1000 років тому. Аналіз ДНК показав спорадичне, значне або навіть повне походження індонезійських порід від зебу по материнській лінії, що за припущеннями, доводить що зебу були схрещені зі стадами раніше одомашнених бантенгів (*Bos javanicus*) [89].

Міграція зебу також відбулася в західному напрямку. Свідченням присутності зебу в Месопотамії є фігурки горбатих биків, розкопаних у Північному Іраку і датованих 6500 роками до теперішнього часу [63]. На численних ділянках по обидва боки Перської затоки бики зебу були зображені з високими шийно-грудними (шийно-плечовими) горбами з датами від 5000 до 3000 років тому. Перехід до більш посушливого клімату в Месопотамії стимулювали імміграцію зебу. В даний час найбільш північно-західним справжнім горбатим зебу є кавказький зебу в Азербайджані. Помітна інтрогресія зебу по материнській, батьківській та аутосомним ознакам спостерігається у нинішньої худоби з Іраку та Анатолії [68,90]. Низький рівень інтрогресії зебу в Європі свідчить про наявність алелей зебу у південноєвропейської великої рогатої худоби [46,57].

Дослідження ДНК показують, що зебу вперше були завезені в Східну Африку приблизно 4000 років тому [63,91]. Єгипетські фотографії з 3400 р. н.е. показують горбату худобу типу зебу знайдені в Єгипті та Сомалі датуються бл. 3500 н.е. і 3500–2500 н.е. відповідно [92]. Аравійські торговці, ймовірно, стимулювали імпорт індо-пакистанського зебу через Перську затоку та Південну Аравію в північну Африку. Були ввезені лише бики зебу, оскільки дані мтДНК показали, що всі африканські зебу і породи великої рогатої худоби по материнству мають походження від *Bos Taurus* [60].

Короткорога та дрібна худоба в бронзовому та залізному епоху.
Довгі роги служать дикій великій рогатій худобі, відлякуючи хижаків і

конкурентів, але в домашніх умовах заважають поводженню з тваринами та утримання стада. Короткорога тауринова худоби з'явилися в Месопотамії в епоху ранньої бронзи (5100–2580 рр. до н. е.). Кілька настінних розписів в Єгипті свідчать про поступову заміну довгородих тварин, починаючи з 5000 р.т.. Коротка рогата худоба також поширилася в Південну та Центральну Європу (5000–4500 р.н.) і прибула до Великобританії між 4000–3000 р.н. [93].

У пізньому бронзовому столітті короткорога худоба стала панівною в Центральній і Північній Європі [93], хоча багато середземноморської, а також угорської худоби залишалися довгородими. Це відповідає уявленню про те, що протягом бронзового віку в північно-західній Європі стало звичним стійлову утримання худоби взимку. Наступним, але менш універсальним пристосуванням до північноєвропейського домашнього середовища стало розведення безрогої великої рогатої худоби, перші залишки якої датуються 6000 років до теперішнього часу.

Розмір великої рогатої худоби безперервно зменшувався з бронзового віку, імовірно, внаслідок подальшої адаптації до одомашнення та дефіциту їжі в холодні зимові періоди. У той час як бики тури мали висоту холки 180 см, а корови 160 см, худоба бронзового та залізного віку у Франції, Нідерландах, Німеччині, Італії та Центральній Європі зазвичай досягала 110 см [94], що погоджується з сучасними описами фризської та батавської худоби в римську епоху.

Велика грецька та римська худоба. З розвитком грамотності під час грецької та римської цивілізації з'явилися перші детальні звіти про скотарство. У Греції в елліністичний період (бл. 330–63 до н. е.) худобу використовували як тяглову силу, жертвоприношення, виробництва яловичини, а також доїння. За словами Аристотеля, багаті пасовища Епіру славилися великим поголів'ям худоби, яка давала 30 л молока на добу. Скелетні залишки в Кассопі в Епірі виявили розвиток великої рогатої худоби в 7-8 століттях до нашої ери з висотою холки від 115 до 135 см [95]. Ця

епіротська худоба експортувалася до кількох регіонів Італії та південної Франції. В Італії ця худоба, ймовірно, була предками великої римської худоби. У 200 р. до н.е. у сицилійській худобі були описані три різні кольори шерсті (білий, чорний і жовтий) і плямистий малюнок.

Велика рогата худоба також процвітала за часів Римської імперії, як детально описували Катон, Варрон, Колумелла та Пліній [96]. Вона використовувалась як тяглова сила в сільському господарстві, для перевезення важких вантажів. Римську худобу не доїли [83], але Колумелла і Пліній високо оцінили молочні якості альпійських корів [83,96]. Першими стали римські письменники, які описали різноманіття регіональної худоби різних розмірів, забарвлень та продуктивності [96]. В Етрурії була знайдена рештки великої римської худоби від 120 см до 135–140 см з характерними великими рогами [94,95]. Від грецької та римської епохи також збереглися багато натуралістичних скульптур цих тварин.

Палеонтологічні дослідження вказують на те, що велика рогата худоба в різних частинах Римської імперії сильно відрізнялася за розміром, наприклад, у Британії [97] та південній Німеччині [74]. Німецька худоба становила висотою 95–125 см; у римських провінціях 100–150 см. Обстеження 20 об'єктів показало, що корови часів Імперії мали середню висоту в холці 130 см, а бики – 138–144 см [95]. Інфраструктура Римської імперії, ймовірно, сприяли експорту великої італійської худоби до віддалених провінцій, де ця худоба жила в тих самих районах, що й дрібна корінна худоба [94]. Цікавим є факт, що велика рогата худоба зникла незабаром після падіння Римської імперії, що свідчить про те, що менші тварини краще пристосувалися до системи ведення господарства, яка регресувала до більш примітивних методів.

Середньовічна худоба і стихійні лиха та катастрофи. Після розпаду Римської імперії настали періоди заворушень і масштабної міграції кількох германських та східноєвропейських народів та їхньої худоби протягом

п'ятого та шостого століття нашої ери. Це започаткувало значний культурний регрес, невикористання технологій та занепад римської інфраструктури. Міграції, ймовірно, призвели до значного змішування популяцій великої рогатої худоби з різних європейських регіонів. Протягом усього середньовіччя набіги, війни, голод, епідемія худоби [98] та потопи знищували місцеву худобу. Поповнення стад шляхом завезення тварин із сусідніх регіонів, ймовірно, викликали інтенсивний притік генів.

У період раннього середньовіччя на більшості території Європи домінувала рогата худоба з висотою холки 95–105 см [74]. Стійки для великої рогатої худоби в середньовічних голландських фермерських будинках були лише від 75 до 84 см в ширину, що на 40 см менше, ніж у бронзовому віці. Це пояснюється негативним наслідком поганого харчування або кастрації найбільших і сильних молодих самців [97], але малий розмір тіла, ймовірно, також був генетичною адаптацією до натурального господарства, характерного для нерозвинених країн. Крім того, великі тварини, швидше за все, відбиралися для забою перед зимівлею [99], оскільки вони були більш вразливими до нестачі корму. Роль генетичних факторів ілюструється невеликим розміром сучасної великої рогатої худоби з чотирьох різних континентів, які спільно пристосовані до маргінальних сільських територій: іллірійська карликова худоба в Албанії [100], тибетська худоба в Гімалаях, західноафриканські шортхорни та декілька оригінальних американських популяцій Кріольської худоби.

Нечисленна документація свідчить про значну кольорову різноманітність середньовічної худоби. У дохристиянських ірландських епосах згадується біла худоба з кольоровими вухами [101]. Середньовічні картини та ілюстрації худоби припускають, що велика рогата худоба демонструє переважно одноколірних коричневих або чорних тварин. Початок використання важкого плуга дозволило обробляти важкі глинисті ґрунти і, ймовірно, поклало початок сільськогосподарській революції

близько 1000–1300 рр. тому. Після введення кінського нашийника близько 1000 років тому коні все більше використовувалися для оранки, що залежало від регіону та ресурсів селянина. Незважаючи на те, що велика рогата худоба залишалися основним джерелом тягової сили, кількість його зменшилася завдяки зростанню посівів зернових культур.

Сільськогосподарська революція дозволила збільшити людське населення. Однак у 14 столітті розвиток сільського господарства Європи зазнав двох серйозних невдач. По-перше, низка неврожаїв спричинила Великий голод (1315–1317 рр.), що спричинило мільйони смертей і скоротило населення Північної Європи на 10-25%. За цим послідувала епідемія чорної смерті (1349–1351 рр.), від якої, як вважають, загинула третина населення. У ряді регіонів землеробство було майже занедбано, а скотарство стало екстенсивним [102].

Відновлення худоби. Після катастрофічного 14-го століття населення, а також популяція худоба швидко відновилися. Це супроводжувалось чудовим культурним і технологічним розвитком епохи Відродження, що сприяло ранньому винаходу друкарського верстату та зростаюча урбанізація. Панське господарство, яке характеризувало північно-західноєвропейське феодальне суспільство, ставало все більше і більш популярним [97]. Огородження пасовищ і вирощування кормів для тварин стали звичайними, а методи зберігання були вдосконалені, що дозволило виживати більшій кількості рогатої худоби протягом зими та вибирати плідників для підвищення продуктивності. Оскільки це було зроблено місцевими виробників, це сприяло диференціації великої рогатої худоби.

Тварини збільшилися в розмірах, у Південно-Східній Англії з'явилася навіть довгорога худоба [97]. Однак місцеві ферми не могли задовольнити попит на яловичину в містах, що зростали, стали залежати від транспортування копитної худоби з регіонів, де їх можна було вирощувати у великій кількості екстенсивним способом: північно-західні прибережні

райони, Альпійські райони і степи Східної Європа. З пізнього середньовіччя так звані «погоничи» переганяли валлійську м'ясну худобу до Лондона. Данська худоба величезними стадами йшла на відгодівлю до Нідерландів. У 1450 експорт голландських молочних продуктів і відгодованої худоби мав вже велике значення [103].

У швейцарських Альпах розводили худоба потрійного призначення, яку з 15 століття у великій кількості експортували в навколишні країни. З XIV століття на пустках Карпатського регіону з'явилася сіра довгорога рогата худоба так званого подільського типу, яка протягом XIV-XV століть замінила місцеву дрібну рогату худобу [102,104]. З кінця 14-го до початку 18-го століття угорську сіру худобу, головним чином подільського типу, відганяли на забій до Австрії, Південної Німеччини та Венеції [102, 105], а потім на південь аж до Неаполя [106]. Імпорт до Італії з Угорщини та з Боснії та Хорватії через далматинський порт Задар продовжувався протягом 18 століття.

Подільська велика рогата худоба названа на честь регіону на півдні України, де в середньовіччі утримували породу, але її походження невідоме. Оскільки залишків довгорогої степової великої рогатої худоби, датованої до 12 ст., не знайдено, передбачається, що довгорогая худоба стала результатом пізньосередньовічного місцевого селекційного розведення, але вплив диких зубрів виключено [102,104]. Цілком імовірно, що задокументований масштабний імпорт в Італію волів, а також плідних тварин пояснює явну схожість з італійськими подільськими породами (одну з яких навіть назвали подолицей). MtDNA показала, що італійська та балканська велика рогата худоба відрізняються за розподілом гаплогруп [51, 52], що вказує на те, що материнські лінії все ще мають місцеве походження і що потік подільських генів в Італію був опосередкований самцями.

За іншою версією [74,107] подільська худоба походить від великої рогатої худоби, яка мешкала на Італійському півострові в римську епоху, і, ймовірно, походить від епіротської худоби [94].

Порода К'яніна, яка відрізняється від інших подільської рогатої худоби своїми маленькими рогами, можливо, зберегла ознаки більш ранньої італійської худоби. За винятком схрещування в 20 столітті батьків-плідників Мареммана з великою рогатою худобою угорської сірої [104], задокументованого потоку генів з Італії на схід немає. У той час як всюди в Західній Європі велика рогата худоба все ще утримувалася як частина змішаної системи землеробства, в основному з метою тяглової тяги та молочного виробництва, в Іспанії відбувався зовсім інший розвиток. Реконкіста мавританської території в Кастилії та Андалусії (900–1492) привела до розвитку процвітаючого та високоорганізованого скотарства, де велике стадо з 1000–15000 робочої та м'ясної худоби утримувалося під широким управлінням [108]. Самостійний розвиток великої рогатої худоби в окремих регіонах стимулював подальшу географічну диференціацію їх зовнішнього вигляду та продуктивності.

Доіндустріальний прогрес. У середині 16 століття ціни на молочні продукти різко зросли. Корови в Північних Нідерландах прославилися своїм молоком. У той час як в інших частинах Європи річний надій на корову становив не більше 800 л, голландська худоба вже мала 2000 л [109]. Голландських корів експортували до Англії, Франції та Німеччини.

В останній чверті 16 століття вийшла низка книг з сільського господарства, які були видані у Франції та перекладені англійською, німецькою, італійською та голландською мовами. Ці книги містили матеріал з «Георгіки» Вергілія та описували передбачувані відносини між кольором і продуктивністю: хороша дійна корова — чорна з дрібними білими цятками або чорна рогата, а краща худоба темно-рудого та чорного кольору. У 1627 і ще в 1782 році червоний був найбажанішим кольором.

Для розведення рекомендували червоного бика з плямами або без них. У публікації 1789 р. описано 22 види великої рогатої худоби у Франції, названі на честь регіону їх походження [110].

В Англії в 1614 році чорних довгорогих було знайдено в Йоркширі, Дербіширі, Ланкаширі, Стаффордширі та молочних регіонах Чеширу. У Лінкольнширі утримували високу, худу і строкату худобу з сильними копитами і маленькими кривими рогами, які, як вважають, голландського походження. На відміну від довгорогих, вони не були схильні до збільшення ваги. Сомерсет, Глостершир і деякі частини Уїлтширу були відзначені криваво-червоною худобою [111].

По всій Європі тривали міграції великої рогатої худоби [103]. М'ясну худобу, вирощену на шотландських пасовищах, переганяли до Лондона та інших міст з початку 17-го до початку 19-го століття. Перевага погонів безрогим тваринам привела до появи породи Галлоуей [97]. У Центральну Європу експорт угорської сірої худоби до Відня, Нюрнберга, Страсбурга і Венеції становив десятки тисяч голів великої рогатої худоби на рік у 15-16 століттях, а після 1700 року навіть 100 000 тварин [104]. Приблизно в той же час українська худоба рушила через Краків на захід [112]. Угорський експорт зменшився, коли віденський двір запровадив монополію в 1622 році, а також серйозно постраждав від війн з Туреччиною в 17 столітті. Експорт до Венеції австрійськими і османськими торговцями продовжувався протягом 18 століття [106].

Згодом західноєвропейське скотарство покращилося і задовольнило попит міського населення на яловичину. Зростання скотарства мало і зворотний бік, коли більша щільність тварин викликала спалахи чуми великої рогатої худоби, яка була занесена угорським степовим скотарством і в 18 столітті переслідувала континентальну Європу [113].

Таким чином, типи великої рогатої худоби, які існували в Європі 18-го століття, були регіонально адаптовані з чіткими відмінностями у

зовнішньому вигляді та продуктивності між регіонами, але, швидше за все, також у стадах. Спаровування все ще було більш-менш випадковим, найдоступнішими були потомки з сусідніх тварин. До 1760 р. переважав природний відбір та пристосування місцевих сортів до місцевих обставин, а не відбір за корисністю чи певною ознакою [114]. Проте була підготовлена база для безпрецедентного і контрольованого людиною прискорення еволюції та диверсифікації великої рогатої худоби.

РОЗДІЛ 2

МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

2.1. Мета та методика досліджень

Метою нашої роботи було вивчення показників продуктивності родин стада великої рогатої худоби в умовах ТОВ «ВІТЧИЗНА».

В якості матеріалу для досліджень використовували звітні показники господарства за останні роки, дані племінного обліку.

Об'єкт дослідження – стадо молочних корів господарства.

В завдання досліджень входило:

- вивчення загальну характеристику господарства;
- проведення вивчення характеристика стада господарства;
- аналіз генеалогічної структура стада;
- аналіз економічна ефективності виробництва молока.

2.2. Методика досліджень

Дослідження проводились згідно схеми наведеної на рисунку 2.1.

На вищенаведеній схемі приведені етапи, які були втілені для проведення експериментальних досліджень. Підготовча робота здійснювалась при роботі з літературними джерелами для визначення тематики досліджень.

Дослідження по вивченню стану виробництва молока та розвитку тваринництва проводили на основі аналізу літературних джерел за останні роки.

При аналіз продуктивності корів та економічної ефективності були використані звітна документація, яка постійно використовується на фермі.



Рис. 2.1. Схема проведення експериментальних досліджень.

РОЗДІЛ 3

РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ

3.1. Загальні відомості про господарство

СТОВ «Вітчизна» розміщене у с.Максимівка Карлівського району Полтавської області. Загальна земельна площа господарства складає 2875 га. Підприємство займається вирощуванням зернових культур та розведенням великої рогатої худоби української чорно-рябої породи.

На кінець 2020 року у господарстві утримувалось 360 голів великої рогатої худоби української чорно-рябої породи, у тому числі 142 корови дійного стада (табл.3.1).

Таблиця 3.1

Структура племінного стада великої рогатої худоби

Статевовікові групи тварин	Роки							
	2017		2018		2019		2020	
	гол.	%	гол.	%	гол.	%	гол.	%
Всього	267	100	319	100	349	100	360	100
Корови	120	45	120	38	120	34	142	39
Нетелі	20	8	93	29	59	17	107	30
Телиці до року	68	25	72	23	100	29	50	14
Телиці старше року	59	22	34	10	70	20	61	17

Загалом в структурі стада 39% займають корови, 30 % нетелі та 31% припадає на телиць. За останній рік на кожну корову було отримано 5533 кг молока, у тому числі по першій лактації 4858 кг, по другій – 5931 кг і по третій і старше лактаціям – 5526 кг. Вміст жиру у молоці становить 3,86% в цілому по стаду.

Валове виробництво молока за останні роки значно зросло. В цілому, як показує аналіз, молочне скотарство в господарстві має досить високий

потенціал підвищення темпів виробництва молочної продукції чому в значній мірі буде також сприяти намічене збільшення поголів'я дійного стада. При цьому на кожні 100 корів передбачається отримувати не менше 92-95 живих телят, середньодобові прирости яких, за весь період вирощування, повинні становити не менше 600-650 грамів.

3.2. Характеристика стада господарства

Згідно з проведеною атестацією племінного стаду господарства все маточне поголів'я господарства віднесено до української чорно-рябої молочної породи. Але проведений нами аналіз свідчить, що стадо має досить складну генотипову структуру, яка склалася в процесі довготривалого застосування різних методів розведення худоби.

На даний час переважна більшість корів стада (67,1%) представлені тваринами з кровністю понад 75% за ГФ породою, 24 % - тваринами з кровністю 50% за ГФ і лише 8,6% мають долю кровності за ГФ 25% (табл. 6).

Таблиця 3.2

Умовна кровність молочного стада за голштинською породою

Умовна кровність за голштино-фризькою породою, %	1 лактація		2 лактація		3 лактація і старше		Всього	
	гол.	%	гол.	%	гол.	%	гол.	%
25	-	-	-	-	13	8,9	13	8,6
50	18	12,4	4	2,7	13	8,9	35	24,0
75	41	28,1	25	17,1	32	21,9	98	67,1
Всього	59	40,5	29	19,8	58	39,7	146	100,0

Що стосується класності тварин, то за даними комплексної оцінки у 2020 році до класу еліта-рекорд було віднесено 35,8 % і класу еліта 43,3% корів дійного стада та телиць, а 20,9 % оцінені першим класом (табл. 6).

Таблиця 3.3

Класний склад стада господарства

Групи тварин	Пробонітовано, гол.	Розподілено за класами					
		еліта рекорд		еліта		І клас	
		гол.	%	гол.	%	гол.	%
Корови	142	76	21,1	63	17,5	3	0,9
Телиці у віці 6-12 міс.	50	18	5,0	20	5,5	12	3,3
Телиці у віці 13-18 міс.	61	13	3,6	28	7,8	20	5,6
Телиці у віці старше 18 міс.	107	22	6,1	45	12,5	40	11,1
Всього	360	129	35,8	156	43,3	75	20,9

Дані про класність маточного поголів'я свідчать про те, що господарству слід цілеспрямовано займатися удосконаленням худоби з метою систематичного поліпшення якісних показників стада.

В плані селекційно-племінної роботи зі стадом чорно-рябої худоби ставиться завдання і розроблені заходи по підвищенню класності стада корів і всього маточного поголів'я, його продуктивних якостей.

За віковою структурою молочне стадо господарства практично рівномірно поділене на всі вікові групи. Так, частка корів до третього отелення становить 45%, а більш старшого віку - 55%.

Середній вік при першому отеленні становить 26,5 місяців, тривалість виробничого використання корів основного стада – від 2,9 до 3,8 отелень, корів селекційного ядра – від 2,7 до 4,4 отелень.

Частка корів з 1-3 отеленням становить від 69,2% (2018 р.) до 74% (2020 р.). Найбільшу кількість первісток за проаналізований період було введено в стадо у 2018 році – 31 голову.

Проведений аналіз свідчить, що введення продуктивних первісток у стадо недостатнє, що не сприяє інтенсифікації якісного поліпшення стада. В подальшому господарству необхідно максимально збільшити введення перевірених за продуктивними і технологічними якостями корів-первісток.

Таблиця 3.4

Розподіл корів за числом отелень

Показник	Усього, голів	З них по отеленнях						Середній вік		Уведено первісток у стадо
		1	2	3	4-5	6-9	10 і ст.	у отеленнях	при 1-му отеленні, міс.	
2017 рік										
Загальна кількість, гол.	120	20	33	30	34	3	-	2,9	26	3
Питома вага, %	100,0	16,7	27,5	25,0	28,3	2,5	-	-	-	-
Селекційне ядро, гол.	40	1	17	13	8	1	-	2,9	26	
2018рік										
Загальна кількість, гол.	120	31	26	24	34	5	-	2,9	27	31
Питома вага, %	100,0	25,8	21,7	20,0	28,3	4,2	-	-	-	-
Селекційне ядро, гол.	58	13	16	16	11	2	-	2,7	27	
2019 рік										
Загальна кількість, гол.	120	25	38	21	26	10	-	3,0	26	25
Питома вага, %	100,0	20,8	31,7	17,5	21,7	8,3	-	-	-	-
Селекційне ядро, гол.	44	8	10	11	13	2	-	3,1	26	-
2020 рік										
Загальна кількість, гол.	142	22	42	41	26	11	-	3,8	26	22
Питома вага, %	100,0	15,5	29,6	28,9	18,3	7,7	-	-	-	-
Селекційне ядро, гол.	89	-	12	26	31	20	-	4,4	26	-

Про зміну молочної продуктивності корів стада за останні чотири роки свідчать дані таблиці 3.5. Найбільший надій по першій лактації був у корів-первісток у 2017 році (5279 кг), на 302 кг менше (4977 кг) – у 2018 році. Далі, у 2019 році, відмічаємо ще спад 151 кг молока, до 4826 кг.

Найбільш високі надої за останній рік отримані від корів за другу лактацію (5931 кг), при надоях повновікових корів 5533 кг і корів-первісток - 4858 кг. Жива маса корів в середньому по стаду за даними останнього бонітування становить 552 кг.

Слід відмітити поступове збільшення вмісту жиру в молоці (з 3,71% у 2017 році до 3,86% у 2020 році), але значне зниження його білковості (з 3,20 до 3,06%).

Таблиця 3.5

Динаміка молочної продуктивності і жива маса корів за закінчену лактацію

Роки	Голів	Надій, кг	Вміст та кількість				Жива маса, кг
			молочного жиру		молочного білка		
			%	кг	%	кг	
Перша лактація							
2017	1	5279	3,75	198,0	3,20	168,9	491
2018	39	4977	3,77	188,0	3,15	157,0	491
2019	35	4826	3,80	183,0	3,09	149,0	491
2012	42	4858	3,86	188,0	3,05	148,0	495
Друга лактація							
2017	33	4030	3,72	149,9	3,20	129,0	548
2018	23	5814	3,80	221,0	3,16	184,0	551
2019	24	5476	3,89	213,0	3,09	169,0	552
2012	41	5931	3,85	228,0	3,06	181,0	554
Третя лактація і старше							
2017	67	4305	3,70	153,3	3,20	137,8	588
2018	40	5830	3,81	222,0	3,17	185,0	590
2019	39	5639	3,89	219,0	3,10	175,0	590
2012	37	5526	3,87	214,0	3,06	169,0	590
В середньому по стаду							
2017	101	4225	3,71	156,7	3,20	135,2	574
2018	102	5500	3,79	209,0	3,16	174,0	543
2019	98	5309	3,86	205,0	3,09	164,0	545
2012	120	5533	3,86	214,0	3,06	169,	552

Згідно даних, наведених у таблиці 3.6, щодо розподілу корів за рівнем продуктивності, 66,6% корів (80 голів) мають продуктивність в межах 4000-6000 кг за лактацію, 19,2% (23 голови) - 6001-7000 кг, а 6,7 % (8 голів) дійних корів дають за лактацію від 7000 і вище кг молока. Відсоток корів з продуктивністю нижче 4000 кг складає лише 7,5%.

Перелік корів-рекордисток стада наведено у таблиці 3.7. У 2020 році найвищий надій зафіксовано у корови БаришніUA5300334086 за II лактацію – 8886 кг молока при рівні вмісту жиру 3,76%. Загальний перелік включає 13 корів-рекордисток з рівнем молочної продуктивності від 6849 до 8886 кг молока.

Таблиця 3.6

Розподіл корів за надоєм і вмістом жиру в молоці (за 305 днів)

Надій, кг	Гол.	%	Вміст жиру в молоці							
			3,20-3,69		3,70-4,19		4,20-4,69		вище 4,70	
			гол.	%	гол.	%	гол.	%	гол.	%
По стаду за останню закінчену лактацію										
До 3000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3001-4000	9	7,5	-	-	9	7,5	-	-	-	-
4001-5000	34	28,3	-	-	34	28,3	-	-	-	-
5001-6000	46	38,3	-	-	46	38,3	-	-	-	-
6001-7000	23	19,2	-	-	23	19,2	-	-	-	-
7001-8000	6	5,0	-	-	6	5,0	-	-	-	-
8001-9000	2	1,7	-	-	2	1,7	-	-	-	-
Усього	120	100,0	-	-	120	100,0	-	-	-	-

Дані представлені в таблиці 3.8 свідчать про те, що в цілому по стаду досить високі показники молочної продуктивності за першу лактацію були отримані від дочок бугаїв Чорнобривця 3483 (5107кг/3,89%) та В.Вільмоса 3101733688/16050 (5043 кг/3,89%), які належать до ліній Елевейшна 1491007. Слід відмітити, що за середнім рівнем надою всі корови-первістки господарства перевищували стандарт породи (3400 кг молока за I лактацію) у межах від 292 до 1707 кг. Перевага спостерігалась також і за вмістом жиру у молоці (стандарт 3,6%) – на 0,17-0,31%.

Стосовно вмісту білку у молоці зазначаємо, що його рівень у молоці корів-первісток є недостатнім, в середньому він складає 3,16%. Так, лише нащадки бугаїв Диму 69, Зевса 6978, Піону 1043 та Б.Рагтіма 27641106036 мають білковість молока на рівні 3,2% і вище, відповідно, 3,31%, 3,26%, 3,23% та 3,22%. У молоці всіх інших корів-первісток рівень білку коливається від 3,05 до 3,17%.

Проведений аналіз молочної продуктивності корів стада, в залежності від їх умовної кровності за голштином, свідчить про те, що її підвищення у потомства до рівня 75% в умовах господарства практично не супроводжується підвищенням надою корів (табл.3.9).

Таблиця 3.9

Продуктивність корів в залежності від умовної частки спадковості за голштинською породою

Показники	Умовна кровність за голштином		
	25%	50%	75%
1 лактація			
n	-	18	41
тривалість лактації, дн.	-	356,89±14,12	379,29±12,77
надій за 305 днів, кг	-	4670,67±204,20	4634,22±102,77
% жиру	-	3,86±0,01	3,86±0,01
молочного жиру, кг	-	173,83±6,16	176,63±4,67
% білку	-	3,09±0,02	3,08±0,01
молочного білку, кг	-	139,15±5,14	142,80±3,10
2 лактація			
n	-	4	25
тривалість лактації, дн.	-	310,00±13,41	339,13±14,09
надій за 305 днів, кг	-	4853,25±400,32	4882,96±140,32
% жиру	-	3,90±0,01	3,88±0,01
молочного жиру, кг	-	189,03±15,56	189,50±5,33
% білку	-	3,08±0,01	3,08±0,01
молочного білку, кг	-	149,28±11,96	150,26±4,24
3 лактація і старше			
n	13	13	32
тривалість лактації, дн.	324,85±11,94	355,92±30,79	348,50±13,18
надій за 305 днів, кг	5537,69±228,23	5696,62±225,14	5470,50±136,36
% жиру	3,88±0,02	3,89±0,01	3,89±0,01
молочного жиру, кг	214,80±8,73	221,50±8,75	212,69±5,22
% білку	3,08±0,01	3,07±0,01	3,08±0,01
молочного білку, кг	170,60±6,98	175,07±6,80	206,53±22,70

В стаді спостерігається достатньо велика кількість тварин, що мають 75% умовної кровності за голштином –67,1%, з долею кровності 50% за

голштином – 26,7% і лише 3,2% корів з 25% кровністю за голштинською породою.

Найвищою молочною продуктивністю виявилась у повновікових корів з 50% кровністю за голштином- 5696,62 кг молока за лактацію з вмістом 3,89% жиру. Найнижчою – у корів-первісток з долею кровності 75% за голштином – 4634,22 кг молока, 3,86% жиру.

В стаді спостерігається значна кількість лактації з тривалим терміном. Так, тривалість лактацій корів-первісток з 50% кровністю за голштином знаходиться у межах 356,89 днів, а з 75% кровністю – 379,29 днів. Вважаємо, що такий тривалий перебіг небажаний.

3.3. Характеристика генеалогічної структура стада

Маточне поголів'я стада чорно-рябої молочної породи на даний час має складну генеалогічну структуру і походить від 13 бугаїв, які належать до 6 ліній голштинської породи.

До найбільш поширених в стаді слід віднести лінії Чіфа (51,5%), та Елевейнша (25,6%). Лінія Соверінга малочисельна – лише 10 нащадків або 2,8% від загальної кількості корів та телиць стада. Наймолодшою є лінія Старбака, що представлена 31 телицею (табл. 25).

За чисельністю потомства лідерство належить голштинським бугаям Кластеру UA 5300018701/406 (50 телиць) та П.Селвіхару HU 3023006464/14911 (87 телиць).

Найбільша кількість дійних корів стада походить від бугая Тренда DE2761400782690/15552 лінії Кавалера 1620273.72 – 30 голів.

Високоцінними в племінному відношенні слід вважати бугаїв Джебро DE10830228/297 та Кагата UA5300018707, селекційний індекс (CI) яких коливається в межах 1404 – 1450 одиниць.

Поряд з цим у стаді певний час використовувались бугаї, які мали низький селекційний індекс: Чорнобривець 3483 (+122) та Кластер UA

5300018701/406 (+439). В цілому потомство вказаних бугаїв складає 16,2% корів і телиць від загального маточного поголів'я.

Таблиця 3.10

Генеалогічна структура стада

Заводська генеалогічна лінія, споріднена група	Інформація про батька					Інформація про маточне поголів'я, ГОЛ.				
	кличка, інд. №	кровність за голштином	спорідненість з родоначальником лінії	СІ	розряд племінної цінності	разом	корови	в т.ч. первістки	телиці	середня продуктивність за 305 днів І лактації, кг
Елевейшна 1491007	В.Вільмос HU3101733688/160 50	Г100	4	+1267	П-5	55	6	6	49	4000
-/-	Кагат UA5300018707	Г100	4	+1404	П-3	29	29	4	-	4688
-/-	Чорнобривець 3483	-	3	+122	Н+	8	8	6	-	4537
Усього по лінії Елевейшна						92	43	16	46	-
Чіфа 1427381.62	Кластер UA 5300018701/406	Г100	3	+439	П-4	50	-	-	50	-
-//-	П.Селвіхар HU 3023006464/ 14911	Г100	5	+559	П-4	87	-	-	87	-
-//-	Джебро DE1083022 8/297	Г100	4	+1450	П-5	13	13	9	-	5040
-//-	Б.Рагтім 27641106036	Г100	4		П-5	23	23	-	-	-
-//-	Зевс 6978	Г100	4		П-4	12	12	-	-	-
Усього по лінії Чіфа						185	48	9	137	
Валіанта 1650414.73	Піон 1043	Г100	2		П-4	3	3	-	-	-
Р. Соверінга 198998	Дим 69	Г100	5		П-4	10	10	-	-	-
Кавалера 1620273.72	Тренд DE2761400782690/ 15552	Г100	5	+1210	П-5	30	30	9	-	4562
М. Чіфтейна	Камиш 1341	Г100	3	+936	П-4	8	8	8	-	4450
Старбака	Ральф 1300247588/4 7588	Г100	4	+910	П-5	31	-	-	31	-
Разом						359	142	42	217	4858

Проведений генеалогічний аналіз генеалогічних родин показав(табл.3.11), що в господарстві можна умовно виділити 35 родин, але всі вони малочисельні та складаються з 2 тварин – мати та донька або дві сестри. Лише дві родини має більший склад: родина Тайга 0913 має у своєму складі 4 корови, родина Грони 1107 - 3. Враховуючи те, що племінне стадо досить «молоде» слід планувати розширення найбільш перспективних родин, а саме:

- родини Баронесси 0003, яка має стабільно високу продуктивність, що поступово зростає від першої лактації - з 5120 (І лактація) до 7395 кг молока (ІІІ лактація);

- Жанни 0989: І лактація – 5229 кг, ІІІ лактація – 5509 кг;
- Калини 0023: І лактація – 4022 кг, ІІІ лактація – 6754 кг;
- Комахи 0936: І лактація – 4810 кг, ІІІ лактація – 5714 кг;
- Малини07: І лактація – 4579 кг, ІІІ лактація – 5722 кг;
- Чорнушки 02: І лактація – 4361 кг, ІІІ лактація – 6099 кг;
- Цариці 0827: І лактація – 4739 кг, ІІІ лактація – 6474 кг.

Слід звернути увагу на доцільність утримання у стаді корів родин Жоржини 0232, Зорьки 777, Люби 1771 та Маркізи 0009, які за результатами ІІІ закінченої лактації мали рівень молочної продуктивності нижче стандарту породи (4200 кг), в середньому на 232-577 кг молока.

При аналізі продуктивності корів, що була проведена згідно долі кровності за голштином було визначено (табл.3.12), що по першій лактації найвищу продуктивність мали родини з генотипом 75ГФ/25УЧР: удій за 305 днів лактації 4595,1 кг, вміст молочного жиру – 3,82%. Корови цього ж генотипу мали кращий рівень і за повновіковими лактаціями. До родин, що мають вищевказаний генотип, відносяться 42,9% виділених в стаді.

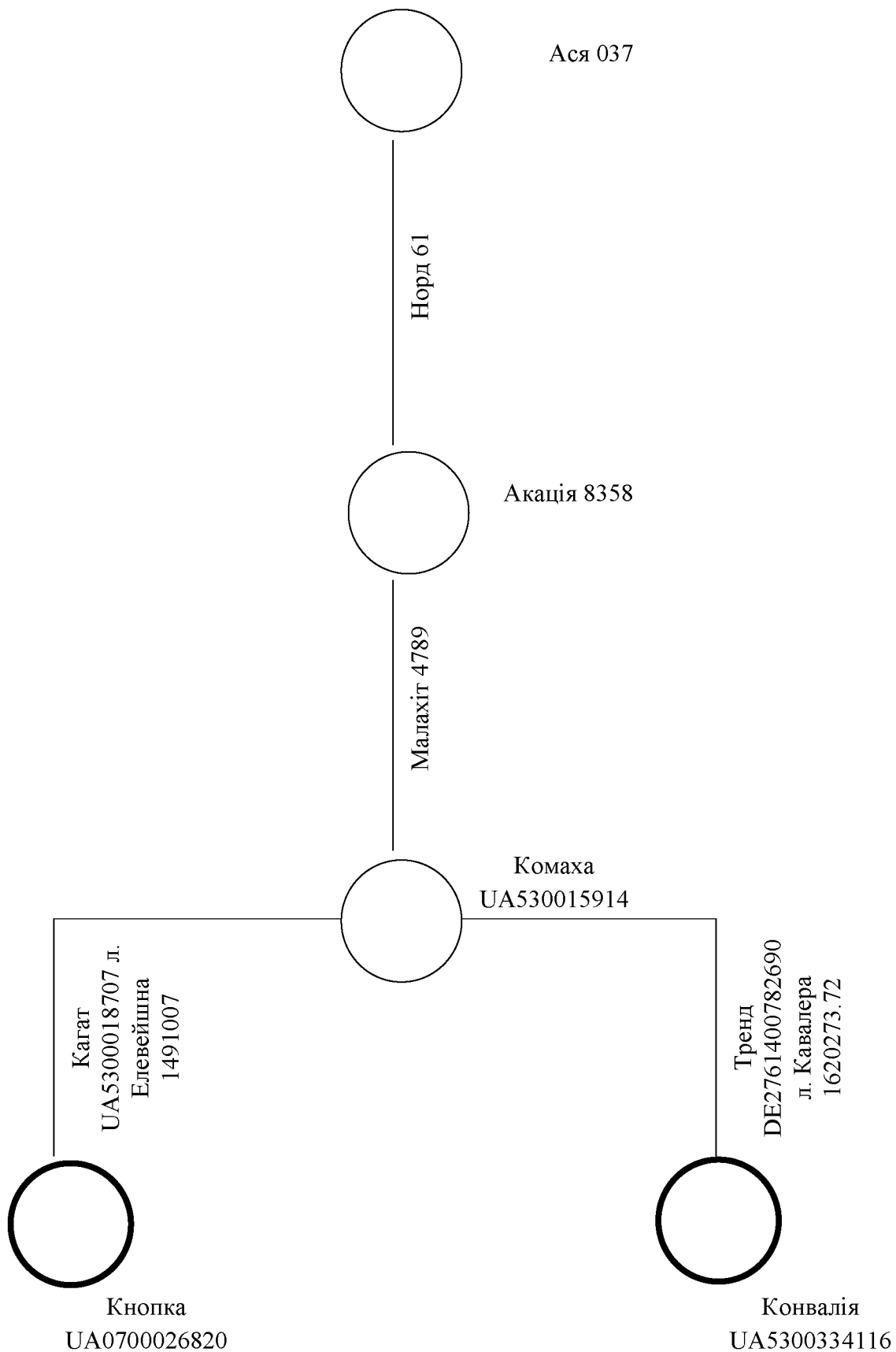


Рисунок 3.1. Родина Асі 037

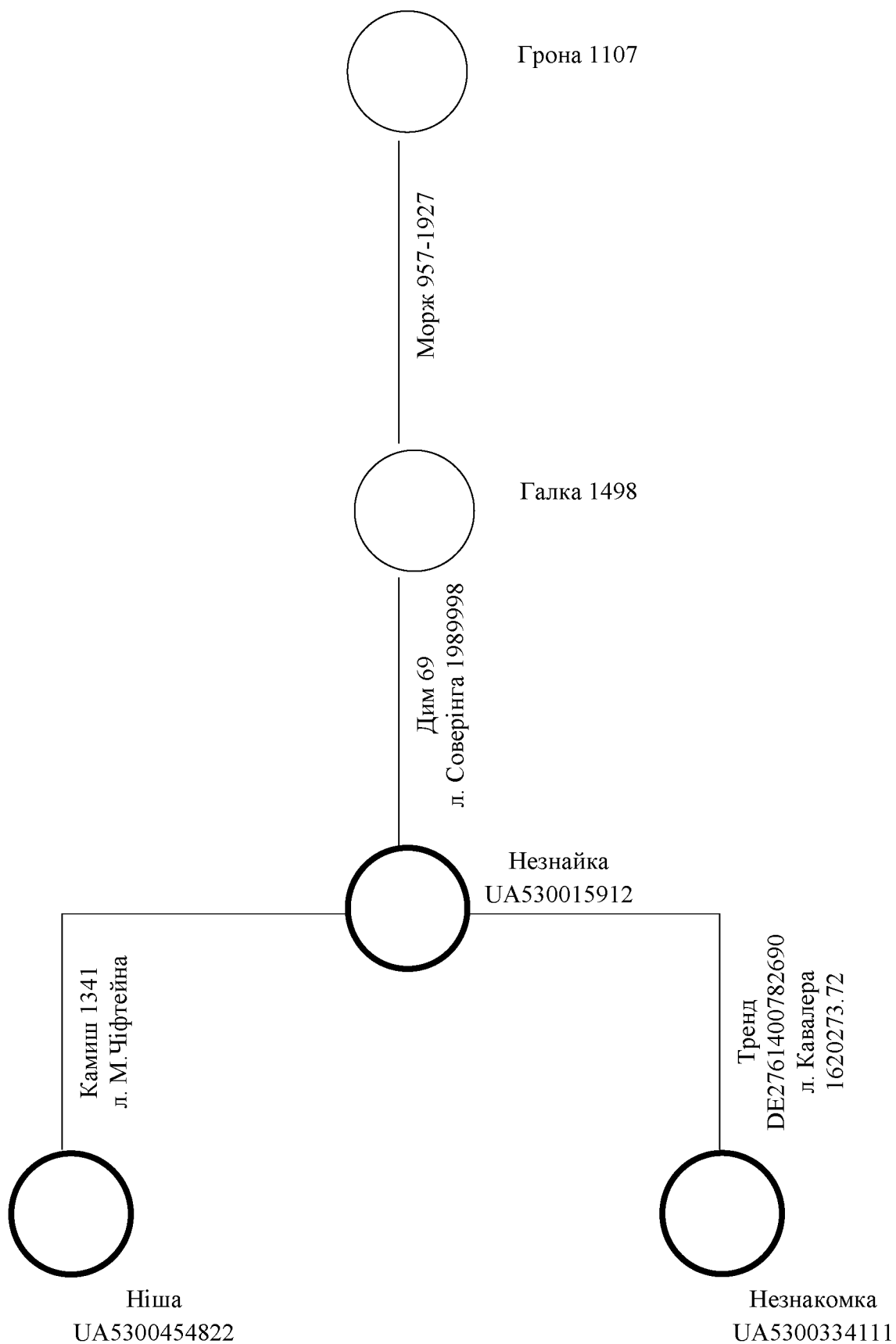


Рисунок 3.2.. Родина Грони 1107

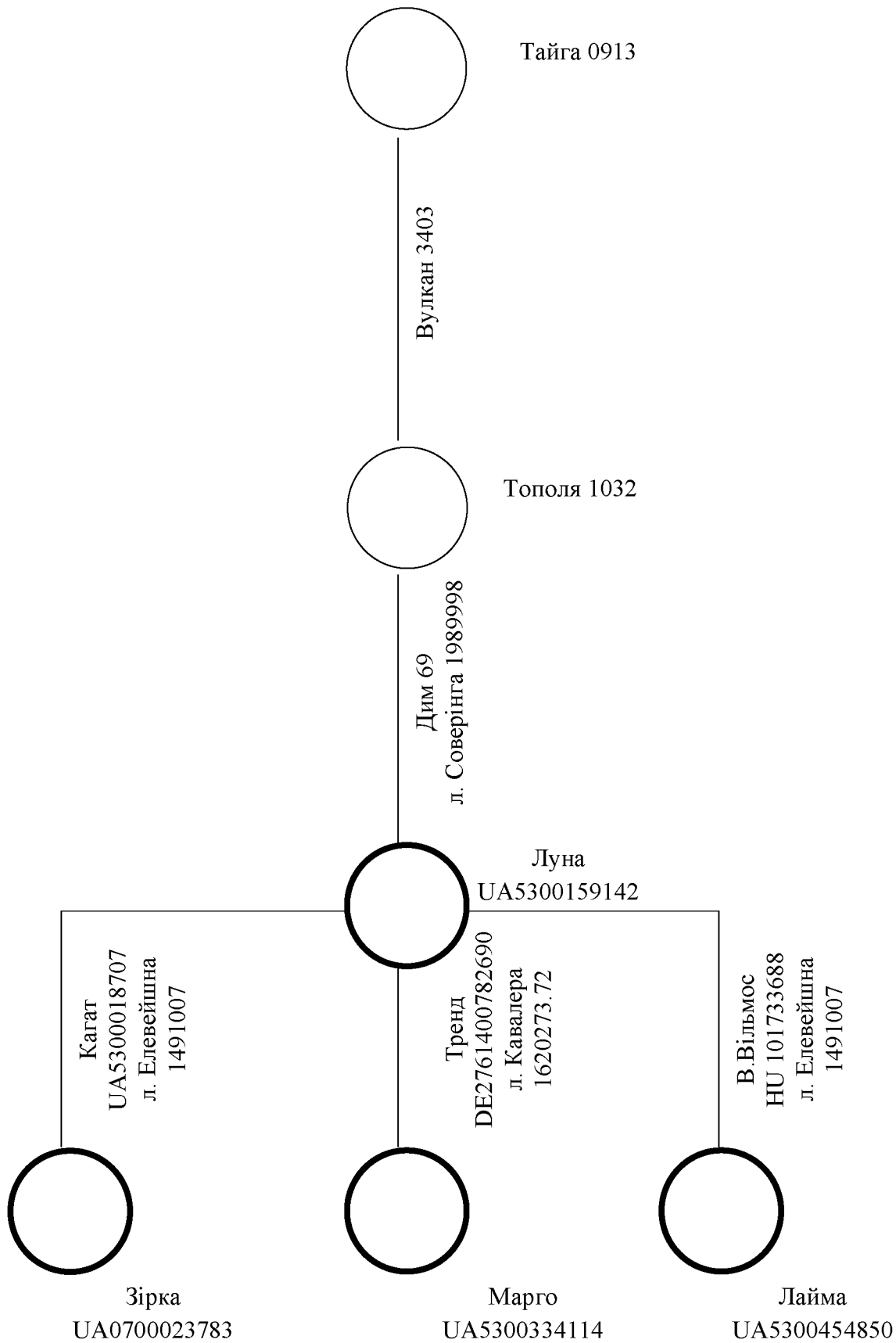


Рисунок 3.3. Родина Тайги 0913

При аналізі родин, де простежується зниження долі кровності за голштином з 75ГФ/25УЧР до 50ГФ/50УЧР, відзначаємо зниження продуктивності у порівнянні з родинами, де відмічено зростання кровності з 25ГФ/75УЧР до 50ГФ/50УЧР на 519 кг за надоем за 305 днів лактації та на 0,04% за вмістом жиру.

3.4. Економічна ефективність виробництва молока

Згідно проведеному аналізу економічних показників господарства, рівень рентабельності виробництва молока за останні роки зріс до 36%.

Таблиця 3.13

Економічна ефективність виробництва

Показники	Р о к и			
	2017	2018	2019	2020
Середньорічний надій молока на корову, кг	4225	5500	5309	5533
Середній відсоток жиру в молоці, %	3,71	3,89	3,86	3,86
Валове виробництво молока, ц	6702	10591	12402	15389
Середньодобові прирости, г	350	500	510	510
Затрати праці, люд/год на 1 ц молока	3,9	3,5	2,8	2,2
Собівартість 1 ц молока, грн.	725,49	737,54	618,12	632,83
Рівень рентабельності, %	2	3	57	36

ВИСНОВКИ

1. СТОВ «Вітчизна» підприємство, що займається вирощуванням зернових культур та розведенням великої рогатої худоби української чорно-рябої породи. У господарстві утримують 360 голів великої рогатої худоби української чорно-рябої породи, у тому числі 142 корови дійного стада.

2. За даними річного звіту на кожну корову було отримано 5533 кг молока, у тому числі по першій лактації 4858 кг, по другій – 5931 кг і по третій і старше лактаціям – 5526 кг. Вміст жиру у молоці становить 3,86% в цілому по стаду.

3. На даний час переважна більшість корів стада (67,1%) представлені тваринами з кровністю понад 75% за ГФ породою, 24 % - тваринами з кровністю 50% за ГФ і лише 8,6% мають долю кровності за голштинами 25%.

4. Найвищою молочною продуктивністю виявилась у повновікових корів з 50% кровністю за голштином- 5696,62 кг молока за лактацію з вмістом 3,89% жиру. Найнижчою – у корів-первісток з долею кровності 75% за голштином – 4634,22 кг молока, 3,86% жиру.

5. В господарстві можна умовно виділити 35 родин, але всі вони малочисельні та складаються з 2 тварин – мати та донька або дві сестри. Лише дві родини має більший склад: родина Тайга 0913 має у своєму складі 4 корови, родина Грони 1107 – 3.

6. Згідно проведеному аналізу економічних показників господарства, рівень рентабельності виробництва молока за останні роки зріс до 36%.

ПРОПОЗИЦІЇ

Пропонуємо проводити осіменіння корів за індивідуальним планом підбору з урахуванням генеалогічної і генотипової структури стада. Слід передбачити одночасне використання у стаді як голштинських чистопородних, так і помісних бугаїв УЧР породи умовного генотипу $3/4\text{ГФ} + 1/4\text{УЧР}$. При цьому помісних бугаїв використовувати на маточному поголів'ї з кровністю менше 50-75% за голштином, а чистопородні на тваринах менш високих генерацій, методом поглинального схрещування, практично до одержання чистопородних чорно-рябих голштинів вітчизняної селекції. Надалі слід проводити розведення «у собі» тварин української чорно-рябої молочної породи атестованого племрепродуктору на поголів'ї близько 600 корів і телиць основного стада.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ ІНФОРМАЦІЇ

1. Diamond, J. *Guns, Germs, and Steel*; Norton Company: New York, NY, USA, 1997. 238.
2. Conolly, J.; Manning, K.; Colledge, S.; Dobney, K.; Shennan, S. Species distribution modelling of ancient cattle from early Neolithic sites in SW Asia and Europe. *Holocene* 2012, 24, 3–14.
3. Price, T.D. *Europe's First Farmers: An Introduction*; Cambridge University Press: Cambridge, UK, 2000. 235.
4. Brass, M. Reconsidering the emergence of social complexity in early Saharan pastoral societies, 5000–2500 BC. *Sahara* 2007, 18, 1–16.
5. Ajmone-Marsan, P.; Garcia, J.F.; Lenstra, J.A. On the origin of cattle: how aurochs became cattle and colonized the world. *Evol. Anthropol.* 2010, 19, 148–157.
6. Rifkin, B. *Beyond Beef: The Rise and Fall of the Cattle Culture*; Dutton: London, UK, 1992. 350.
7. Elshire, R.J., J.C. Glaubitz, Q. Sun, J.A. Poland, K. Kawamoto, E.S. Buckler, Mitchell S.E. 2011. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. *PLoS One* 6(5):e19379.
8. Kumar, S., T.W. Banks, Cloutier S. 2012. SNP discovery through next generation sequencing and its applications. *Int. J. Plant Genomics* 2012:831460.
9. de Los Campos, G., J.M. Hickey, R. Pong-Wong, H.D. Daetwyler, Calus M.P. 2013. Whole-genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding. *Genetics* 193(2):327–345.
10. Gianola, D. 2013. Priors in whole-genome regression: the Bayesian alphabet returns. *Genetics* 194(3):573–596.
11. Lillehammer, M., T.H. Meuwissen, Sonesson A.K. 2011. A comparison of dairy cattle breeding designs that use genomic selection. *J. Dairy Sci.* 94(1):493–500.

12. Pryce, J.E., Daetwyler H.D. 2011. Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. *Anim. Prod. Sci.* 52:107–114.
13. Daetwyler, H.D., B. Villanueva, Woolliams J.A. 2008. Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach. *PLoS One* 3:e3395.
14. Gonzalez-Recio, O., M.P. Coffey, Pryce J.E. 2014. On the value of the phenotypes in the genomic era. *J. Dairy Sci.* 97(12):7905–7915.
15. Boichard, D., Brochard M. 2012. New phenotypes for new breeding goals in dairy cattle. *Animal* 6(4):544–550.
16. Foris, B., A.J. Thompson, M.A.G. von Keyserlingk, N. Melzer, Weary D.M. 2019. Automatic detection of feeding- and drinking-related agonistic behavior and dominance in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 102(10):9176–9186.
17. Salau, J., O. Lamp, Krieter J. 2019. Dairy cows' contact networks derived from videos of eight cameras. *Biosyst. Eng.* 188:106–113.
18. de Marchi, M., V. Toffanin, M. Cassandro, Penasa M. 2014. Invited review: mid-infrared spectroscopy as phenotyping tool for milk traits. *J. Dairy Sci.* 97(3):1171–1186.
19. Fontanesi, L. 2016. Metabolomics and livestock genomics: insights into a phenotyping frontier and its applications in animal breeding. *Anim. Front.* 6(1):73–79.
20. Klein, M.S., N. Butchereit, S.P. Miemczyk, A.K. Immervoll, C. Louis, S. Wiedemann, W. Junge, G. Thaller, P.J. Oefner, Gronwald W. 2012. NMR metabolomic analysis of dairy cows reveals milk glycerophosphocholine to phosphocholine ratio as prognostic biomarker for risk of ketosis. *J. Proteome Res.* 11(2):1373–1381.
21. Ehret, A., D. Hochstuhl, N. Krattenmacher, J. Tetens, M.S. Klein, W. Gronwald, Thaller G. 2015. Short communication: use of genomic and metabolic information as well as milk performance records for prediction of subclinical ketosis risk via artificial neural networks. *J. Dairy Sci.* 98(1):322–329.

22. de Haas, Y., J.J. Windig, M.P. Calus, J. Dijkstra, M. De Haan, A. Bannink, Veerkamp R.F. 2011. Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection. *J. Dairy Sci.* 94(12):6122–6134.
23. Hayes, B.J., H.A. Lewin, Goddard M.E. 2013. The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. *Trends Genet.* 29:206–214.
24. Bell, M.J., S.L. Potterton, J. Craigon, N. Saunders, R.H. Wilcox, M. Hunter, J.R. Goodman, Garnsworthy P.C. 2014. Variation in enteric methane emissions among cows on commercial dairy farms. *Animal* 8(9):1540–1546.
25. Pickering, N.K., V.H. Oddy, J. Basarab, K. Cammack, B. Hayes, R.S. Hegarty, J. Lassen, J.C. McEwan, S. Miller, C.S. Pinares-Patiño, et al. 2015. Animal board invited review: genetic possibilities to reduce enteric methane emissions from ruminants. *Animal* 9(9):1431–1440.
26. de Haas, Y., M. Pszczola, H. Soyeurt, E. Wall, Lassen J. 2017. Invited review: phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying. *J. Dairy Sci.* 100(2):855–870.
27. Knapp, J.R., G.L. Laur, P.A. Vadas, W.P. Weiss, Tricarico J.M. 2014. Invited review: enteric methane in dairy cattle production: quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. *J. Dairy Sci.* 97:3231– 3261.
28. Tetens, J., G. Thaller, Krattenmacher N. 2014. Genetic and genomic dissection of dry matter intake at different lactation stages in primiparous Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 97(1):520–531.
29. Krattenmacher, N., G. Thaller, Tetens J. 2019. Analysis of the genetic architecture of energy balance and its major determinants dry matter intake and energy-corrected milk yield in primiparous Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 102(4):3241–3253.
30. de Haas, Y., J.E. Pryce, M.P. Calus, E. Wall, D.P. Berry, P. Løvendahl, N. Krattenmacher, F. Miglior, K. Weigel, D. Spurlock, et al. 2015. Genomic prediction of dry matter intake in dairy cattle from an international data

set consisting of research herds in Europe, North America, and Australasia. *J. Dairy Sci.* 98:6522–6534.

31. Harder, I., E. Stamer, W. Junge, Thaller G. 2019. Lactation curves and model evaluation for feed intake and energy balance in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 102:7204–7216.

32. González-Camacho, J.M., L. Ornella, P. Pérez-Rodríguez, D. Gianola, S. Dreisigacker, and J. Crossa. 2018. Applications of machine learning methods to genomic selection in breeding wheat for rust resistance. *Plant Genome* 11(2):1–15.

33. Caraviello, D.Z., K.A. Weigel, M. Craven, D. Gianola, N.B. Cook, K.V. Nordlund, P.M. Fricke, Wiltbank M.C. 2006. Analysis of reproductive performance of lactating cows on large dairy farms using machine learning algorithms. *J. Dairy Sci.* 89(12):4703–4722.

34. Fontanesi, L. 2016. Metabolomics and livestock genomics: insights into a phenotyping frontier and its applications in animal breeding. *Anim. Front.* 6(1):73–79.

35. Gonzalez-Recio, O., M.P. Coffey, Pryce J.E. 2014. On the value of the phenotypes in the genomic era. *J. Dairy Sci.* 97(12):7905–7915.

36. Pryce, J.E., O. Gonzalez-Recio, G. Nieuwhof, W.J. Wales, M.P. Coffey, B.J. Hayes, Goddard M.E. 2015. Hot topic: definition and implementation of a breeding value for feed efficiency in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 98(10):7340–7350.

37. Harder, I., E. Stamer, W. Junge, Thaller G. 2019. Lactation curves and model evaluation for feed intake and energy balance in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 102:7204–7216.

38. Krattenmacher, N., G. Thaller, Tetens J. 2019. Analysis of the genetic architecture of energy balance and its major determinants dry matter intake and energy-corrected milk yield in primiparous Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 102(4):3241–3253.

39. Rosa, G.J., B.D. Valente, G. de los Campos, X.L. Wu, D. Gianola, Silva M.A. 2011. Inferring causal phenotype networks using structural equation models. *Genet. Sel. Evol.* 43(1):6.
40. Wu, X.L., B. Heringstad, Gianola D. 2010. Bayesian structural equation models for inferring relationships between phenotypes: a review of methodology, identifiability, and applications. *J. Anim. Breed. Genet.* 127(1):3–15.
41. Lenstra, J.A., Theunissen, B., Feliuss, M. Domestic cattle and buffaloes. In Ecology, Evolution and Behaviour of Wild Cattle: Implications for Conservation; Melletti, M., Burton, J., Eds.; Cambridge University Press: Cambridge, UK, 2014.
42. Ho, S.Y., Larson, G., Edwards, C.J., Heupink, T.H., Lakin, K.E., Holland, P.W., Shapiro, B. Correlating Bayesian date estimates with climatic events and domestication using a bovine case study. *Biol. Lett.* 2008, 4, 370–374.
43. Achilli, A., Bonfiglio, S., Olivieri, A., Malusa, A., Pala, M., Hooshiar Kashani, B., Perego, U.A., Ajmone-Marsan, P., Liotta, L., Semino, O. et al. The multifaceted origin of taurine cattle reflected by the mitochondrial genome. *PLoS One* 2009, 4, e5753.
44. Hassanin, A., An, J., Ropiquet, A., Nguyen, T.T., Couloux, A. Combining multiple autosomal introns for studying shallow phylogeny and taxonomy of Laurasiatherian mammals: Application to the tribe Bovini (Cetartiodactyla, Bovidae). *Mol. Phylogenet. Evol.* 2013, 66, 766–775.
45. Bollongino, R., Burger, J., Powell, A., Mashkour, M., Vigne, J.D., Thomas, M.G. Modern taurine cattle descended from small number of Near-Eastern founders. *Mol. Biol. Evol.* 2012, 29, 2101–2104.
46. Van Vuure, C. Retracing the Aurochs; Universität Paderborn: Höxter, Germany, 2001. 150.
47. Helmer, D., Gourichon, L., Monchot, H., Peters, J., Saña Seguí, M. Identifying early domestic cattle from prepottery Neolithic sites on the middle Euphrates using sexual dimorphism. In The First Steps of Animal Domestication;

Vigne, J.D., Peters, J., Helmer, D., Eds.; Oxbow Books: Oxford, UK, 2005; pp. 86–95.

48. Vigne, J.D. The origins of animal domestication and husbandry: A major change in the history of humanity and the biosphere. *C. R. Biol.* 2011, 334, 171–181.

49. Zeder, M.A., Emshwiller, E., Smith, B.D., Bradley, D.G. Documenting domestication: The intersection of genetics and archaeology. *Trends Genet.* 2006, 22, 139–155.

50. Evershed, R.P., Payne, S., Sherratt, A.G., Copley, M.S., Coolidge, J., Urem-Kotsu, D., Kotsakis, K., Ozdogan, M., Ozdogan, A.E., Nieuwenhuyse, O. et al. Earliest date for milk use in the Near East and southeastern Europe linked to cattle herding. *Nature* 2008, 455, 528–531.

51. Bonfiglio, S., Achilli, A., Olivieri, A., Negrini, R., Colli, L., Liotta, L., Ajmone-Marsan, P., Torroni, A., Ferretti, L. The enigmatic origin of bovine mtDNA haplogroup R: Sporadic interbreeding or an independent event of *Bos primigenius* domestication in Italy? *PLoS One* 2010, 5, e15760.

52. Lenstra, J.A., Ajmone-Marsan, P., Beja-Pereira, A., Bollongino, R., Bradley, D.G., Colli, L., de Gaetano, A., Edwards, C.J., Felius, M., Ferretti, L. et al. Meta-analysis of mitochondrial DNA reveals several population bottlenecks during worldwide migrations of cattle. *Diversity* 2014, 6, 178–187.

53. Jarrige, J.F. Mehrgarh Neolithic. In Proceedings of the International Seminar on the “First Farmers in Global Perspective”, Lucknow, India, 18–20 January 2006; pp. 135–154.

54. Brass, M. Revisiting a hoary chestnut: The nature of early cattle domestication in North-East Africa. *Sahara* 2012, 24, 7–12.

55. Linseele, V., van Neer, W., Thys, S., Phillipps, R., Cappers, R., Wendrich, W., Holdaway, S. New archaeozoological data from the Fayum “Neolithic” with a critical assessment of the evidence for early stock keeping in Egypt. *PLoS One* 2014, 9, e108517.

56. Gifford-Gonzalez, D., Hanotte, O. Domesticating Animals in Africa: Implications of Genetic and Archaeological Findings. *J. World Prehist.* 2011, 24, 1–23.
57. Stock, F., Gifford-Gonzalez, D. Genetics and African cattle domestication. *Afr. Archaeol. Rev.* 342013, 30, 51–72.
58. Chen, S., Lin, B.Z., Baig, M., Mitra, B., Lopes, R.J., Santos, A.M., Magee, D.A., Azevedo, M., Tarroso, P., Sasazaki, S. et al. Zebu cattle are an exclusive legacy of the South Asia Neolithic. *Mol. Biol. Evol.* 2010, 27, 1–6.
59. Zhang, H., Paijmans, J.L., Chang, F., Wu, X., Chen, G., Lei, C., Yang, X., Wei, Z., Bradley, D.G., Orlando, L. et al. Morphological and genetic evidence for early Holocene cattle management in northeastern China. *Nat. Commun.* 2013.
60. Beja-Pereira, A., Caramelli, D., Lalueza-Fox, C., Vernesi, C., Ferrand, N., Casoli, A., Goyache, F., Royo, L.J., Conti, S., Lari, M. et al. The origin of European cattle: Evidence from modern and ancient DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2006, 103, 8113–8118.
61. Achilli, A., Olivieri, A., Pellecchia, M., Ubaldi, C., Colli, L., Al-Zahery, N., Accetturo, M., Pala, M., Hooshiar Kashani, B., Perego, U.A. et al. Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle. *Curr. Biol.* 2008, 18, R157–R158.
62. Qiu, Q., Zhang, G., Ma, T., Qian, W., Wang, J., Ye, Z., Cao, C., Hu, Q., Kim, J., Larkin, D.M. et al. The yak genome and adaptation to life at high altitude. *Nat. Genet.* 2012, 44, 946–949.
63. Payne, W.J.A., Hodges, J. Tropical Cattle: Origin, Breeding and Breeding Policies; Blackwell Science: Oxford, UK, 1997.
64. Rasteiro, R., Chikhi, L. Female and male perspectives on the Neolithic transition in Europe: Clues from ancient and modern genetic data. *PLoS One* 2013, 8, e60944.
65. Perez-Pardal, L., Royo, L.J., Beja-Pereira, A., Curik, I., Traore, A., Fernandez, I., Solkner, J., Alonso, J., Alvarez, I., Bozzi, R. et al. Y-specific

microsatellites reveal an African subfamily in taurine (*Bos taurus*) cattle. *Anim. Genet.* 2009, 41, 232–241.

66. Edwards, C.J., Ginja, C., Kantanen, J., Pérez-Pardal, L., Tresset, A., Stock, F., Gama, L.T., Penedo, M.C.T., Bradley, D.G., Lenstra, J.A. et al. Dual origins of dairy cattle farming—Evidence from a comprehensive survey of European Y-chromosomal variation. *PLoS One* 2011, 6, e15922.

67. Kantanen, J., Edwards, C.J., Bradley, D.G., Viinalass, H., Thessler, S., Ivanova, Z., Kiselyova, T., Cinkulov, M., Popov, R., Stojanovic, S. et al. Maternal and paternal genealogy of Eurasian taurine cattle (*Bos taurus*). *Heredity* 2009, 103, 404–415.

68. Decker, J.E., McKay, S.D., Rolf, M.M., Kim, J., Molina Alcala, A., Sonstegard, T.S., Hanotte, O., Gotherstrom, A., Seabury, C.M., Praharani, L. et al. Worldwide patterns of ancestry, divergence, and admixture in domesticated cattle. *PLoS Genet.* 2014, 10, e1004254.

69. Gautier, A., van Neer, W. Animal remains from Mahal Teglinos (Kassala, Sudan) and the arrival of pastoralism in the southern *Atbai*. *J. Afr. Archaeol.* 2006, 4, 223–233.

70. Dunne, J., Evershed, R.P., Salque, M., Cramp, L., Bruni, S., Ryan, K., Biagetti, S., di Lernia, S. First dairying in green Saharan Africa in the fifth millennium BC. *Nature* 2012, 486, 390–394.

71. Bonfiglio, S., Ginja, C., de Gaetano, A., Achilli, A., Olivieri, A., Colli, L., Tesfaye, K., Agha, S.H., Gama, L.T., Cattonaro, F. et al. Origin and spread of *Bos taurus*: New clues from mitochondrial genomes belonging to haplogroup T1. *PLoS One* 2012, 7, e38601.

72. Anderung, C., Bouwman, A., Persson, P., Carretero, J.M., Ortega, A.I., Elburg, R., Smith, C., Arsuaga, J.L., Ellegren, H., Gotherstrom, A. et al. Prehistoric contacts over the Straits of Gibraltar indicated by genetic analysis of Iberian Bronze Age cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2005, 102, 8431–8435.

73. Perez-Pardal, L., Royo, L.J., Beja-Pereira, A., Chen, S., Cantet, R.J., Traore, A., Curik, I., Solkner, J., Bozzi, R., Fernandez, I. et al. Multiple paternal

origins of domestic cattle revealed by Y-specific interspersed multilocus microsatellites. *Heredity* 2010, 105, 511–519.

74. Bökönyi, S. History of Domestic Mammals in Central and Eastern Europe; Akadémiai Kiadó: Budapest, Hungary, 1974.

75. Guilaine, J. De la Vague à la Tombe. La Conquête Néolithique le la Méditerranée; Le Seuil: Paris, France, 2003.

76. Gkiasta, M., Russell, T., Shennan, S., Steele, J. Neolithic transition in Europe: The radiocarbon record revisited. *Antiquity* 2003, 77, 45–62.

77. Cymbron, T., Freeman, A., Malheiro, M.I., Vigne, J.D., Bradley, D. Microsatellite diversity suggests different histories for Mediterranean and Northern European cattle populations. *Proc. R. Soc. B: Biol. Sci.* 2005, 272, 1837–1843.

78. Tresset, A., Vigne, J.D. Substitution of species, techniques and symbols at the Mesolithic-Neolithic transition in Western Europe. *Proc. Br. Acad.* 2007, 144, 189–210.

79. Tresset, A. French connections II: Of cows and men. In Neolithic Settlement in Ireland and Western Britain; Armit, I., Murphy, E., Nelis, E., Simpson, D., Eds.; Oxbow Books: Oxford, UK, 2003; pp. 18–30.

80. Salque, M., Bogucki, P.I., Pyzel, J., Sobkowiak-Tabaka, I., Grygiel, R., Szmyt, M., Evershed, R.P. Earliest evidence for cheese making in the sixth millennium BC in northern Europe. *Nature* 2013, 493, 522–525.

81. Copley, M.S., Berstan, R., Dudd, S.N., Docherty, G., Mukherjee, A.J., Straker, V., Payne, S., Evershed, R.P. Direct chemical evidence for widespread dairying in prehistoric Britain. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2003, 100, 1524–1529.

82. Balasse, M., Tresset, A. Early weaning of Neolithic domestic cattle (Bercy, France) revealed by intra-tooth variation in nitrogen isotope ratios. *J. Archeol. Sci.* 2002, 29, 853–859.

83. Itan, Y., Powell, A., Beaumont, M.A., Burger, J., Thomas, M.G. The origins of lactase persistence in Europe. *PLoS Comput. Biol.* 2009, 5, e1000491.

84. Curry, A. The milk revolution. *Nature* 2013, 500, 20–23.

85. Stock, F., Edwards, C.J., Bollongino, R., Finlay, E.K., Burger, J., Bradley, D.G. Cytochrome b sequences of ancient cattle and wild ox support phylogenetic complexity in the ancient and modern bovine populations. *Anim. Genet.* 2009, 40, 694–700.
86. Wint, W., Robinson, T. Gridded Livestock of the World 2007; FAO: Rome, Italy, 2007.
87. Cai, D., Sun, Y., Tang, Z., Hud, S., Li, W., Zhao, X., Xiang, H., Zhou, H. The origins of Chinese domestic cattle as revealed by ancient DNA analysis. *J. Archaeol. Sci.* 2014, 41, 423–434.
88. Li, R., Zhang, X.M., Campana, M.G., Huang, J.P., Chang, Z.H., Qi, X.B., Shi, H., Su, B., Zhang, R.F., Lan, X.Y. et al. Paternal origins of Chinese cattle. *Anim. Genet.* 2013, 44, 446–449.
89. Mohamad, K., Olsson, M., van Tol, H.T., Mikko, S., Vlamings, B.H., Andersson, G., Rodriguez-Martinez, H., Purwantara, B., Paling, R.W., Colenbrander, B. et al. On the origin of Indonesian cattle. *PLoS One* 2009, 4, e5490.
90. Edwards, C.J., Baird, J.F., MacHugh, D.E. Taurine and zebu admixture in Near Eastern cattle: A comparison of mitochondrial, autosomal and Y-chromosomal data. *Anim. Genet.* 2007, 38, 520–524.
91. Hanotte, O., Bradley, D.G., Ochieng, J.W., Verjee, Y., Hill, E.W., Rege, J.E.O. African pastoralism: Genetic imprints of origins and migrations. *Science* 2002, 296, 336–339.
92. Brandt, S.A., Carder, N. Pastoral rock art in the horn of Africa: Making sense of udder chaos. *World Archaeol.* 1987, 19, 195–213.
93. Epstein, H., Mason, I.L. Cattle. In *Evolution of Domesticated Animals*; Mason, I.L., Ed.; Longman Group: Essex, UK, 1984.
94. Kron, G. Roman livestock farming in southern Italy: The case against environmental determinism. In *Espaces Intégrés et Ressources Naturelles dans L'Empire Romain*; Clavel-Lévêque, M., Hermon, E., Eds.; Presses Universitaires de Franche-Comté: Besançon, France, 2004; pp. 119–134.

95. Kron, G. Archaeozoological evidence for the productivity of Roman livestock farming. *Münstersche Beiträge zur Antiken Handelsgeschichte* 2002, 21, 53–73.
96. MacKinnon, M. Cattle “breed” variation and improvement in Roman Italy: Connecting the zooarchaeological and ancient textual evidence. *World Archaeol.* 2010, 42, 55–73.
97. Armitage, P.L. Developments in British cattle husbandry. *Ark* 1982, 9, 50–54.
98. Newfield, T.P. A great Carolingian panzootic: The probable extent, diagnosis and impact of an early ninth-century cattle pestilence. *Argos* 2012, 46, 200–210.
99. Lenstra, J.A., Feliuss, M. Genetic aspects of domestication. In *The Genetics of Cattle*, 2nd ed; Garrick, D.J., Ruvinsky, A, Eds.; CABI: Wallingford, UK, 2014.
100. Kompan, D., Cividini, A. (Eds.) *Brachycerous Cattle in Balkan Countries and Their Perspectives*; Biotechnical Faculty: Domzale, Slovenia, 2008. 53.
101. Hemming, J. *Bos primigenius* in Britain: Or, why do fairy cows have red ears? *Folklore* 2002, 113, 71–82.
102. Pickl, O. Der Viehandel von Ungarn nach Oberitalien vom 14. bis zum 17 Jahrhundert. In *Internationaler Ochsenhandel (1350–1750). Beiträge zur Wirtschaftsgeschichte Band 9*; Westermann, E., Ed.; Klett-Cotta: Stuttgart, Germany, 1979; pp. 125–136.
103. Gijsbers, W. Kapitale Ossen. In *De Internationale Handel in Slachtvee in Noordwest-Europa (1300–1750)*; Verloren: Hilversum, The Netherlands, 1999.
104. Bodó, I., Gera, I., Koppány, G. *The Hungarian Grey Cattle Breed*, 2nd ed; Association of the Hungarian Grey Cattle Breeders: Budapest, Hungary, 2004.
105. Engel, P. *The Realm of St Stephen: A History of Medieval Hungary, 895–1526*; I.B.Tauris: London, UK; New York, NY, USA, 2001.

106. Appuhn, K. Ecologies of Beef: Eighteenth-Century Epizootics and the Environmental History of Early Modern Europe. *Environ. Hist.* 2010, 15, 268–287.
107. Ciani, F., Matassino, D. Il bovino grigio allevato in Italia: Origine ed evoluzione. Nota 2: Il bovino macrocero [Grey cattle reared in Italy: Origin and evolution. Note 1: Long-horned cattle]. *Taurus Speciale* 2001, 13, 89–99.
108. Rouse, J.E. The Criollo, Spanish Cattle in the Americas; University of Oklahoma Press: Norman, France, 1977.
109. Bieleman, J. Techniek in Nederland in De Twintigste Eeuw III [Technique in the Netherlands in the Twentieth Century III]; Walburg Pers: Zutphen, The Netherlands, 2000.
110. De Francourt, M.; Spindler, F.; Quemene, Y. Éléments d'Histoire des Races Rovines et Ovines en France; Société d'Ethnozootechnique: Clermont-Ferrand, France, 2002.
111. Russell, N. Like Engend'Ring Like; Cambrige University Press: Cambridge, UK, 1986.
112. Carter, F.W. Trade and Urban Development in Poland: An Economic Geography of Cracow, from its Origins to 1795; Cambridge University Press: Cambridge, UK, 1994.
113. Koolmees, P.A. Epizootic Diseases in the Netherlands, 1713–2002: Veterinary Science, Agricultural Policy, and Public Response. In *Healing the Herds: Disease, Livestock Economies, and the Globalization of Veterinary Medicine*; Brown, K., Gilfoyle, D., Eds.; Ohio University Press: Athens, Greece, 2010; pp. 19–41.
114. Theunissen, B. Darwin and his pigeons. The analogy between artificial and natural selection revisited. *J. Hist. Biol.* 2012, 45, 179–212.