

Факультет тваринництва та водних біоресурсів
Кафедра генетики, розведення і біотехнології тварин

Організація селекційного процесу у тваринництві (за видами)

| | |
|---------------------------|--|
| Лектор | Рубан Сергій Юрійович |
| Семестр | III |
| Освітньо-науковий ступінь | PhD доктор філософії |
| Кількість кредитів | 5 |
| Форма контролю | екзамен |
| Аудиторні години | 50 (20 год. лекцій, 30 год. лабораторних занять) |

Загальний опис дисципліни

Предметом дисципліни «Організація селекційного процесу у тваринництві (за видами тварин)» є вивчення та освоєння сучасних методів та підходів з організації та практичного ведення процесу селекції основних видів сільськогосподарських тварин.

Метою вивчення дисципліни є формування у здобувачів сучасних професійних знань та навичок з оцінки племінної цінності тварин, використанню при цьому біотехнологічних та генетичних підходів які спрямовані на отримання ефекту селекції по основних господарсько-корисних ознаках. Опанування цієї дисципліни дає майбутнім спеціалістам можливість освоїти та використовувати на практиці або в наукових цілях сучасні знання з технології організації процесів селекції основних видів сільськогосподарських тварин в Україні.

Основний рівень компетентності, якими повинен оволодіти здобувач під час вивчення дисципліни є:

- розвиток когнітивних здібностей на основі отриманих знань, узагальнення та аналіз особливостей сучасних виробничих процесів в галузі тваринництва;
- усвідомлення ролі та значення селекційних заходів для вирішення проблемних питань які стримують ведення ефективного виробництва;
- вміння творчо підходити до отриманих базових знань, формувати та відстоювати на основі цього власні ідеї, підходи або створювати оригінальні методики з оцінки процесів та об'єктивної їх оцінки

Теми лекцій

1. Генетичні ресурси тваринництва
2. Історія методів селекції
3. Методи розведення тварин
4. Базова модель генетичної цінності тварин
5. Методи оцінки генетичної цінності
6. Генетичний прогрес і селекційні програми
7. Генетичні маркери в розведенні тварин
8. Біоінформатика та її роль в селекції тварин
9. Репродуктивні та біологічні технології в селекції
10. Особливості розведення порід різних видів

Теми лабораторних занять

1. Застосування методів статистики кількісних ознак (оцінка мінливості)
2. Застосування методів статистики кількісних ознак (оцінка ступеню впливу)
3. Оцінка вірогідності розбіжностей між вибірками.
4. Застосування дисперсійного аналізу для оцінки впливу факторів на селекційні ознаки.
5. Оцінка ефекту селекції
6. Правила розрахунку параметрів селекційних програм
7. Шлях від побудови робочої гіпотези селекційної програми до її підтвердження

Основна література

1. Даншин В.А. 2008. Оценка генетической ценности животных. - К.: Аграрна наука.- С.179.
2. Рубан С.Ю., Даншин В.А. Оценка эффективности межпородного скрещивания в молочном скотоводстве. //Проблеми зооінженерії та ветеринарної медицини (збірник наукових праць). Вип. 11 (35). Частина 1. Сільськогосподарські науки. 2002, Харків, С.130-136.
3. Рубан С.Ю., Даншин В.О. Сучасні методи селекції у тваринництві. Підручник. К.:ФОП Ямчинський О.В.,2019,-с.436.
4. Caballero A. Quantitative genetics. Cambridge university press, 2020, 338 p.p.
5. Daetwyler H. D., Pong-Wong, R., Villanueva, B., and Woolliams, J.
6. A. 2010. The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. //Genetics, Vol.185, p.1021-1031.
7. Ducrocq V. 1997. Survival analysis, a statistical tool for longitudinal data. 48th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 14 p.
8. Falconer D.S., Trudy F.C.Mackay. Introduction to quantitative genetics. Longman, 1996, 479 p.p.
9. Hazel L.N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes.
10. //Genetics, V.28, p.476.
11. Meuwissen T. H. E., Hayes B. J. Goddard M. E. 2001. Prediction of total genetic value in genome-wide dense marker maps. Genetics, vol. 157, p. 1819.
12. Nguyen T. N., H. Nagyne Kiszlinger. 2016. Dominance effects in domestic populations. //Acta Agraria Kaposvariensis. Vol. 20, No 1, pp.1-20. Schaeffer L.R. 2016. Random regression models. Univ. of Guelph, Canada, 171 p.p.
13. Simm G., Pollot G., Mrode R., Houston R., Marshall K. Genetic improvement of farmed animals. CABI, 2021, 880 p.p.
14. Varona L., A. Legarra, M.A. Toro and Z. G. Vitezica. 2018. Non-additive effects in genomic selection. //Frontiers in Genetics, Vol.9, Article 78.
15. Xu Sh. Quantitative genetics. Springer, 2022, 419 p.p.

Додаткова література

1. Andersson L. Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. Nature Reviews. Genetics. 2001. Vol.2. pp.130-138.
2. Clark S.A., J.M. Hickey and J.H.J. van der Werf. Different models of genetic variation and their effect on genomic evaluation. // Genetics Selection Evolution. 2011, 43:18.
3. Dekkers J.C.M. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. J. Anim. Sci., 2004, 82(E. Suppl.):E313–E328.
4. Dekkers, J., 2009. Opportunities for genomic selection with redesign of breeding programs. J Anim Sci, 87(Suppl E): p.275.
5. Di Croce F., A. McNeel, D. Weigel and B. Reiter. Genomic Information to Improve Fertility in Dairy Cattle. NovosEnfoques Symposium. 2017. 14 p.
6. Druet T., I.M. Macleod and B.J. Hayes. Toward genomic prediction from whole-genome sequence data: impact of sequencing design on genotype imputation and accuracy of predictions. //Heredity, 2014, Vol.112, p.39–47.
7. Dunisławska A., Jagoda Łachmańska, Anna Sławińska, Maria Siwek. Next generation sequencing in animal science - a review. //Animal Science Papers and Reports, 2017, Vol.35, N3, p.205-224.
8. Hayes B, M.E. Goddard. 2001. The distribution of the effects of genes affecting quantitative traits in livestock. // Genetics Selection Evolution. Vol.33, p.209 - 229.
9. Ibtisham F., Li Zhang, Mei Xiao, Lilong An, Muhammad Bilal Ramzan, Aamir Nawab, Yi Zhao, Guanghui Li, Ying Mei Xu. Genomic selection and its application in animal breeding. Thai J Vet Med. 2017. 47(3): 301-310.
10. Kizilkaya, K., Fernando, R.L. and Garrick, D.J. (2010) Genomic prediction of simulated multi-breed and purebred performance using observed 50k SNP genotypes. Journal of Animal Science 88, 544–551.